

TIAGO ANTUNES PAZ

Contribuição dos estudos proteômicos de células de *Maytenus ilicifolia* Mart. (Celastraceae)
para o entendimento da regulação do metabolismo secundário com foco nos triterpenos
quinonametídeos

Tese apresentada ao Instituto de Química,
Universidade Estadual Paulista, como parte dos
requisitos para obtenção do título de Doutor em
Química

Orientadora: Prof.^a Dr.^a Maysa Furlan
Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Ana Maria Soares
Pereira

Araraquara
2016

FICHA CATALOGRÁFICA

P348c Paz, Tiago Antunes
Contribuição dos estudos proteômicos de células de *Maytenus ilicifolia* Mart. (Celastraceae) para o entendimento da regulação do metabolismo secundário com foco nos triterpenos quinonametídeos / Tiago Antunes Paz. – Araraquara : [s.n.], 2016 295 f. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Instituto de Química
Orientador: Maysa Furlan
Coorientador: Ana Maria Soares Pereira

1. Espinheira santa. 2. Proteômica. 3. Células vegetais - Cultura e meios de cultura. 4. Bioinformática. 5. Metabólitos.
I. Título.

Elaboração: Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação
Biblioteca do Instituto de Química, Unesp, câmpus de Araraquara

TIAGO ANTUNES PAZ

Tese apresentada ao Instituto de Química,
Universidade Estadual Paulista, como parte dos
requisitos para obtenção do título de Doutor em
Química.

Araraquara, 14 de outubro de 2016.

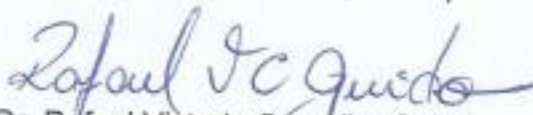
BANCA EXAMINADORA



Prof^ª. Dr^ª. Maysa Furlan (Orientador)
Instituto de Química – UNESP, Araraquara - SP



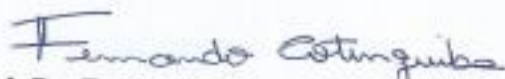
Prof^ª. Dr^ª. Angela Regina Araújo
Instituto de Química – UNESP, Araraquara - SP



Prof. Dr. Rafael Victorio Carvalho Guido
Instituto de Física – USP, São Carlos - SP



Prof. Dr. Mario Sergio Palma
Instituto de Biociências, UNESP – Rio Claro - SP



Prof. Dr. Fernando Continguiuba da Silva
Instituto de Pesquisas de Produtos Naturais Walter Mors – UFRJ, Rio de Janeiro - RJ

DADOS CURRICULARES

IDENTIFICAÇÃO

Nome: Tiago Antunes Paz

E-mail: tiagoapaz@gmail.com

Nome em citações bibliográficas: PAZ, T. A.

ENDEREÇO PROFISSIONAL

Localizado em: Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Câmpus de Araraquara

Endereço: Av. Prof. Francisco Degni, 55 - Jardim Quitandinha, Araraquara - SP, 14800-900 – Brasil

Telefone: (16) 3301-9500, ramal: 6785

Homepage: <http://www.iq.unesp.br>

FORMAÇÃO ACADÊMICA

Pós-Graduação

Doutorado em Química (em andamento) – Instituto de Química da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Araraquara, SP (2012-2016).

Título: “Contribuição dos estudos proteômicos de células de *Maytenus ilicifolia* Mart. (Celastraceae) para o entendimento da regulação do metabolismo secundário com foco nos triterpenos quinonametídeos.”

Orientadora: Dra. Maysa Furlan.

Coorientadora: Dra. Ana Maria Soares Pereira.

Bolsista: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes).

Mestrado em Química – Instituto de Química da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Araraquara, SP (2009-2011).

Título: “Aplicação da biotecnologia na obtenção de triterpenos quinonametídeos bioativos utilizando *Salacia campestris* (Celastraceae) como modelo.”

Orientadora: Dra. Maysa Furlan.

Coorientadora: Dra. Ana Maria Soares Pereira.

Bolsista: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Graduação

Licenciatura em Química – Universidade do Sul de Santa Catarina, Tubarão, SC (2003-2007).

FORMAÇÃO COMPLEMENTAR

Cursos

ESPCA SP, Advanced School on Bioorganic Chemistry. (Carga horária: 40h). Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Araraquara, SP (2013).

Quality, antioxidants and technology in plants (Carga horária: 8h). Spring School "Brasil-Itália"- Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, SP (2011).

The Importance of Microorganisms for Biotechnology (Carga horária: 8h). 7th Biota Symposium/7th Biota Program Assesment Meeting e 4th Bioprospecta Program Assesment Meeting-University of São Paulo, São Carlos, SP (2011).

RMN na metabolômica. (Carga horária: 6h). 34^a Reunião anual da Sociedade Brasileira de Química (SBQ), Florianópolis, SC (2011).

RMN na metabolômica. (Carga horária: 6h). 34^a Reunião anual da Sociedade Brasileira de Química (SBQ), Florianópolis, SC (2011).

Introdução à Genética da Conservação. (Carga horária: 8h). FMRP - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto – USP, Ribeirão Preto, SP (2010).

I Curso de Biossegurança: Condutas e Riscos. (Carga horária: 16h). Universidade de Ribeirão Preto – UNAERP, Ribeirão Preto, SP (2010).

Química de produtos naturais: quimiodiversidade (Carga horária: 6h). Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Bauru, SP (2008).

Química Atmosférica: Princípios e Fatos. (Carga horária: 6h). Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Bauru, SP (2008).

Síntese Total de Produtos Naturais. (Carga horária: 6h). Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Bauru, SP (2008).

Biocatalise em química orgânica. (Carga horária: 3h). Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Bauru, SP (2008).

Tecnologia de Tintas. (Carga horária: 4h). Universidade do Sul de Santa Catarina, Tubarão, SC (2005).

ESTÁGIOS

Estágios de docência

Universidade: Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Araraquara, SP (2014-2014); **Disciplina da graduação:** Química Orgânica Experimental (P1); **Curso:** Engenharia Química; **Semestre/Ano:** 2º/2014; **Supervisora do estágio:** Profa. Dra. Isabele Rodrigues Nascimento

Escola: Escola Técnica de Comércio de Tubarão, Tubarão, SC. (fevereiro a julho de 2007); **Disciplina:** Química

Outros estágios

Universidade: Faculdade de Ciências Agronômicas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, SP. (março a julho de 2008).

PRODUÇÃO BIBLIOGRÁFICA

Artigos completos publicados em periódicos

INÁCIO, M. C.; PAZ, T. A.; BERTONI, B. W.; PEREIRA, A. M. S.. Effect of environmental and phenological factors on the antimicrobial activity of *Cochlospermum regium* (Schrank) Pilg. roots. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, p. 467-473, 2016.

INÁCIO, M. C.; PAZ, T. A.; BERTONI, B. W.; PEREIRA, A. M. S. Germination of *Cochlospermum regium* seeds: influence of seed size, vials, vial sealing *in vitro*, and substrate *in vivo*. **European Journal of Medicinal Plants**, v. 6, p. 26-33, 2015.

COPPEDE, J. S.; PINA, E. S.; PAZ, T. A.; FACHIN, A. L.; MARINS, M. A.; BERTONI, B. W.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S. Cell cultures of *Maytenus ilicifolia* Mart. are richer sources of quinone-methide triterpenoids than plant roots in natura. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 118, n. 1, p. 33-43, Mar. 2014.

INÁCIO, M. C.; PAZ, T. A.; BERTONI, B. W.; VIEIRA, M. A. R.; MARQUES, M. O. M.; PEREIRA, A. M. S. Histochemical investigation of *Cochlospermum regium* (Schrank) Pilg. leaves and chemical composition of its essential oil. **Natural Product Research** (Print), v. 28, p. 1-5, 2014.

PAZ, T. A.; SANTOS, V. A. F. F. M. dos; INÁCIO, M. C.; PINA, E. S.; PEREIRA, A. M. S.; FURLAN, M. Production of the quinone-methide triterpene maytenin by *in vitro* adventitious roots of *Peritassa campestris* (Cambess.) A.C.Sm. (Celastraceae) and rapid detection and identification by APCI-IT-MS/MS. **BioMed Research International**, v. 2013, Jan. 2013. doi:10.1155/2013/485837.

INÁCIO, M. C.; CARMONA, F.; PAZ, T. A.; FURLAN, M.; SILVA, F. A. da; BERTONI, B. W.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S. Screening test for antibiotics in medicinal plants (STAMP): using powdered plant materials instead of extracts. **American Journal of Plant Sciences**, v. 4, p. 2340-2350, 2013.

Capítulos de livros publicados

ZINGARETTI, S. M.; PEREIRA, L. DE M.; INÁCIO, M. C., PAZ, T. A.; FRANÇA, S. C. Water stress and agriculture. In: Sener Akinci. (Ed.). **Responses of Organisms to Water Stress**. 1ed.: Intech, 2013

Trabalhos completos publicados em anais de congressos

LEAO, A. L.; DALBEN, L. C.; PAZ, T. A.; PUPO, H. F. F. Resíduos e Subprodutos da Indústria Sucroalcooleira, e sua Utilização no Processo de Compostagem em Substituição na Adubação Química. In: XV SIMPEP Simpósio de Engenharia de Produção, 2008, Bauru. Anais, 2008.

LEAO, A. L.; OLIVEIRA, A. F.; GONCALVES, J. E. ; SOUZA, S. F.; PAZ, T. A. Caracterização de Briquetes Produzidos a partir de Carvão Vegetal e Resíduos da

Agroindústria da Mandioca. In: XV SIMPEP - Simpósio de Engenharia de Produção, 2008, Bauru. Anais, 2008.

Resumos publicados em Anais de Congressos

PAZ, T. A.; INACIO, M. C.; PEREIRA, A. M. S.; FRANCA, S. C.; FURLAN, M. Produção de triterpenos quinonametídeos em raízes obtidas *in vitro* de *Salacia campestris* Walp. In: 34ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Química, 2011, Florianópolis. Anais, 2011.

INACIO, M. C.; PAZ, T. A.; VIEIRA, M. A. R.; MARQUES, M. O. M.; PEREIRA, A. M. S. Caracterização histoquímica e análise dos constituintes voláteis de folhas de *Cochlospermum regium* Mart. Ex. Scharank.. In: 34ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Química, 2011, Florianópolis. Anais, 2011.

INÁCIO, M. C.; PAZ, T. A.; ARCANJO, F.; BERTONI, B. W.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S. P. Innovative method for evaluating plant drug antimicrobial activity: ATVD – Antimicrobial Test for Vegetal Drug. In: 3rd Brazilian Conference on Natural Products (BCNP), 2011, Ouro Preto. Anais, 2011.

PINA, E. S.; PAZ, T. A.; BERTONI, B. W.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S. Qualitative analysis of quinone-methide triterpenes from root bark of *Peritassa laevigata*. In: 3rd Brazilian Conference on Natural Products (BCNP), 2011, Ouro Preto. Anais, 2011.

Participação em eventos

7th Biota Symposium/7th Biota Program Assesment Meeting e 4th Bioprospecta Program Assesment Meeting, 2011, USP-São Carlos, SP (Simpósio).

34ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Química. 2011, Florianópolis, SC. (Congresso).

Algumas relações científicas da Química Orgânica. 2011, 34ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Química, Florianópolis, SC. (workshop).

IV Workshop NuBBE. 2009, UNESP-Araraquara, SP. (workshop).

V Semana da Química da UNESP. 2008, UNESP-Bauru, SP. (Encontro).

Semana de Tecnologia da Unisul e Fórum de Ensino de Tecnologia. 2005, UNISUL-Tubarão, SC. (Encontro).

Semana Acadêmica de Ciências Exatas e Tecnológicas. 2003, UNISUL-Tubarão, SC. (Seminário).

AGRADECIMENTOS

Meu primeiro e mais especial agradecimento vai para minha orientadora, Dr.^a Maysa Furlan, por me oferecer todo o suporte científico possível, pelas discussões sempre produtivas, pela confiança e amizade que me foi concedida.

À minha coorientadora Dr.^a Ana Maria Soares Pereira pela orientação, dedicação, suporte científico, amizade, companheirismo, confiança que me foi dada e muito mais.

À minha fiel amiga e companheira de todas as horas Dr.^a Marielle Cascaes Inácio. Tu “me ajudo” demais Mari!

À todos meus familiares, minhas irmãs Flavia e Ingrid, minha tia Nete minha avó Romilda, meu avô Iardo e todos os outros. Em especial agradeço muito aos meus pais Aurelio e Terezinha por terem me criado com tanto empenho e carinho. Amo todos vocês.

À Erica por me acompanhar nos momentos mais estressantes da minha caminhada científica com tanta paciência.

À todos os professores que me ajudaram a chegar até aqui, em especial do Departamento de Química Orgânica deste Instituto e do Departamento de Biotecnologia de Plantas Medicinais da UNAERP.

À minha grande amiga Vânia, por seus ensinamentos e companheirismo.

Aos meus amigos e colegas de laboratório adquiridos durante o tempo de pós-graduação, em especial ao Amauri, ao Doni e ao Luizinho, vocês serão meus amigos para sempre!

À todos os funcionários do Instituto de Química da Unesp de Araraquara, em especial aos técnicos João Bronzel e a Dr.^a Juliana Rodrigues.

Ao Prof. Dr. Mario Sérgio Palma e a Dr.^a Nathalia Baptista Dias da Unesp de Rio Claro pelo suporte nas análises proteômicas.

Às professoras que compuseram a minha banca de qualificação Dr.^a Angela Regina Araújo e Dr.^a Isabele Rodrigues Nascimento por suas contribuições.

Ao Instituto de Química da Unesp de Araraquara.

Aos professores que compuseram essa banca de defesa.

À UNAERP pela oportunidade e todo suporte que me foi dado na realização das pesquisas.

À Capes pela bolsa concedida.

RESUMO

Plantas biossintetizam uma ampla variedade de metabólitos secundários cujas atividades farmacológicas são consolidadas. No entanto, a obtenção em escala de metabólitos secundários a partir de plantas, muitas vezes, é restringida pelo acúmulo minoritário desses compostos em seus tecidos. Como muitas dessas moléculas apresentam elevada complexidade estrutural, sua obtenção por síntese orgânica pode ser ainda mais dificultada, tanto do ponto de vista econômico quanto ecológico. Contudo, as elucidações das vias metabólicas utilizadas pelas plantas na biossíntese dessas moléculas, sobretudo do ponto de vista enzimático, podem subsidiar o desenvolvimento de ferramentas biotecnológicas, como a engenharia metabólica, para enfrentar esses desafios. Nesse contexto, surge a espécie *Maytenus ilicifolia* (Celastraceae), uma planta medicinal conhecida por produzir uma gama de metabólitos secundários bioativos, em especial, os triterpenos quinonametídeos (TQs), moléculas com pronunciada e abrangente atividade antitumoral. Desta forma, no presente trabalho foi realizado um estudo proteômico de células de *M. ilicifolia* com o objetivo principal de inventariar as enzimas de suas vias metabólicas secundárias, principalmente relacionadas a biossíntese dos TQs. Para isso, culturas de células de *M. ilicifolia* produtoras de TQs, maitenina (**1**) e 22- β -hidroximaitenina (**2**), foram elicitadas com metil jasmonato (100 μ M) por 12, 24, 48 e 96 h e monitoradas quanto a produção dos TQs por CLAE-DAD. Das células que apresentaram maior diferença de acúmulo de TQs (entre elicitadas e não - controle), foram realizadas extrações proteicas (proteínas solúveis) e análises por LCMS-IT-TOF, utilizando a estratégia *shotgun*. Por comparação com proteínas de espécies de plantas modelo, utilizando bases de dados, um total de 1319 proteínas foram detectadas em ambas as células. Dentre essas, foram identificadas, enzimas envolvidas na biossíntese de TQs, incluindo dos tipos P450 (CYP450s), que potencialmente catalisam os passos finais desta síntese. Enzimas envolvidas também na biossíntese de outros metabólitos secundários característicos da espécie, além de proteínas relacionadas ao metabolismo primário e ao estresse vegetal, também foram detectadas. Os resultados indicaram que a elicitação das células provocaram uma pronunciada variação em sua composição proteica, no entanto, preservando seu perfil funcional. As vias metabólicas secundárias intrínsecas à espécie, que levam, principalmente, a biossíntese de alcaloides (piridínicos sesquiterpênicos), polifenóis (catequinas, flavonoides e taninos) e terpenoides, permaneceram-se preservadas após a elicitação com MeJA. Em suma, os resultados obtidos neste estudo forneceram valiosas informações do proteoma de células de *M. ilicifolia* e oferecem possibilidades interessantes para futuras pesquisas, incluindo a perspectiva de

utilização do sistema *in vitro* para experimentos de engenharia metabólica, na busca de metabólitos secundários de interesse.

Palavras-chave: *Maytenus ilicifolia*. Cultura de células *in vitro*. Metil jasmonato. Proteômica. Proteoma. Metabólitos secundários. Triterpenos quinonametídeos. Maitenina. 22- β -hidroximaitenina.

ABSTRACT

Plants biosynthesize a wide variety of secondary metabolites with consolidated pharmacological activities. However, the large-scale production of secondary metabolites by plants is often restricted by minor accumulation of these compounds in their tissues. Many of these molecules shows high structural complexity so their obtainment by organic synthesis can be further complicated both economically and ecologically. However, the elucidation of metabolic pathways used by plants in the biosynthesis of these molecules, especially from the enzymatic point of view, can support the development of biotechnological tools such as metabolic engineering, to address these challenges. In this context, emphasis can be given to *Maytenus ilicifolia* species (Celastraceae), a medicinal plant that produces a range of bioactive compounds, including quinonamethide triterpenes (QMTs). Thus, in this study we performed a proteomic study of *M. ilicifolia* cells with the primary goal to provide an enzyme inventory of their secondary metabolic pathways, mainly for biosynthesis of QMTs. Based on it, *M. ilicifolia* cell cultures producing the QMTs maytenin (**1**) and 22- β -hydroxymaytenin (**2**) were elicited with methyl jasmonate (100 μ M) during 12, 24, 48 and 96 h and monitoring for QMTs production by HPLC-DAD. Cells that showed a higher QMTs accumulation (when comparing elicited and control cells.) were submitted to protein extractions and analyzed by LCMS-IT-TOF, using shotgun strategy. We have found 1319 proteins in both cells by comparison with proteins of the model plants from databases. Among them, enzymes involved in the biosynthesis of QMTs, including the cytochrome P450 (CYP450s) that potentially catalyze the final steps of this synthesis. We also have found enzymes involved in the biosynthesis of others secondary metabolites characteristic of the species, and proteins related to primary metabolism and the plant stress. The results indicated that the elicitation of cells caused pronounced change in their protein composition, however, maintaining its functional profile. The secondary pathways of species, leading mainly to alkaloid (sesquiterpene pyridine) biosynthesis, polyphenols (catechins, flavonoids and tannins) and terpenoids remained be preserved after elicitation with MeJA. In short, the results of this study provided valuable information *M. ilicifolia* cell proteome and offer interesting possibilities for future research, including *in vitro* system using perspective for metabolic engineering experiments in the search for secondary metabolites of interest.

Keywords: *Maytenus ilicifolia*. *In vitro* cell culture. Methyl jasmonate. Proteomics. Proteome. Secondary metabolites. Quinonamethide triterpenes. Maitenin. 22- β -hidroximaitenina.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Planta da espécie <i>Maytenus ilicifolia</i> .	28
Figura 2 - Congorinas isoladas de cascas de raízes de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	29
Figura 3 - Alcaloides piridínicos sesquiterpênicos isolados de cascas de raízes de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	30
Figura 4 - Maitansinoides (ansamicinas) isolados de <i>Maytenus ilicifolia</i> e trastuzumabe entansina (Kadcyla®), fármaco derivado de maitansina utilizado no tratamento de câncer de mama.	31
Figura 5 - Triterpenos lupanos (1-3), oleananos (5-7), ursano (8) e damarano isolados de folhas de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	33
Figura 6 - Núcleo base (D: A-friedo-oleanano) dos triterpenos friedelanos.	34
Figura 7 - Triterpenos friedelanos isolados de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	34
Figura 8 - Núcleo base (24- <i>nor</i> -D: A-friedo-oleonano) dos triterpenos quinonametídeos.	35
Figura 9 - Principais classes (tipos) de triterpenos quinonametídeos.	36
Figura 10 - Triterpenos quinonametídeos quinonametídeos e 14(15)-eno quinonametídeo isolados de cascas de raízes de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	37
Figura 11 - Triterpenos quinonametídeos fenólicos e 6-oxofenólicos isolados de cascas de raízes de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	39
Figura 12 - Triterpenos quinonametídeos diméricos isolados de cascas de raízes de <i>Maytenus ilicifolia</i> .	40
Figura 13 - Rota biossintética dos jasmonatos a partir do ácido linolênico.	44
Figura 14 - Reação da formação do bioativo (+)-7-isojasmônico-L-isoleucina	45
Figura 15 - Módulos de percepção e sinalização de jasmonato (JAs) na regulação do metabolismo secundário em plantas.	46
Figura 16 - Estrutura química de um peptídeo com as principais fragmentações.	54
Figura 17 - Calos e células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> cultivados <i>in vitro</i> .	72
Figura 18 - Cromatograma de um extrato diclorometânico de células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> obtido por CLAE.	72
Figura 19 - Proposta biossintética das etapas finais da biossíntese de maitenina (1) e 22 β -hidroximaitenina (2) a partir de celastrol e pristimerina.	73

Figura 20 - Curva analítica com padronização externa na faixa de 2,00 a 115 µg/mL para a maitenina (1).	75
Figura 21 - Curva analítica com padronização externa na faixa de 2,00 a 115 µg/mL para o 22β-hidroxi-maitenina (2).	75
Figura 22 - Gráfico do teor dos triterpenos quinonametódeos maitenina (1) e 22β-hidroxi-maitenina (2) nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> , elicitadas e não elicitadas com 100 µM de MeJa, incubadas por 0, 6, 12, 48 e 96 h.	76
Figura 23 - Curva analítica construída com valores de concentração de albumina bovina versus absorvância.	78
Figura 24 - Perfil eletroforético dos extratos proteicos de <i>M. Ilícifolia</i> .	79
Figura 25 - Origem taxonômica das proteínas identificadas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> elicitadas e não elicitadas (células controle) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, nas espécies vegetais modelo. Gráfico construído a partir dos dados gerados do pelo Blast2GO.	81
Figura 26 - Classificação funcional das proteínas das células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas e elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As proteínas foram categorizadas de acordo com seus termos GO (<i>Gene Ontology</i>) utilizando o Blast2GO.	84
Figura 27 - Classificação geral das enzimas das células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas e elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	85
Figura 28 - Resumo das vias metabólicas preditas a partir das enzimas encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h.	106

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Método de eluição para as análises por CLAE.	62
Tabela 2 - Padrões proteicos utilizados no experimento de eletroforese e suas respectivas massas moleculares.	66
Tabela 3 - Teor dos triterpenos quinonametídeos maitenina (1) e 22 β -hidroximaitenina (2) nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> , elicitadas e não elicitadas com 100 μ M de MeJa, incubadas por 0, 6, 12, 48 e 96 h.	76
Tabela 4 - Anotações funcionais realizadas a partir do UniProt referentes à função molecular (FM, <i>molecular function</i>), processo biológico (PB, <i>biological processes</i>) e atividade catalítica (AC) das proteínas encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> elicitadas (CEs) e não elicitadas (células controle, CCs) por 48 h.	80
Tabela 5 - Subclasses das enzimas oxidorredutases encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	86
Tabela 6 - Subclasses das enzimas transferases encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	87
Tabela 7 - Subclasses das enzimas hidrolases encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	88
Tabela 8 - Subclasses das enzimas liases encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	88
Tabela 9 - Subclasses das enzimas isomerases encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de	

dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	89
Tabela 10 - Subclasses das enzimas ligases encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>) a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	90
Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.	91
Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (<i>Enzyme Commission</i>), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do <i>International Union of Biochemistry and Molecular Biology</i> (IUBMB, http://www.iubmb.org/).	98
Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>), a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	132
Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (<i>Enzyme Commission</i>), a partir da base de dados <i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database</i> (KEGG), utilizando o Blast2GO.	220

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

(+)-7-iso-JA	(+)-7-isojasmônico
1D	unidimensional
2,4-D	ácido diclorofenoxiacético
2D	bidimensional
2-OG	2-oxoglutarato
ACN	acetonitrila
ADC	<i>arginine decarboxylase</i>
AJ	ácido jasmônico
AOC	<i>allene oxide cyclase</i>
AOS	<i>allene oxide synthase</i>
AS	ácido salicílico
ATP	trifosfato de adenosina
B2G	Blast2GO
CAD	dissociação induzida por colisão (<i>collisionally activated dissociation</i>)
CAD1	<i>cinnamyl-alcohol dehydrogenase cad 1</i>
CB	calos brancos
CBS	calos brancos secos
CCs	células controle
CEs	células elicitadas
CES	calos escuros secos
CID	dissociação induzida por colisão (<i>collision-induced dissociation</i>)
CL	cromatografia líquida
CLAE	cromatografia líquida de alta eficiência
CoA	coenzima A
COI1	<i>coronatine-insensitive 1</i>

C-terminal	carbono terminal
CYP450s	monooxigenases dependentes do citocromo P450
DAD	detector de arranjo de diodos
DCM	diclorometano
DMAPP	difosfato de dimetilalilo
DNA	ácido desoxirribonucleico
DTT	ditiotreitól
EC	Enzyme Commission
EDTA	ácido etilenodiamino tetracético (dissódico)
EFS	extração em fase sólida
EM	espectrometria de massas
EM ⁿ	espectrometria de massas sequencial
ESI	ionização por <i>electrospray</i>
EtOH	etanol
FPP	difosfato de farnesila
FR	fase reversa
FS	friedelina sintase
FT-ICR	ressonância ciclotrônica de íons com transformada de Fourier
GO	Gene Ontology
GPP	difosfato de geranila
HIV	vírus da imunodeficiência humana (<i>Human Immunodeficiency Virus</i>)
IAA	iodoacetamida
IC ₅₀	50% da concentração inibitória máxima (<i>half maximal inhibitory concentration</i>)
IPP	difosfato de isopentenilo
IT	armadilha de íons (<i>ion-trap</i>)
IUBMB	International Union of Biochemistry and Molecular Biology

JA-Ile	(+)-7-isojasmônico-L-isoleucina
JAR1	ácido jasmônico-amino sintetase
JAs	jasmonatos
JAZ	<i>jazmonate zim domain</i>
JMT	<i>jasmonic acid carboxyl methyltransferase</i>
KEGG	Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
LCMS-IT-TOF	cromatografia líquida/espectrometria de massas/armadilha de íons/tempo de voo (<i>liquid chromatograph/mass spectrometry/ion trap/time-of-flight</i>)
L-Glu	L-glutamato
LOX2S	lipoxigenase
<i>m/z</i>	relação massa-carga
MALDI	dessorção/ionização a laser auxiliada por matriz (<i>matrixassisted laser desorption/ionization</i>)
MeJA	metil jasmonato
MeOH	metanol
MEP	fosfato de metileritritol
min	minutos
mL	mililitros
MM	massa molecular
MudPIT	tecnologia multidimensional para identificação de proteínas (<i>multidimensional protein identifcation technology</i>)
MVA	mevalonato
NADH	nicotinamida adenina dinucleotídeo
NADPH	nicotinamida adenina dinucleotídeo fosfato
NCBInr	National Center for Biotechnology Information non-redundant protein database
N-terminal	nitrogênio terminal
<i>on/off switch</i>	ativação/desativação de gene interruptor

OPC-8:0	8-[(1R,2R)-3-oxo-2-{(Z)-pent-2-enil}ciclopentil]octanoato
OPR3	12-oxo-fitodienoico redutase
Orbitrap	espectrômetro de massas de alta resolução com analisador do tipo armadilha de íons de Kingdon
OSB	o-succinilbenzoato
OSC	<i>oxidosqualene cyclase</i>
PAGE	eletroforese em gel de poliacrilamida (<i>polyacrylamide gel electrophoresis</i>)
PAL	<i>phenylalanine ammonia-lyase (PAL)</i>
PEP	fosfoenolperuvato
Pi	fosfato inorgânico
PMF	impressão digital de massas peptídicas (<i>peptide mass fingerprint</i>)
PMSF	fluoreto de fenilmetilsulfonila
POD	<i>peroxidase</i>
OPR3	<i>acid 12-oxophytodienoate reductase</i>
PPi	difosfato inorgânico
ppm	partes por milhão
PVP	polivinilpirrolidona
PVPP	polivinilpolipirrolidona
RENISUS	relação nacional de plantas medicinais de interesse ao SUS
RMN ¹³ C	ressonância magnética nuclear de carbono treze
RMN ¹ H	ressonância magnética nuclear de hidrogênio
RNA	ácido ribonucleico
ROS	espécies reativas de oxigênio
rpm	rotações por minuto
SCX	cromatografia de troca catiônica forte (<i>strong cation exchange</i>)
SDS	dodecil sulfato de sódio (<i>sodium dodecyl sulfate</i>)
SQS	<i>squalene synthase</i>

TCA	ácido tricarboxílico
TCA ciclo	ciclo do citrato
TEMED	<i>N,N,N',N'</i> -tetrametiletilenodiamina
TFA	ácido trifluoroacético
TFs	fatores transcrpcionais
Tify <i>motif</i>	motivo proteico Tify
TOF	tempo de voo (<i>time-of-flight</i>)
TPL	TOPLESS
TQs	triterpenos quinonametídeos
TRIS	triidroxiaminometano
UFLC	cromatografia líquida ultrarrápida (<i>Ultra Fast Liquid Chromatography</i>)
UniProt	Universal Protein Resource
UV	ultravioleta

LISTA DE SÍMBOLOS

μ	micro
$<$	menor que
$\leq$	menor ou igual a
$=$	sinal de igual
$>$	maior que
$\geq$	maior ou igual
$\approx$	aproximadamente
a	coeficiente angular
Ar	argônio
atm	atmosfera
b	coeficiente linear
Da	daltons
E	glutamato
g	gramas
h	horas
Hz	hertz
K	lisina
k	quilo
L	litros
M	metionina
m ²	metro quadrado
mg	miligramas
mseg	milissegundos
N	asparagina
°C	grau Celsius

P	prolina
P	probabilidade absoluta
Pa	pascal
Q	glutamina
Q	glutamina
R	arginina
R	resíduos de aminoácidos
r	coeficiente de correlação
s	segundos
S	serina
T	treonina
V	volts
λ	comprimento de onda
μm	micrometros
π	pi

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	26
1.1	A família Celastraceae e o gênero <i>Maytenus</i>	26
1.3	Triterpenos de <i>Maytenus ilicifolia</i>	32
1.3.1	Triterpenos quinonametídeos	34
1.4	Cultura de tecidos vegetais como fonte metabólitos secundários	40
1.5	Elicitação em culturas <i>in vitro</i> de células vegetais	41
1.6	Jasmonatos: biossíntese, percepção, sinalização e resposta do metabolismo secundário vegetal	42
1.6.1	Biossíntese	43
1.6.2	Percepção e sinalização	44
1.7	Proteoma	47
1.8	Proteômica	48
1.8.1	Digestão proteolítica para análises de <i>shotgun</i>	49
1.8.2	Métodos de separação e fracionamento em proteômica	50
1.8.3	Espectrometria de massas aplicada em proteômica <i>shotgun/bottom-up</i>	51
1.8.4	Identificação de proteínas em bancos de dados	52
1.8.5	Processos de fragmentação de peptídeos	53
1.8.6	Anotação funcional de proteínas	56
2	OBJETIVOS	58
2.1	Geral	58
2.2	Específicos	58
3	MATERIAL E MÉTODOS	59
3.1	Condições gerais dos experimentos	59
3.2	Multiplicação do material vegetal <i>in vitro</i>	59
3.2.1	Calos de <i>Maytenus ilicifolia</i>	59
3.2.2	Células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i>	59
3.3	Controle da oxidação fenólica das células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i>	59
3.4	Elicitação das células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i> com metil jasmonato (MeJA)	60
3.5	Análises fitoquímicas	60
3.5.1	Preparo dos extratos	60
3.5.2	<i>Clean-up</i> das amostras para análise por CLAE-DAD	61
3.5.3	Quantificação dos TQs por CLAE-DAD	61
3.5.4	Curva analítica	62

3.6	Análises proteômicas	62
3.6.1	Preparo dos extratos proteicos (proteínas solúveis) dos calos de <i>Maytenus ilicifolia</i>	63
3.6.2	Preparo dos extratos proteicos (proteínas solúveis) das células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i>	63
3.6.3	Dosagem proteica dos extratos	63
3.6.3.1	Preparo do reagente de Bradford	64
3.6.3.2	Construção da curva analítica utilizando albumina bovina	64
3.6.3.3	Análise dos extratos	64
3.6.4	Eletroforese em gel de poliacrilamida SDS-PAGE (monodimensional)	64
3.6.5	Preparo das amostras e dos padrões para a análise de eletroforese	66
3.6.6	Preparo, desenvolvimento e revelação do gel	66
3.6.7	Revelação do gel	67
3.6.8	Experimentos para as análises em <i>shotgun</i>	68
3.6.8.1	Digestão “em-solução” das proteínas para análise em <i>shotgun</i>	68
3.6.8.2	Espectrometria de massas – LCMS-IT-TOF	68
3.6.8.3	Deteção das proteínas	69
3.6.8.4	Análise dos dados, bioinformática e anotação funcional das proteínas	70
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	71
4.1	Multiplicação de células em suspensão e calos <i>Maytenus ilicifolia</i> e controle da oxidação fenólica	71
4.2	Análises por CLAE-DAD dos TQs biossintetizados pelas células de <i>Maytenus ilicifolia</i>	72
4.2.1	Análises quantitativas dos TQs das células de <i>Maytenus ilicifolia</i> eliciadas e não eliciadas com MeJA realizadas por CLAE-DAD	74
4.3	Análises proteicas	77
4.3.1	Dosagem proteica dos extratos	77
4.3.2	Análise do perfil proteico em gel de poliacrilamida SDS-PAGE (monodimensional)	78
4.4	Identificação das proteínas por espectrometria de massas	79
4.4.1	Anotação funcional das proteínas realizadas manualmente	80
4.4.2	Identificação e anotação funcional das proteínas realizadas com o Blast2GO (B2G)	80
4.4.3	Classificação das enzimas realizadas com o Blast2GO (B2G)	85
4.4.3.1	Oxidoredutases (EC 1.x.x)	86
4.4.3.2	Transferases (EC 2.x.x)	87
4.4.3.3	Hidrolases (EC 3.x.x)	87
4.4.3.4	Liases (EC 4.x.x)	88
4.4.3.5	Isomerases (EC 5.x.x)	88

4.4.3.6 <i>Ligases (EC 6.x.x)</i>	89
4.4.4 Vias metabólicas das enzimas	90
4.4.4.1 <i>Enzimas envolvidas na biossíntese dos triterpenos quinonametídeos (TQs)</i>	104
4.4.4.2 <i>Outras enzimas envolvidas no metabolismo secundário</i>	107
4.4.4.3 <i>Enzimas envolvidas no metabolismo primário</i>	108
4.4.4.4 <i>Proteínas relacionadas ao estresse</i>	110
5 CONCLUSÃO	111
REFERÊNCIAS	112
APÊNDICE A - Proteínas detectadas nas células em suspensão de <i>Maytenus ilicifolia</i>.	132

1 INTRODUÇÃO

1.1 A família Celastraceae e o gênero *Maytenus*

A família Celastraceae é composta, em sua maioria, por espécies vegetais distribuídas nas regiões tropicais de todo o planeta e, em sua minoria, nas regiões subtropicais e temperadas¹. Essa família consiste de árvores, arbustos, lianas lenhosas e, menos comumente, ervas perenes e anuais. Suas flores são normalmente pequenas, actinomorfas, bi ou unissexuais, tetrâmeras ou pentâmeras e apresentam uma ampla variedade de tipos de frutos e carúnculas.²

No táxon Celastraceae estão incluídos cerca de 100 gêneros e 1200 espécies, agrupadas e quatro subfamílias: Celastroideae, Hippocrateoideae, Salacioideae e Stackhousioideae³. Entretanto, principalmente em razão do número limitado de trabalhos taxonômicos realizados na família e da delimitação controversa de alguns gêneros, esses números podem variar de 55 a 94 gêneros e de 850 a 1300 espécies.⁴

A família foi descrita em 1814 pelo naturalista Robert Brown e, desde então, diversas variações em sua delimitação ocorreram, de acordo com os sistemas de classificação adotados⁵. Uma das mais importantes divergências foi o caso da Hippocrateaceae, ora reconhecida como uma família independente^{6,7}, ora considerada membro de Celastraceae⁸. No entanto, baseado nas últimas pesquisas em filogenia molecular, Celastraceae só pode ser considerada monofilética se Hippocrateaceae estiver incluída.^{1,4,5}

Dentre os numerosos gêneros de Celastraceae encontrados no continente americano, o maior deles é o *Maytenus*. Este agrupa cerca de 120-140 espécies, as quais são amplamente distribuídas e ocorrem desde as regiões subantárticas da Terra do Fogo, no extremo sul do continente, até o sul dos Estados Unidos (estados da Flórida e Texas), numa amplitude que vai desde o nível do mar até 3900 m de altitude em regiões andinas.⁹

Exemplares de *Maytenus* podem ser encontrados em praticamente todos os tipos de vegetação. Além de diversificadas áreas florestais e savânicas (Cerrado), há espécies presentes em chacos úmidos e secos, salinas, campos rupestres, mangues e afloramentos rochosos⁵. Seu centro de diversidade é a América do Sul¹⁰, sendo o Brasil o país que possui o maior número de espécies deste gênero: 49 táxons, dos quais 36 são endêmicos, distribuídos em todos os domínios fitogeográficos e ao longo de todos os estados brasileiros.¹¹

Do ponto de vista etnofarmacológico, as plantas do gênero *Maytenus* desempenham um papel de grande destaque, principalmente no cenário Sul Americano. Um grande número espécies de *Maytenus* têm sido relatadas por sua utilização na medicina popular, para os mais

variados fins terapêuticos, em especial para o tratamento de gastrites. Dentre as várias espécies relatadas para esses propósitos, a mais comumente utilizada é a *Maytenus ilicifolia*.¹²

Em relação a estudos químicos das espécies de Celastraceae, uma grande variedade de metabólitos secundários bioativos têm sido isolados, com destaque para terpenos, incluindo sesquiterpenos de esqueleto agarofurano^{13,14}, diterpenos dos tipos ent-rosano¹⁵, abietano^{16,17}, ent-labdano¹⁸, kaurano¹⁹, norisopimaradieno²⁰, totarano¹⁷ e podocarpano²¹ e triterpenos dos tipos friedelano^{14,22}, lupano²³, oleanano, ursano²⁴, glutinano²⁵, fenólico²⁶, dimérico²⁷, trimérico²⁸ e quinonametídeo.^{29–32}

1.2 A Espécie *Maytenus ilicifolia* Mart. ex Reissek

A espécie *Maytenus ilicifolia* (Figura 1) ocorre no Brasil, nos Estados de Mato Grosso do Sul, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no Paraguai, na Bolívia e no leste da Argentina^{33,34}. Pesquisas etnobotânicas em conjunto com levantamentos bibliográficos realizados por Mariot e Barbieri³⁵ em 2007, revelaram que *Maytenus ilicifolia* é conhecida popularmente no Brasil, dependendo da região, como: “cancerosa”, “cancorosa”, “cancorosa-de-sete-espinhos”, “congorça”, “erva-cancerosa”, “erva-santa-maria”, “espinheira-santa”, “espinho-de-deus” e “salva-vidas”. Na Argentina e Uruguai pode ser conhecida como “quebrachillo”, “sombra-de-toro”, “maiteno”, “cancerosa”, “cancrosa” e “coromilho-do-campo”.

Há relatos etnofarmacológicos de que *M. ilicifolia* é utilizada na medicina tradicional para o tratamento de problemas renais, intestinais, de bexiga, como depurativa do sangue, como analgésica, contraceptiva, afrodisíaca, cicatrizante, antitumoral e, em especial, para tratamento de distúrbios estomacais como gastrites crônicas e úlceras.^{35–37}

Atualmente, a espinheira-santa é explorada comercialmente pela indústria de fitoterápicos e não é difícil encontrá-la no comércio informal na forma de extrato seco liofilizado (para preparação de chás), na forma de tintura, em cápsulas e como droga vegetal (planta *in natura* seca e moída)³⁸. Atualmente, a indústria farmacêutica tem produzido e comercializado fitomedicamentos contendo *M. ilicifolia* (Gastrosil®, Gastriless®, Epaliv® e outros)³⁹. A ação farmacológica antiulcerogênica *M. ilicifolia* é reconhecida pelo Ministério da Saúde do Brasil e atualmente está presente na Relação Nacional de Plantas Medicinais de Interesse ao SUS (RENISUS).⁴⁰

Os inúmeros estudos químicos pioneiros e contemporâneos realizados com a espécie em questão, possibilitaram a aquisição de um pequeno inventário das estruturas químicas

intrínsecas ao metabolismo secundário de *M. ilicifolia*. Entre as classes de metabólitos secundários isolados na espécie, destacam-se: flavonoides⁴¹, taninos⁴², alcaloides⁴³ e triterpenoides quinonametídeos.^{22,44-46}

Figura 1 - Planta da espécie *Maytenus ilicifolia*.



Fonte: Lorenzi³³(1998, p. 70).

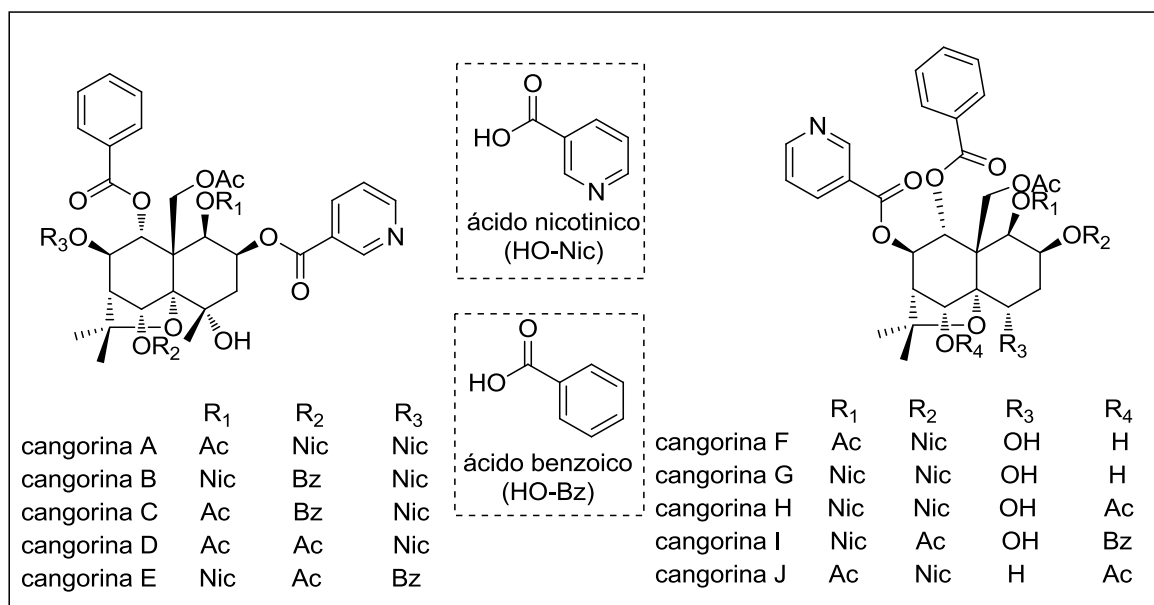
Análises por espectrometria de massas com ionização por *electrospray* (IES-EM) realizadas (*off-line*) com extratos de folhas de *M. ilicifolia*, previamente fracionados por cromatografia, culminaram na identificação mono-, di-, tri- e tetra-glicosídeos de flavonol contendo kaempferol, quercetina ou miricetina⁴¹. Outras investigações químicas de folhas

levaram à identificação dos fenólicos catequina, epicatequina, quercetina, kaempferol, epigallocatequina, procianidina B1 e B2, 29 flavonóis glicosilados e oito taninos.^{39,47}

Leite et al.³⁸ identificaram em extratos etanólicos de folhas os flavonoides glicosilados mauritianina, trifolina, hiperina, epicatequina, um derivado de kaempferol tetra-glicosilado e galactitol. Outros pesquisadores encontraram em folhas de *M. ilicifolia* os glicosídeos ilicifolinosidos A, B e C⁴⁸. Muitos outros cientistas têm verificado o acúmulo de variados compostos fenólicos nas folhas da espécie, tais como taninos condensados (mono-, di-, tri- e tetrâmeros)^{42,49} e muitos outros.^{38,39,41,47,50-52}

Em se tratando de metabólitos secundários nitrogenados, em *M. ilicifolia* têm sido isolados uma série de compostos diidro- β -agarofuranos, um grupo de sesquiterpenoides poliésteres caracterizados por um esqueleto base 5,11-epoxi-5 β ,10 α -eudesmano-4-(14)-eno altamente oxidado. Os diidro- β -agarofuranos são conhecidos por sua enorme diversidade química, concomitante à sua altíssima complexidade estrutural (presença de múltiplos centros estereogênicos) e pelo amplo espectro de atividades biológicas⁵³, incluindo: inseticida^{54,55}, imunossupressora⁵⁶, anti-HIV⁵⁷, citotóxica⁵⁸, antitumoral⁵⁹, entre outras.

Figura 2 - Congorinas isoladas de cascas de raízes de *Maytenus ilicifolia*.

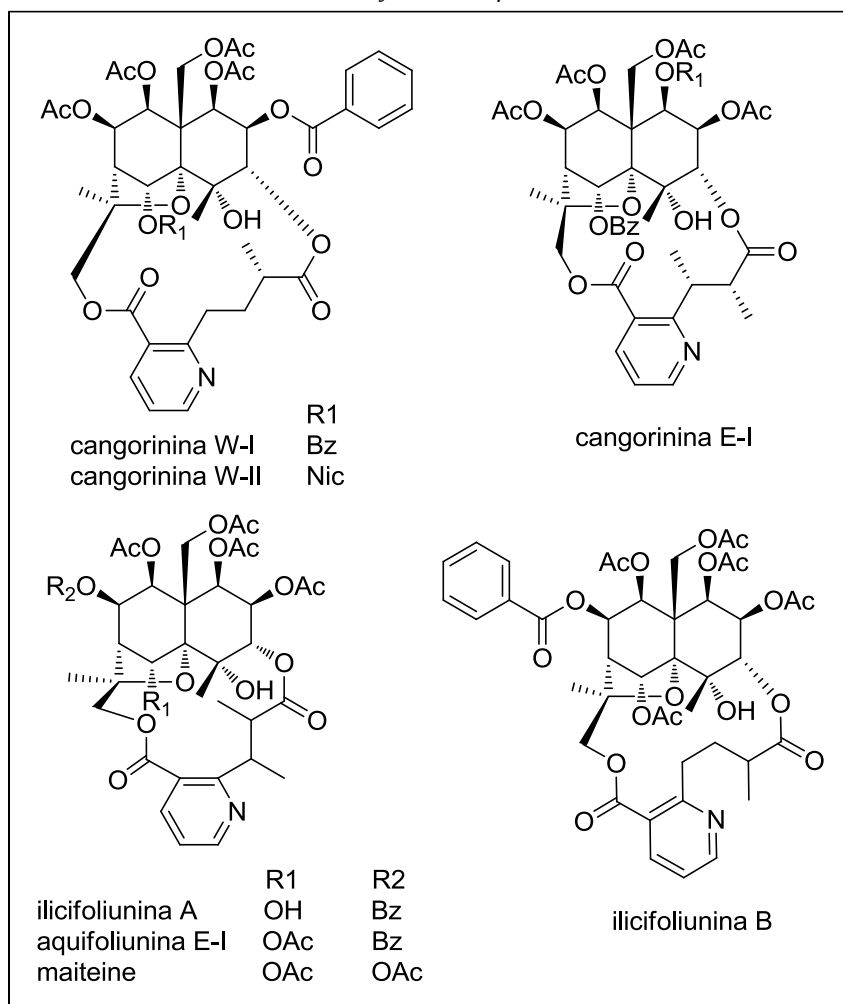


Fonte: Elaborada pelo autor.

Na década de 1990 foram identificados nas cascas de raízes *M. ilicifolia* uma série de 10 sesquiterpenoides diidro- β -agarofuranos, a congorinas A, B, C D, E, F G, H e I, do tipo 4 α -hidroxi-9-*epi*-alatol, e a congorina J, do tipo zinowol^{60,61} (Figura 2). Foram identificados também as cangorininas W-I e W-II, do tipo wilfordato de base euniminol e a cangorinina E-

I, do tipo evoninato de base euoniminol⁶² (Figura 3). As cangorininas citadas também se incluem na categoria de alcaloides piridínicos sesquiterpênicos.^{53,62,63}

Figura 3 - Alcaloides piridínicos sesquiterpênicos isolados de cascas de raízes de *Maytenus ilicifolia*.

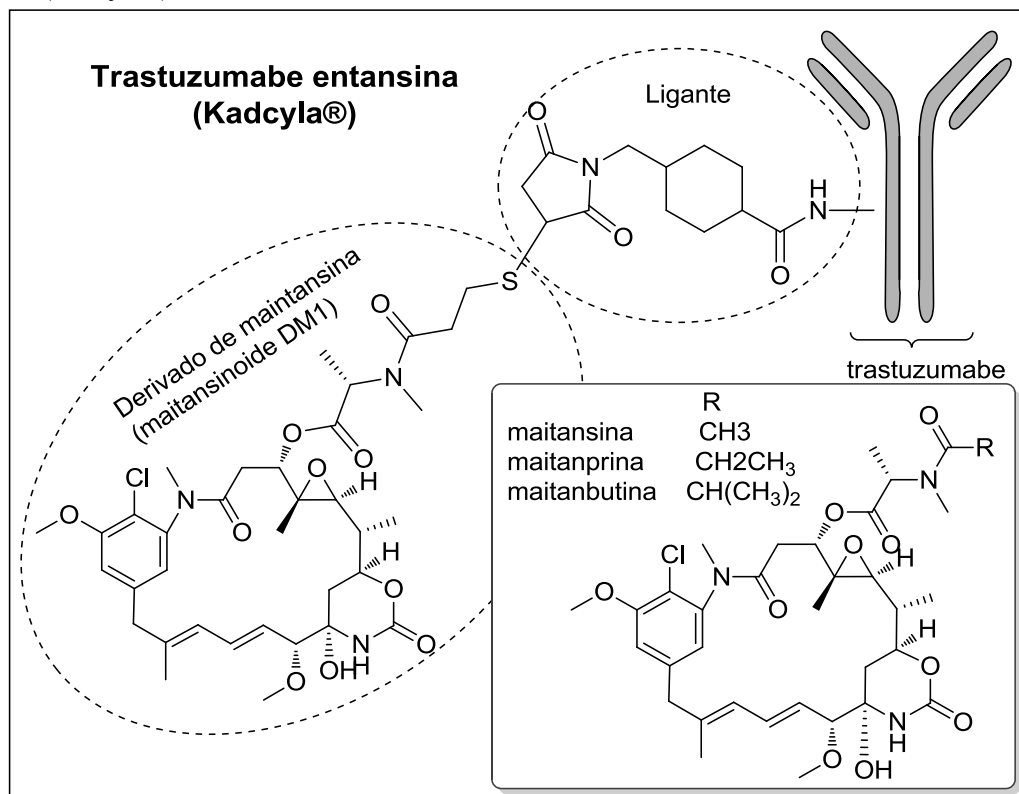


Fonte: Elaborada pelo autor.

Mais recentemente (2012), também a partir das cascas de raízes da espécie, foram isolados quatro alcaloides piridínicos cujas estruturas químicas foram estabelecidas por análises espectrométricas como: ilicifoliuninas A e B, maiteina e aquifoliunina E-I (Figura 3). Avaliações das atividades biológicas desses alcaloides revelaram que a aquifoliunina E-I é um potente antiprotozoário. Seus valores de IC₅₀ frente à *Leishmania chagasi* e *Trypanosoma cruzi*, respectivamente, foram de 1,4 e 41,9 µM, números similares aos apresentados pelos controles positivos (pentamidina, IC₅₀ = 5,1 µM e benzonidazol, IC₅₀ = 42,7 µM), os quais são fármacos atualmente utilizados nos tratamentos de leishmaniose e tripanossomíase. Os autores do mesmo trabalho sugerem que a ação antiprotozoária dessas substâncias nitrogenadas está relacionada

aos diferenciados substituintes ésteres do diidro- β -agarofurano (porção sesquiterpênica) desses alcaloides.⁴³

Figura 4 - Maitansinoides (ansamicinas) isolados de *Maytenus ilicifolia* e trastuzumabe entansina (Kadcyla®), fármaco derivado de maitansina utilizado no tratamento de câncer de mama.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Além dos alcaloides piridínicos sesquiterpênicos, em *Maytenus ilicifolia* foram isolados três maitansinoides: maitansina, maitanprina e maitanbutina⁶⁴ (Figura 4). Os maitansinoides são alcaloides macrolídeos pertencentes à classe das ansamicinas, moléculas conhecidas por sua potente ação antibiótica, bem como citotóxica^{65–68}. Entre eles, maitansina é uma potente droga que atua nos microtúbulos de células tumorais⁶⁹. Este agente citotóxico liga-se à proteína tubulina, localizada nas extremidades dos microtúbulos, provocando sua supressão dinâmica (despolimerização) e, conseqüentemente, interrompendo o ciclo celular⁷⁰. Com o propósito de atenuar sua extrema citotoxicidade, bem como direcionar sua ação especificamente para células carcinogênicas, extensivos estudos utilizando maitansina conjugada à anticorpos foram realizados⁷¹. Conseqüentemente, em 2013, o complexo formado pela conjugação de maitansina e o anticorpo monoclonal trastuzumabe, através de uma molécula adaptadora (ligante) (Figura 4), foi aprovado como medicamento antineoplásico para utilização no tratamento de câncer de mama⁷². Atualmente, esse medicamento, trastuzumabe entansina, é comercializado pela companhia farmacêutica Roche (F. Hoffmann–La Roche AG) com o nome de Kadcyla®.

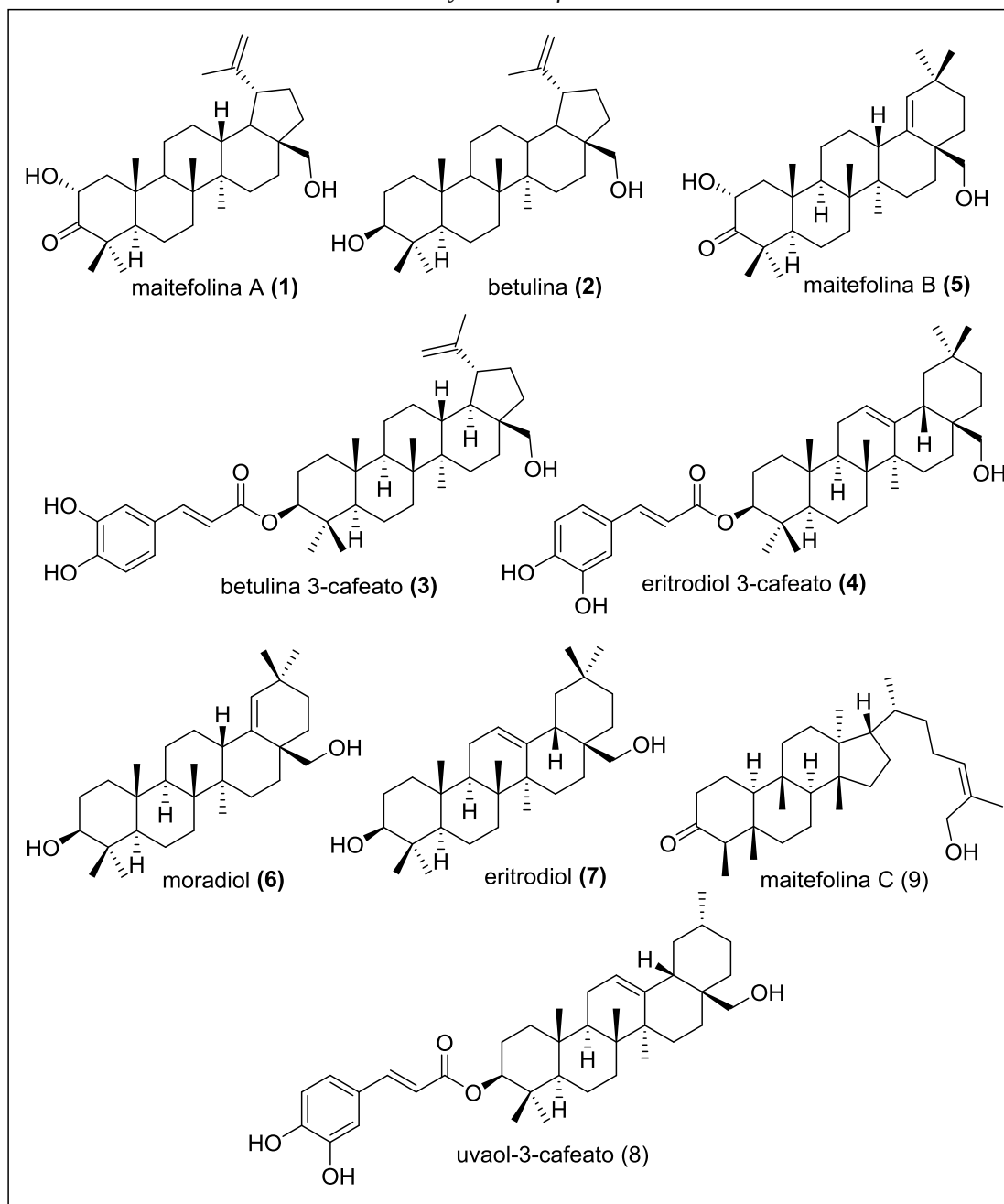
Embora a diversidade química de *Maytenus ilicifolia* já se afigure rica pelo exposto, a maior pluralidade, dentre os metabólitos secundários relatados na espécie, é atribuída aos triterpenos, em especial aos triterpenos quinonametídeos, biossintetizados a partir do triterpeno friedelano friedelina.²²

1.3 Triterpenos de *Maytenus ilicifolia*

Variadas classes de triterpenoides têm sido reportadas na espécie *Maytenus ilicifolia*, tanto nas folhas quanto nas raízes. Nas folhas, Ohsaki et al.⁷³ isolaram e caracterizaram as estruturas dos triterpenos lupanos maitefolina A, betulina, e betulina-3-cafeato, dos triterpenos oleananos maitefolina B, moradiol, eritrodiol e eritrodiol-3-cafeato, do ursano uvaol-3-cafeato e do triterpeno damarano, derivado do esqueleto D:A-friedoeufano, maitefolina C (Figura 5). No mesmo trabalho, os pesquisadores verificaram ação citotóxica de todos os compostos e encontraram significativa ação citotóxica para eritrodiol frente à três linhagens de células tumorais.

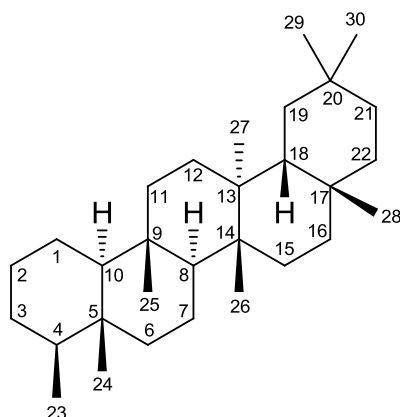
Outra importante classe de metabólitos secundários biossintetizados pela espécie é a dos friedelanos, um grupo de triterpenoides pentacíclicos baseados no esqueleto D: A-friedo-oleanano^{74,75} (Figura 6). Na natureza, os friedelanos são os triterpenos mais frequentemente encontrados na família Celastraceae⁷⁶.

Figura 5 - Triterpenos lupanos (1-3), oleananos (5-7), ursano (8) e damarano isolados de folhas de *Maytenus ilicifolia*.



Fonte: Elaborada pelo autor.

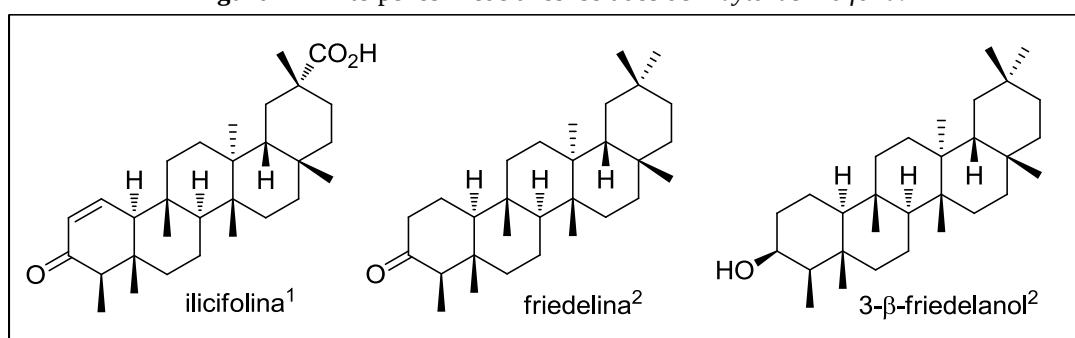
Figura 6 - Núcleo base (D: A-friedo-oleanano) dos triterpenos friedelanos.



Fonte: Adaptado de Shirley; Hooper⁷⁴ (1979, p. 711).

A partir de folhas de *M. ilicifolia*, foram caracterizados os triterpenos friedelanos 3 β -friedelanol e friedelina⁷⁷, enquanto nas cascas de raízes foi detectado a ilicifolina⁷⁸ (Figura 7). Experimentos de biossíntese realizados por incorporação *in vitro* de mevalonolactona-5-³H em folhas de *M. aquifolia* e *Peritassa campestris* (Celastraceae) e determinação de atividades das enzimas ciclases presentes no mesmo órgão, demonstraram que os últimos triterpenos friedelanos 3 β -friedelanol e friedelina citados são biossintetizados nas folhas e posteriormente translocados para as raízes, onde são biotransformados nessas espécies (por oxidações enzimáticas) nos triterpenos quinonametídeos.²²

Figura 7 - Triterpenos friedelanos isolados de *Maytenus ilicifolia*.



Fonte: Elaborada pelo autor.

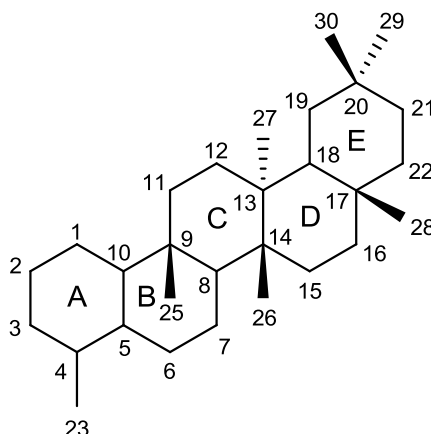
¹Isolado de cascas de raízes; ²isolados de folhas.

1.3.1 Triterpenos quinonametídeos

Os triterpenos quinonametídeos (TQs) constituem um grupo relativamente pequeno de metabólitos que ocorrem exclusivamente em plantas da família Celastraceae. Sendo assim, são

considerados marcadores quimiotaxônicos da família e também conhecidos como “celastroides”^{79,80}. Do ponto de vista estrutural, são moléculas derivadas do núcleo 24-*nor*-D: A-friedo-oleonano (figura 8) que apresentam um conjunto de insaturações variáveis e funcionalidades oxigenadas nos carbonos 2 e 3, invariavelmente.^{79,80}

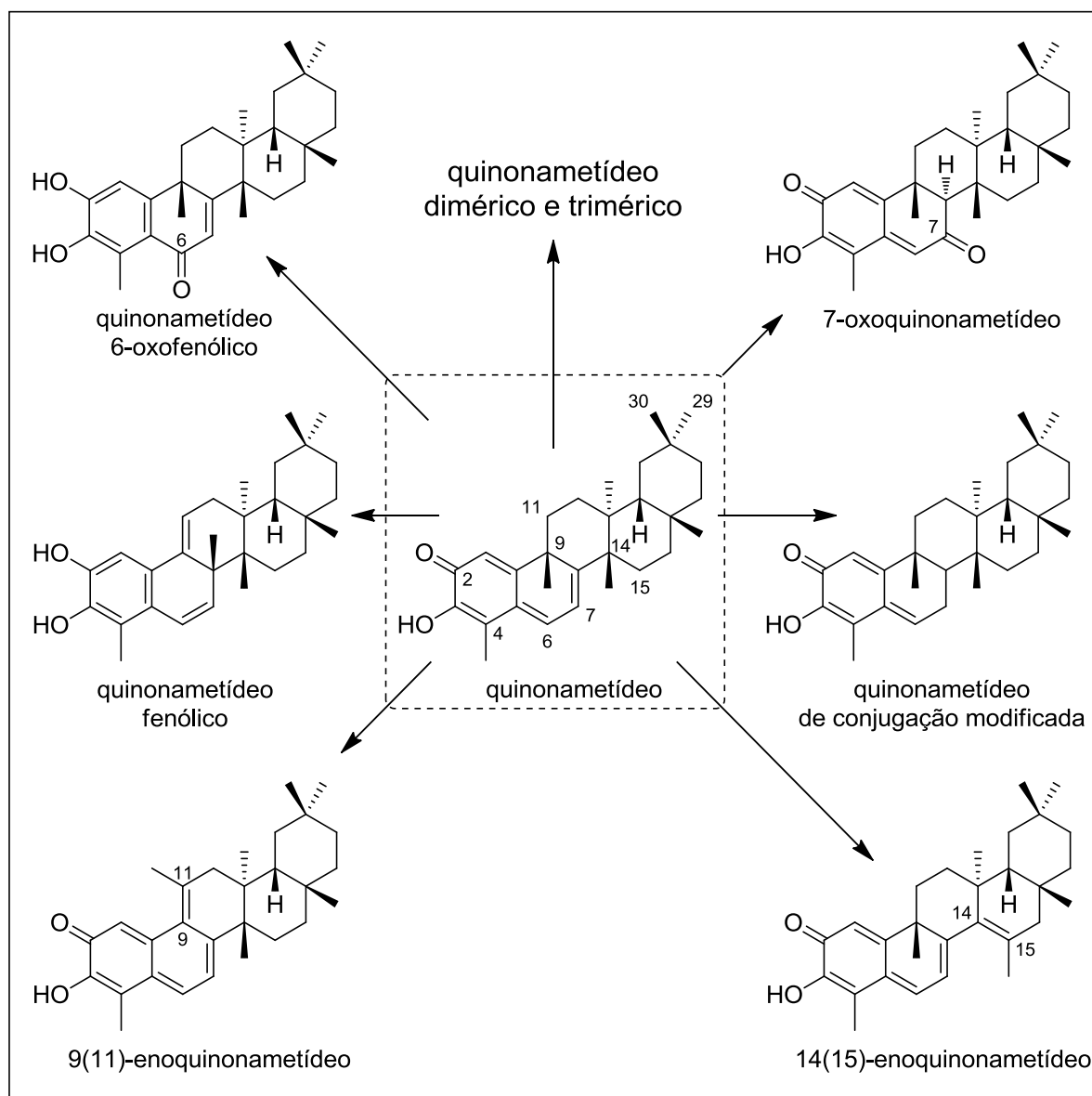
Figura 8 - Núcleo base (24-*nor*-D: A-friedo-oleonano) dos triterpenos quinonametídeos.



Fonte: Adaptado de Gunatilaka⁸⁰ (1996, p. 4).

Os celastroides, de acordo com suas características estruturais, em específico, nos diferenciados sistemas de conjugação que podem apresentar, assim como oxigenações adicionais no anel B (C-6 e C-7), podem ser diferentemente classificados (Figura 9)^{79,80}. A classe mais comum e amplamente conhecida de celastroides, reportada simplesmente pelo seu homônimo (quinonametídeos), constitui-se de moléculas baseadas no esqueleto triterpênico citado, biossintetizadas a partir da friedelina, cujo cromóforo quinonametídico é estendido pelos anéis A e B. Os triterpenos mais comuns e amplamente conhecidos são o celastrol e a pristimerina, os quais, inclusive, têm sido isolados da espécie alvo deste trabalho, *Maytenus ilicifolia*⁸¹.

A espécie *Maytenus ilicifolia* também tem demonstrado biossintetizar e acumular nas cascas de suas raízes não apenas celastrol e pristimerina, mas também maitenina (ou tingenona), 20 α -hidroximatenina e 22 β -hidroximatenina⁸¹ (Figura 10). Além desses, também tem sido reportado nas mesmas partes da planta o netzahualcoieno⁴⁶, triterpeno 14(15)-enoquinonametídeo (Figura 10).

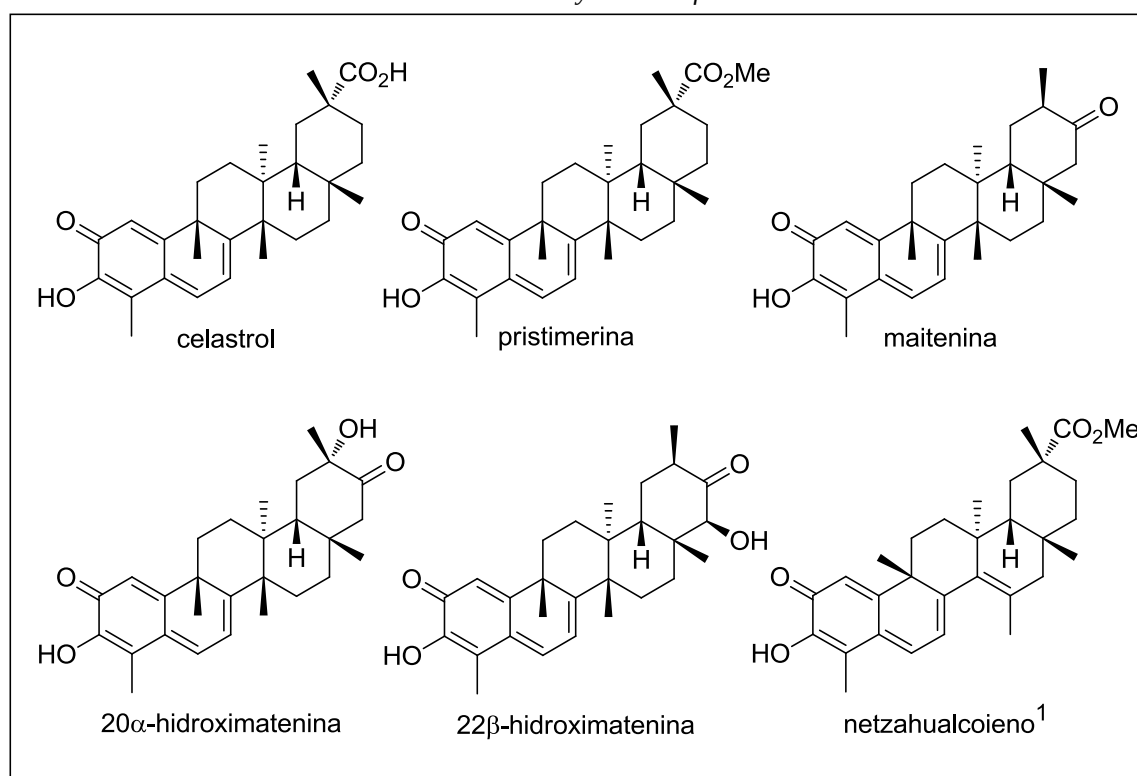
Figura 9 - Principais classes (tipos) de triterpenos quinonametídeos.

Fonte: Elaborada pelo autor.

Atualmente, existe um grande interesse pelos TQs devido a sua variada gama de atividades biológicas, as quais incluem: anti-inflamatória⁸², antioxidante⁸³, contraceptiva⁸⁴, antifúngica⁸⁵, anti-tripanicida⁸⁶, antimicrobiana⁸⁷, bacteriostática, fungistática⁸⁸ e, principalmente, antitumoral.^{29,89-94} Os cinco TQs reportados em *M. ilicifolia* possuem atividades citotóxicas expressivas frente à uma infinidade de células tumorais, entre elas: 1A9⁹⁵, SK-OV3⁹⁶ (ambas de ovário), SNO (esôfago)⁹⁷, T47D⁹⁸, COL-2⁹⁹, HCT-8⁹⁵ (todas de cólon), U373 (glioblastoma)⁹⁹, W256¹⁰⁰, ZR-7 5-1⁹⁹, MDA-MB-231^{87,98}, MCF-7^{95,101}, BC-1⁹⁹ (todas de mama), KB (boca)^{95,99}, KB-v1 (+vLB) (boca resistente a vimblastina), KB-VIN (boca resistente à vincristina)⁹⁹, PC-3⁹⁵, LNCaP⁹⁹ (ambas de próstata), HL60¹⁰¹, (leucemia), HeLa (colo do

útero)⁹⁷, P-388 (leucemia murina)⁹⁹, NCI-H460¹⁰², LU-1⁹⁹, A549⁹⁵ (ambas de pulmão), RPMI8226 (mieloma)¹⁰³, A431 (carcinoma epidermóide), HT-1080 (fibrosarcoma) e MEL-2 (pele)⁹⁹. O triterpeno enoquinonametídeo netzahualcoieno apresenta atividades antiproliferativas frente às células tumorais A2780 (ovário), HBL-100, T-47D (ambas de mama), HeLa (colo do útero), SW1573 (pulmão), WiDr (colón).¹⁰⁴

Figura 10 - Triterpenos quinonametídeos quinonametídeos e 14(15)-eno quinonametídeo isolados de cascas de raízes de *Maytenus ilicifolia*.



Fonte: Elaborada pelo autor.

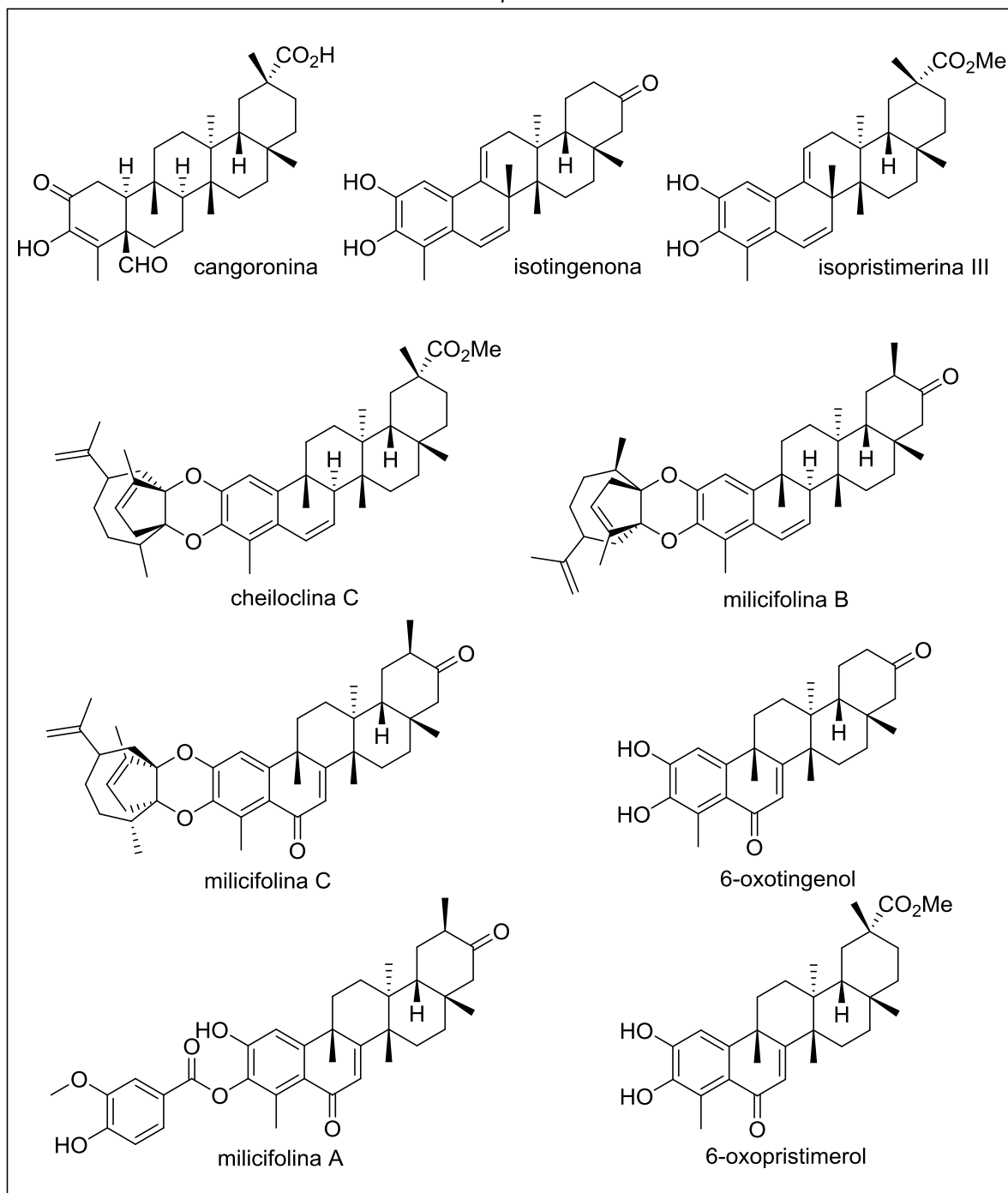
¹Triterpeno 14(15)-eno quinonametídeo.

Além dos TQs citados, outros têm sido isolados de cascas de raízes de *M. ilicifolia*, tais como a cangoronina, celastroide que não apresenta sistema conjugado de insaturações estendidas entre ciclos, os TQs fenólicos isotingenona, isopristimerina III⁷⁸, milicifolina B e cheiloclina C⁴⁶ e os TQs 6-oxofenólicos milicifolina A, milicifolina C, 6-oxotingenol¹⁰⁵ e 6-oxopristimerol⁴⁶ (Figura 11). Em se tratando de TQs diméricos, em *Maytenus ilicifolia* alguns exemplares têm sido identificados. Em 1990, por exemplo, Itokawa et al.¹⁰⁶ isolaram de cascas de raízes quatro triterpenos diméricos, os quais foram caracterizados estruturalmente e nomeados como cangorisina A, atropcangorosina A, diidroatropcangorosina A e cangorisina B. Em investigação realizada sete anos depois, os mesmos quatro triterpenos foram reisolados e, a partir de técnicas espectrométricas e principalmente espectroscópicas mais atuais e robustas,

especialmente de ressonância magnética nuclear bidimensional, suas estruturas químicas foram revisadas. Finalmente, após evidenciarem equívocos na elucidação das quatro substâncias, os autores retificaram as estruturas dos quatro TQs dímeros e sugeriram a renomeação de dois deles: atropcangorosina A renomeada para isocangorosina A e diidroisocangorosina A e para 6',7'- isocangorosina A¹⁰⁷ (Figura 12). Outros dois exemplares de TQs dímeros foram identificados posteriormente em raízes de *M. ilicifolia*: 7,8-diidroescutidina α B e milicifolina D⁴⁶. Na figura 12 estão representados todos os TQs dímeros encontrados na espécie até momento.

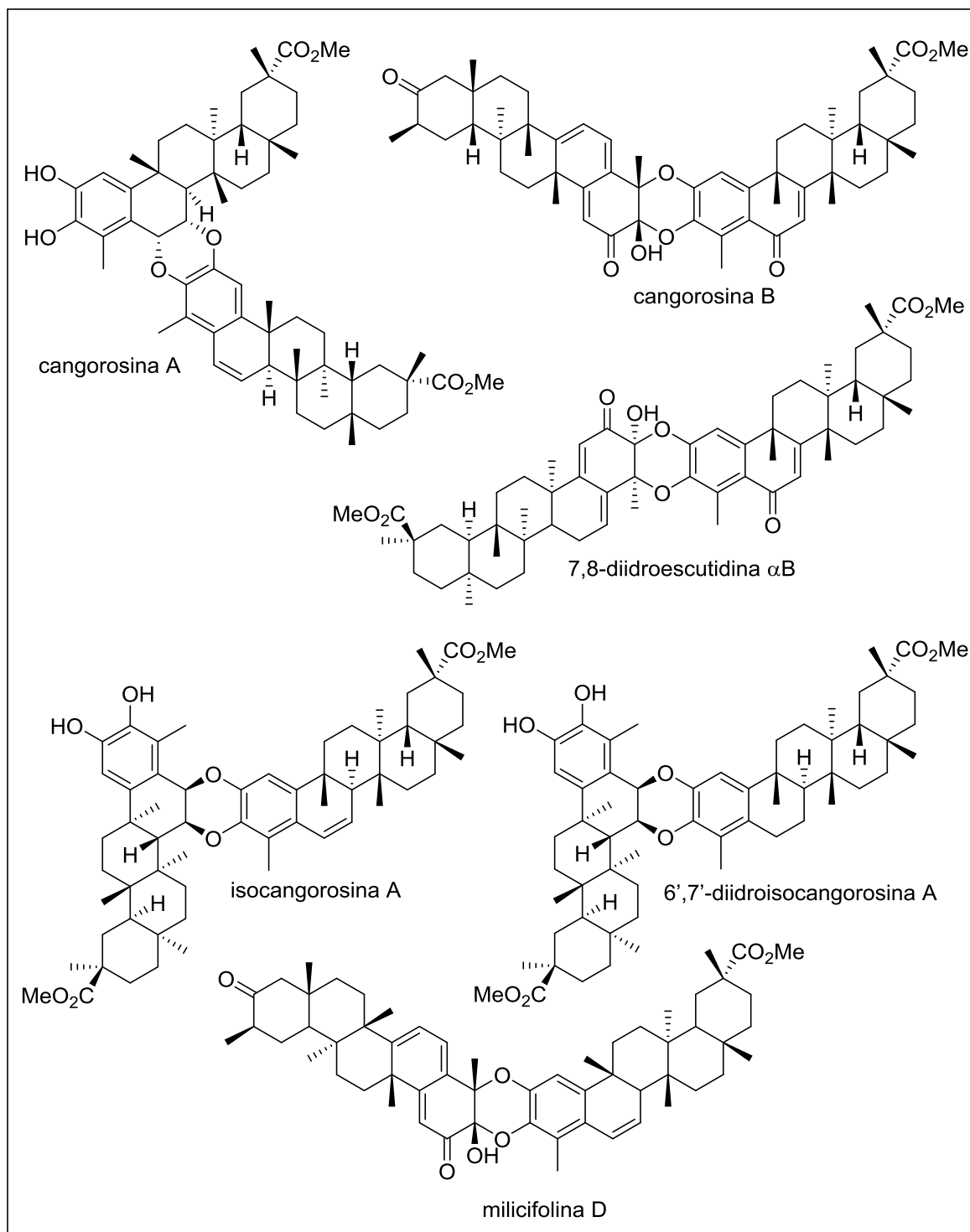
Diante do exposto, a riqueza da diversidade química intrínseca à espécie *M. ilicifolia* se configura evidente. Porém, existe um limitante importante quando se trata da exploração das atividades biológicas dessas biomoléculas, sua obtenção. Este fato justifica-se pela alta complexidade estrutural desses metabólitos, o que torna sua síntese química desafiadora, e por serem compartimentalizadas, em sua maioria, apenas numa porção mínima da planta (cascas das raízes) e ainda em concentrações ínfimas. Neste contexto, ferramentas biotecnológicas como a cultura de tecidos vegetais surgem como uma alternativa para suprir essa demanda.

Figura 11 - Triterpenos quinonametídeos fenólicos e 6-oxofenólicos isolados de cascas de raízes de *Maytenus ilicifolia*.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Figura 12 - Triterpenos quinonametídeos diméricos isolados de cascas de raízes de *Maytenus ilicifolia*.



Fonte: Elaborada pelo autor.

1.4 Cultura de tecidos vegetais como fonte metabólitos secundários

Há uma série de vantagens na produção de metabólitos secundários a partir de cultura de tecidos e órgãos. Dentre elas, destaca-se: 1) a produção de metabólitos de interesse pode ser

contínua durante todo o ano, não havendo interferências sazonais; 2) o isolamento do composto de interesse é facilitado, em comparação à extração da planta inteira, pela ausência (ou menor presença) de compostos como clorofila, hidrocarbonetos, entre outros e 3) a produtividade dos metabólitos secundários de interesse pode ser intensificada pelo uso de fitorreguladores e elicitores como o metil jasmonato (MeJA).¹⁰⁸⁻¹¹⁰

São vários os exemplos de sucesso em produção de metabólitos secundários utilizando essas técnicas biotecnológicas¹¹¹⁻¹¹⁵, inclusive em escala industrial¹¹⁶. Estudos realizados pelo nosso grupo têm demonstrado que células de *M. ilicifolia* em suspensão acumulam maitenina e 22 β -hidroximaitenina em concentrações 3 e 100 vezes maiores, respectivamente, que a planta cultivada em seu habitat natural.⁴⁴

1.5 Elicitação em culturas *in vitro* de células vegetais

Elicitação é uma estratégia bem conhecida e amplamente utilizada para aumentar a produção de várias classes de metabólitos secundários em sistemas vegetais¹¹⁷. Um elicitor é um composto de origem natural ou sintética que, quando adicionado à uma cultura, simula condições de estresse nas células vegetais, provocando respostas que ocorreriam no ambiente natural da planta. Isso geralmente resulta em maior acúmulo de metabólitos secundários, pois os elicitores provocam alterações fisiológicas que envolvem a expressão ascendente de genes associados ao metabolismo secundário.^{118,119}

Vários compostos têm sido utilizados como elicitores em culturas vegetais *in vitro*, sendo os mais comuns o ácido jasmônico (AJ), o ácido salicílico (AS) e principalmente o metil jasmonato (MeJA).¹¹⁶

Estudos têm demonstrado que culturas de células em suspensão de 36 espécies vegetais distintas, tratadas com ácido AJ e/ou seu éter metílico MeJA, aumentaram o acúmulo dos mais diversos metabólitos secundários¹²⁰. Culturas de células *Taxus* spp elicidadas com MeJA produziram até 46 vezes mais paclitaxel do que células não elicidadas.¹²¹⁻¹²³

Com relação aos triterpenos, trabalhos realizados demonstraram que eles podem ser produzidos por culturas vegetais *in vitro* em concentrações muito maiores quando estas são elicidadas com MeJA. Por exemplo, Norrizah et al.¹²⁴ demonstraram que células em suspensão da espécie *Hedyotis corymbosa* acumularam os ácidos ursólico e oleanólico em concentrações muito superiores quando adicionado no meio de cultura 200 e 100 μ M de MeJA, respectivamente. Células em suspensão de *Centella asiatica*, quando tratadas com 0,2 mM de MeJA e mantidas por quatro dias nestas condições, produziram os triterpenos madecassosídeo,

asiaticosideo, ácido madecássico e ácido asiático em concentrações 24,8, 38,6, 17,0 e 23,7 vezes superiores, respectivamente, quando comparadas à células não tratadas.¹⁰⁰

Nosso grupo também tem investigado o efeito do MeJA no acúmulo de triterpenos em culturas de células em suspensão. Um exemplo que deve ser destacado é o caso de células de *M. ilicifolia* em suspensão elicitadas com MeJA, as quais acumularam os TQs maitenina e 22 β -hidroximaitenina em concentrações muito superiores que células não elicitadas (dados não publicados).

Além da produção em maior escala de substâncias de interesse, a elicitação também pode ser utilizada para compreender a regulação de processos metabólicos secundários através de estudos de expressão proteica diferencial.¹²⁵

1.6 Jasmonatos: biossíntese, percepção, sinalização e resposta do metabolismo secundário vegetal

Metil jasmonato (MeJA), ácido jasmônico (AJ) e seus derivados, conhecidos como jasmonatos (JAs), são fito-hormônios oriundos da via do octadecanóide (Figura 13). Os JAs regulam uma grande variedade de processos fisiológicos vegetais que vão desde o crescimento até a reprodução e defesa vegetal. Por estarem presentes no perfume das flores de jasmim (*Jasminum* spp.), essas oxilipinas chegaram a ser classificadas apenas como produtos do metabolismo secundário, mas, atualmente, é amplamente conhecido que as mesmas atuam como indutores na produção de metabólitos secundários em todo reino vegetal, tanto em angiospermas quanto em gimnospermas, sendo assim considerados também como uma classe hormonal.^{119,126–128}

Estudos apontam que os JAs podem induzir a síntese de todas as principais classes de metabólitos secundários (terpenos, alcaloides, fenilpropanoides, entre outros) e, além disso, podem atuar na modulação de vias metabólicas primárias para fornecer precursores de metabólitos secundários relacionados com os substratos necessários.^{119,127,129}

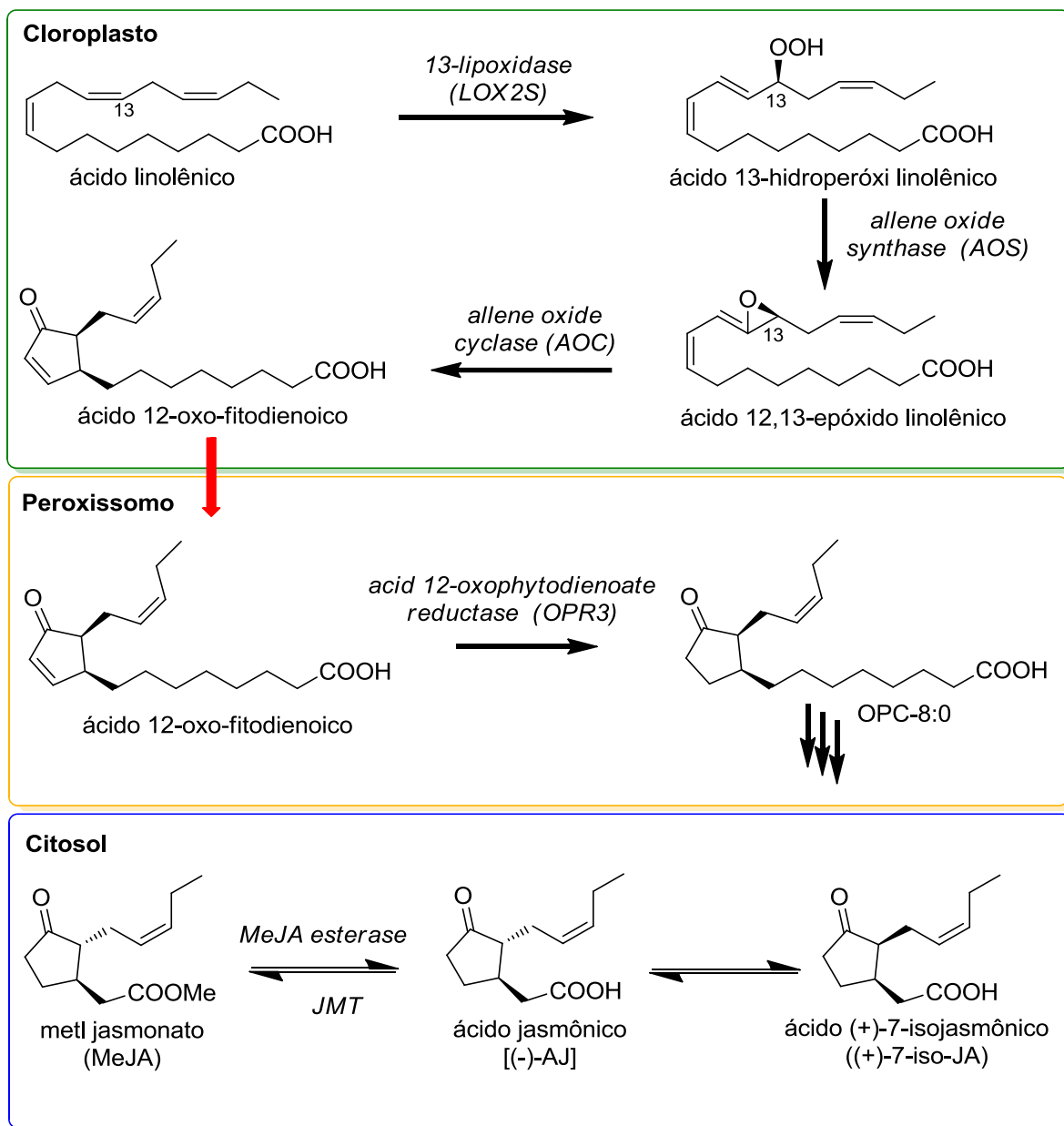
Análises de perfil de transcrição demonstram que os JAs desencadeiam uma extensa reprogramação transcricional do metabolismo. A expressão de genes que codificam enzimas de uma via metabólica secundária específica, muitas vezes, exibe uma regulação ascendente (*upregulation*) peculiar após a elicitação com JAs, levando ao reconhecimento dos chamados *transcriptional regulons*. Este fato incentivou pesquisadores do mundo todo a iniciarem projetos para identificar os chamados genes interruptores mestres (*master switches*) do metabolismo secundário, ou seja, proteínas capazes de ativar a expressão de todos (ou a

maioria) dos genes que codificam as enzimas envolvidas numa via metabólica específica^{127,130}. Esse conhecimento poderia ser convertido no desenvolvimento de ferramentas poderosas “mais genéricas” na área de engenharia metabólica de plantas. A identificação de fatores transcricionais (TFs) tais como *octadecanoid-derivative responsive Catharanthus AP2-domain 2 e 3 (ORCA2 e ORCA3)*, que dirigem a biossíntese de alcaloides indólicos terpênicos em *Catharanthus roseus*, *production of anthocyanin pigment 1 (AtPAP1)* em *Arabidopsis thaliana*, *C1/R* em *Zea mays* (milho), que dirigem a biossíntese de antocianinas, entre outros, aumentaram muito essas expectativas^{130–133}.

1.6.1 Biossíntese

Os JAs são sintetizados pelas plantas a partir do ácido linolênico (Figura 13) o qual é liberado dos lipídeos da membrana plasmática. Duas organelas participam da biossíntese: o cloroplasto e o peroxissomo. No cloroplasto, o ácido linolênico é oxigenado pela *linoleate 13S-lipoxygenase* sendo convertido em ácido 13-hidroperóxi linolênico o qual, pela ação da enzima *allene oxide synthase* (AOS), converte-se no epóxido ácido 12, 13-epóxido linolênico que em seguida é ciclizado pela *allene oxide cyclase* (AOC) no ácido 12-oxo-fitodienoico. Após ser transportado para o peroxissomo, o ácido 12-oxo-fitodienoico é reduzido pela enzima *acid 12-oxophytodienoate reductase (OPR3)* a um intermediário (OPC-8:0) que sofre três etapas consecutivas de β -oxidação para formar o ácido (+)-7-isojasmônico [(+)-7-iso-JA]. Esse, por sua vez, é translocado para o citosol e convertido em AJ através de uma reação reversível. Por fim, o MeJA, seu homólogo volátil, é formado pela ação da *jasmonic acid carboxyl methyltransferase* (JMT) e, como na etapa anterior, a partir de uma reação reversível (reação de equilíbrio), AJ pode ser formado a partir da desesterificação do MeJA catalisada pela *methyl jasmonate esterase* (MeJA-esterase).^{126,134–140}

Figura 13 - Rota biossintética dos jasmonatos a partir do ácido linolênico.



Fonte: Elaborada pelo autor.

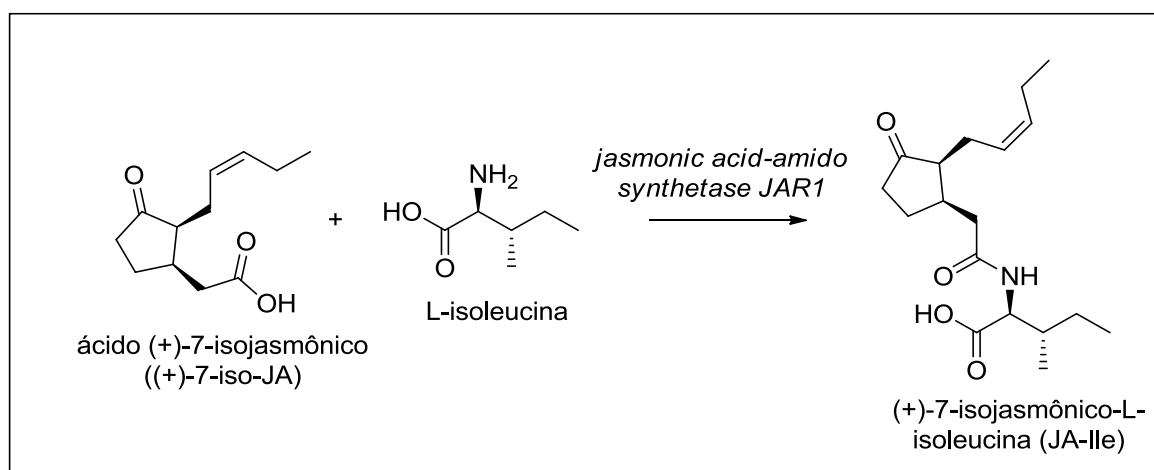
1.6.2 Percepção e sinalização

Nos últimos vinte anos, uma imensa gama de informações foi adquirida sobre proteínas e enzimas envolvidas nas vias de percepção e sinalização reguladas por JAs em plantas. Neste contexto, a via ubiquitina-proteassoma foi reconhecida como o sistema central da regulação de sinalização dos JAs em 1998, quando *coronatine-insensitive 1 (COI1)* foi identificado como uma proteína do tipo F-box. *COI1* forma um complexo *Skp1/Cullin/F-box (SCF^{COI1})*, um tipo de proteína *E3 ubiquitin ligase*, cujos alvos deste são as proteínas repressoras da família JAZ

(*Jasmonate zim domain*). As JAZs são conhecidas por serem reguladoras negativas de expressão de genes induzidos por JAs.^{141–144}

As JAZs possuem um motivo proteico Tify (*Tify motif*) altamente conservado dentro de um domínio chamado ZIM, o qual media interações homo- e heterodiméricas entre diferentes proteínas JAZ^{143,145,146}. O domínio ZIM também permite que essas proteínas aliem-se à co-repressores de transcrição como o *TOPELESS (TPL)* por meio de uma “proteína adaptadora” chamada *NINJA (Novel INteractor of JAZ)*. Assim, ambas as proteínas *NINJA* e *TPL* agem como reguladores negativos funcionais de resposta a JAs¹⁴⁷. As proteínas JAZ ainda são caracterizadas por um importante domínio C-terminal conservado (denominado “jas”) que é responsável pela ligação com COI1, mas também com uma gama de TFs¹²⁷, as quais acabam sendo funcionalmente desativados.¹⁴⁸

Figura 14 - Reação da formação do bioativo (+)-7-isojasmônico-L-isoleucina

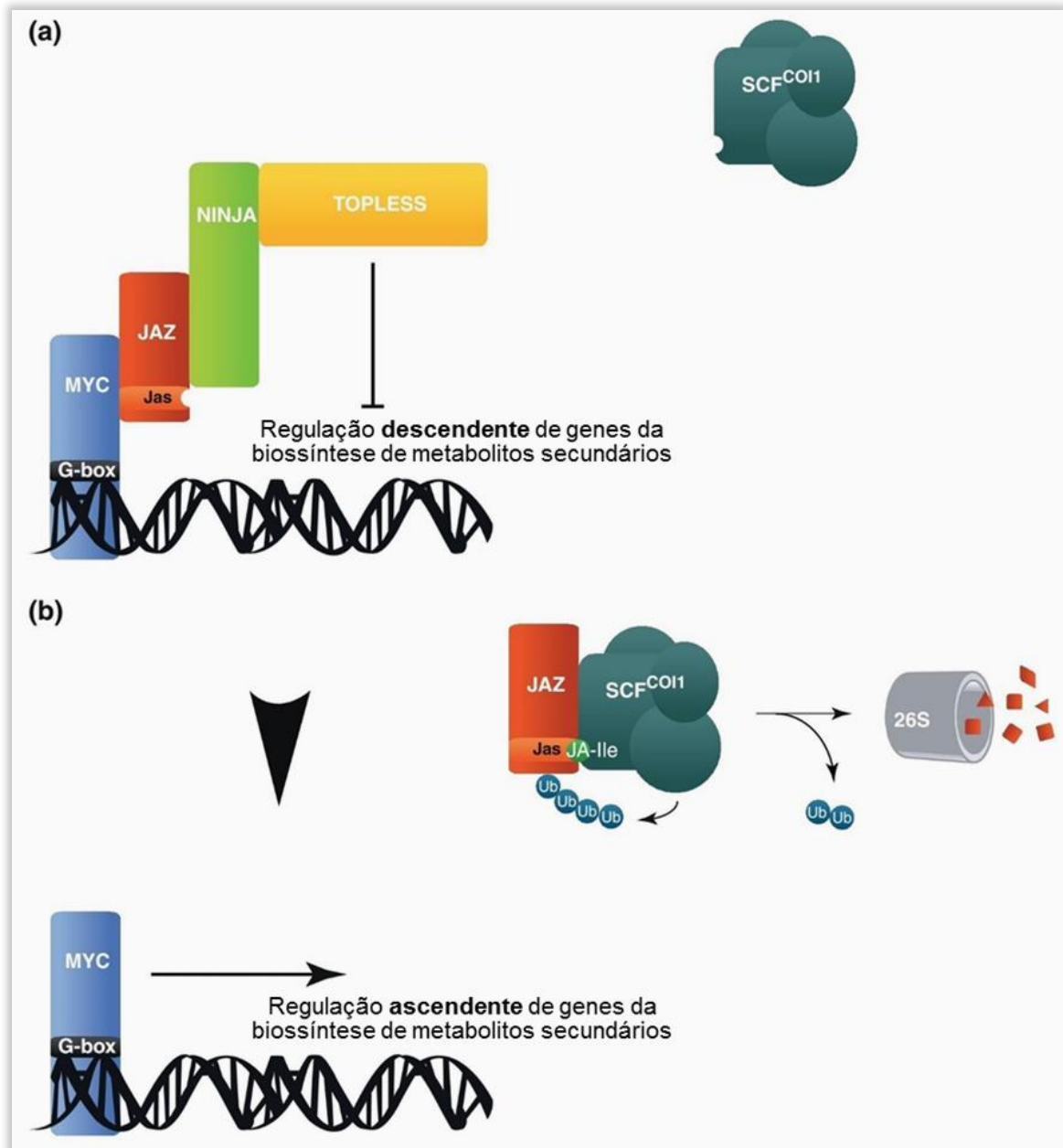


Fonte: Elaborada pelo autor.

Em um estado elicitado por JAs, ou seja, com níveis elevados desses compostos disponíveis para a planta, os mecanismos de percepção e sinalização regulados pelos hormônios iniciam-se pela formação de um conjugado bioativo pela reação de (+)-7-iso-JA e L-isoleucina (JA-Ile) catalisada pela *jasmonic acid-amido synthetase JAR1 (JAR1)*¹⁴⁹ (Figura 14). O complexo proteico SCF^{COI1}, após ligar-se à JA-Ile, conjuga-se com uma proteína JAZ, por meio do domínio jas, para formar um complexo co-receptor. A ligação do complexo SCF^{COI1}/JA-Ile à proteína JAZ leva à poliubiquitinação e à subsequente degradação de JAZ pelo proteossomo 26S. A degradação proteossomal de JAZ, além de neutralizar a ação das proteínas repressoras de genes induzidos por JAs, como supracitado, permite a liberação de TFs tais como os das

famílias *MYC* e *MYB*, os quais ligam-se a promotores de genes de resposta a JAs (Figura 15).^{150,151}

Figura 15 - Módulos de percepção e sinalização de jasmonato (JAs) na regulação do metabolismo secundário em plantas.



Fonte: Adaptado de DE GEYTER¹³⁰ (2012, p. 351).

(a) Na ausência de jasmonato-isoleucina (JA-Ile), proteínas com domínios ZIM (JAZ) interagem com complexos co-repressores tais como *NINJA* e *TOPLESS* os quais podem se ligar fatores transcritivos (TFs), como *MYC*, e inibirem sua ação. (b) Com altos níveis de JA o complexo Skp1/Cullin/F-box (SCF^{CO11}), após ligar-se a JA-Ile, conjuga-se com as proteínas JAZ levando-as à poliubiquitinação e subsequente degradação no proteossomo 26S. Finalmente ocorre a liberação de TFs que modulam a expressão de genes envolvidos na biossíntese de metabolitos secundários.

O fator de transcrição alvo mais conhecido das JAZ em *Arabidopsis* é *MYC2*, envolvido tanto direta quanto indiretamente na regulação de metabólitos secundários. *MYC2* regula positivamente outros TFs e enzimas envolvidas na biossíntese de flavonoides e, por outro lado, controla negativamente a síntese de alcaloides indólicos derivados do triptofano na mesma planta¹⁵². Em *Catharanthus roseus*, um TF homólogo ao *MYC2* regula a expressão de outros TFs que atuam diretamente na ativação/desativação do gene interruptor (*on/off switch*) do gene *ORCA3*, que controla a rota dos alcaloides indólicos terpênicos¹⁵³. Outros TFs alvo das JAZ, relacionados a regulação ascendente de metabólitos secundários, foram encontradas em outras espécies vegetais^{154–157}. Essas informações indicam que o complexo co-receptor COI1–JAZ exerce o papel principal na reprogramação do metabolismo secundário mediada por JAs em várias espécies vegetais¹³⁰.

Apesar de ser elevado nível de compreensão sobre os mecanismos moleculares mediados pelos JAs, ele restringe-se, quase que exclusivamente, a plantas modelo. Muitas lacunas referentes aos mesmos (ou análogos) mecanismos moleculares relacionados à biossíntese de inúmeros metabólitos de interesse, em plantas não modelo, ainda precisam ser desvendados. Neste contexto, abordagens utilizando técnicas “ômicas”, como a proteômica, surgem como uma alternativa no esclarecimento de muitos desses processos bioquímicos.

1.7 Proteoma

O termo “proteoma” foi cunhado pela primeira vez em 1994 a partir da adaptação (e analogia) de outro termo já bastante difundido na época, o “genoma”. Proteoma foi definido originalmente como o conjunto de todas as proteínas expressas por um genoma, célula, tecido ou organismo. Atualmente, deve ser entendido como o conjunto total de espécies proteicas ou produtos de genes em uma unidade biológica (ecossistema, população, organismo, órgão, tecido, célula, ou organela), em um estágio de desenvolvimento específico sob determinadas condições externas (bióticas ou abióticas).^{158–160}

Em se tratando de plantas, muitas espécies apresentam mais genes do que o genoma humano e, por isso, podem ser consideradas como um dos organismos com proteoma mais complexo. Não obstante, o número de genes de um organismo não pode ser facilmente correlacionado com o número total de proteínas, tendo em vista que a expressão gênica pode ser regulada durante a transcrição, *splicing*, tradução e após modificações pós-traducionais de proteínas. Além disso, vários fatores físicos, tais como: o tipo de tecido, estágio de desenvolvimento, estímulo ambiental e estresse também afetam a expressão gênica e,

consequentemente, modificam seu proteoma. Todos esses fatores contribuem para que a investigação completa de um proteoma seja muito mais complexa e desafiadora que o sequenciamento de um genoma.^{161,162}

1.8 Proteômica

O ramo da ciência responsável pelo estudo do proteoma é a “proteômica” que surgiu já em 1995 com a publicação de um estudo de proteínas em larga-escala da espécie *Arabidopsis thaliana*¹⁶³. Entretanto, o termo “proteômica” foi utilizado pela primeira vez em 1997 em analogia ao termo “genômica”, estudo do genoma.¹⁶⁴

Nas últimas décadas, o desenvolvimento tecnológico das técnicas de separação de proteínas/peptídeos, tais como a espectrometria de massas (EM), marcação isotópica para quantificação de proteínas e bioinformática para análises de dados, tem contribuído substancialmente para evolução dos estudos proteômicos contemporâneos. Dentre essas, a EM exerce papel de grande destaque na evolução das análises de proteínas em larga escala, devido ao acelerado avanço da espectrometria de massas, principalmente em se tratando de resolução, precisão e velocidade de varredura.¹⁶¹

De modo geral, os estudos proteômicos seguem duas abordagens distintas: a proteômica *bottom-up* e a proteômica *top-down*. Na abordagem *bottom-up* as proteínas são caracterizadas a partir da análise de peptídeos, derivados da mesma, através de proteólise. Quando uma análise *bottom-up* é realizada em uma mistura de proteínas, esta é chamada de proteômica *shotgun*^{165,166}.

Em um experimento de *shotgun* típico, uma mistura de peptídeos é fracionada e submetida a uma análise por cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas sequencial (CL-EM/EM). Os espectros de massas, resultantes das fragmentações peptídicas, são então comparados com espectros de massas teóricos de peptídeos, os quais são gerados a partir de digestão *in silico* de proteínas depositadas em bases de dados. Por fim, infere-se a identidade da(s) proteína(s), depositada(s) nas bases de dados, pela atribuição da(s) sequência(s) de peptídeo(s) identificada(s)^{167–169}. Em contrapartida, a abordagem *top-down* é empregada na caracterização das proteínas intactas. Esta estratégia possui vantagens em relação a proteômica *bottom-up*, em especial quando trata-se de análises de espécies proteicas criadas após modificações pós-traducionais e determinação de isoformas de proteínas. Utilizando essa técnica, proteínas intactas de até 200 KDa têm sido analisadas com sucesso¹⁷⁰, além da

identificação de mais de 1000 proteínas a partir de amostras complexas utilizando separações multidimensionais.¹⁷¹

No entanto, quando comparado ao *shotgun*, o método *top-down* apresenta limitações significativas, tais como: proteínas são difíceis de manusear e degradam-se com facilidade; tanto a solubilização quanto o fracionamento (separação) de proteínas podem ser desafiantes; e, a ionização e fragmentação em fase gasosa não é facilmente controlada. Em contrapartida, como peptídeos podem ser mais facilmente solubilizados, fracionados, ionizados e fragmentados, a proteômica *shotgun* pode ser universalmente adaptada para análises de proteínas. Nos últimos anos, incontáveis avanços no campo da biologia de sistemas têm sido alcançados com a aplicação da proteômica *shotgun* nos mais variados experimentos, incluindo: perfil proteômico; quantificação de proteínas; estudo de proteínas formadas após modificações pós-traducionais; interações proteína-proteína; entre outros^{172–178}

1.8.1 Digestão proteolítica para análises de *shotgun*

Muitos desafios associados a caracterização de proteínas intactas por EM, tais como separação e ionização, podem ser contornados analisando-se seus peptídeos proteolíticos. Em geral, um lisado proteico é constituído de uma mistura altamente heterogênea de proteínas que apresentam diferenciadas propriedades físico-químicas e, no primeiro momento, pensar em aumentar essa complexidade antes da análise, pode parecer um contrassenso. Entretanto, em uma digestão proteolítica seletiva/controlada a peptídeos, ocorre a normalização e compartimentalização da heterogeneidade bioquímica das proteínas de uma amostra, facilitando a análise. Adicionalmente, múltiplas representações de uma proteína em particular, na forma de peptídeos, aumentam sua probabilidade de identificação quando presente em baixa concentração na amostra e/ou quando é produto de modificações pós-traducionais.¹⁶¹

Com relação as enzimas proteolíticas (proteases), estas diferem-se por sua especificidade ao clivarem as ligações peptídicas entre os resíduos individuais de uma proteína. A clivagem ocorre por hidrólise de uma ligação peptídica antes ou após um resíduo específico, resíduos, ou combinação de resíduos. Em análises de *shotgun*, a enzima de digestão de proteínas mais utilizada é a *trypsin*, uma serino protease que cliva as ligações na extremidade C-terminal dos resíduos da arginina (R) e da lisina (K), desde que o resíduo seguinte não seja a prolina (P), gerando peptídeos com massas moleculares e cargas adequadas para análise por CL-EM/EM.^{179–181}

1.8.2 Métodos de separação e fracionamento em proteômica

Eletroforese em gel de poliacrilamida contendo dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE) é um método altamente eficiente para separação de proteínas de misturas complexas e é o mais utilizado em análises proteômicas baseadas em gel. Nesse método, as separações das proteínas podem ser conduzidas no gel em uma única direção (1D), com base nas massas moleculares das espécies proteicas, ou em duas dimensões (2D), com base nas massas moleculares em uma dimensão e nos pontos isoelétricos (focalização isoelétrica) das proteínas em outra. Em uma análise típica, após serem separadas por SDS-PAGE, as proteínas são analisadas diretamente por MALDI-EM, no caso de uma abordagem *top-down*, ou analisadas por CL-EM, após uma digestão *in-gel*, na forma de peptídeos (*bottom-up*).^{162,182}

Eletroforese 2D-SDS-PAGE é a abordagem mais difundida em proteômica de plantas, uma vez que permite a separação e posterior identificação de milhares de proteínas em um único gel¹⁸³. Entretanto, géis 2D possuem várias limitações em termos de resolução de separação de proteomas complexos, número de *spots* e recuperação de proteínas. Não obstante, a utilização de géis 2D no dia-a-dia de um laboratório de pesquisa exige um trabalho técnico altamente intensivo, além de um tempo consideravelmente demorado. Contudo, as técnicas eletroforéticas atuais de separação de proteínas ainda são deficitárias e melhorias tecnológicas/metodológicas nessa área são indispensáveis.^{162,184}

Muitas das limitações da proteômica baseada em gel podem ser superadas com a proteômica livre de gel. O desenvolvimento recente de metodologias livres de gel tem proporcionado um grande avanço na investigação de proteomas. Essas metodologias baseiam-se na MudPIT (tecnologia multidimensional para identificação de proteínas) e, apesar existirem atualmente abordagens não baseadas em EM, tais como microarranjo de proteínas, que possibilitam detectar proteínas de misturas complexas com concentrações extremamente baixas¹⁸⁵, métodos baseados em EM são considerados atualmente como padrão ouro e são amplamente utilizados pelos pesquisadores.¹⁵⁸

De modo geral, nas análises proteômicas livres de gel, misturas complexas de proteínas são digeridas em solução e os peptídeos resultantes são fracionados a partir de cromatografia de troca catiônica forte (SCX), seguida de cromatografia em fase reversa (FR) acoplada a EM sequencial (EMⁿ)¹⁸⁶. Inicialmente, esses estudos de *shotgun* eram realizados com sistemas cromatográficos que operavam em volumes extremamente baixos (nano volume), acoplados a espectrômetros de massas do tipo triplo quadrupolo ou IT. No entanto, os aparatos em questão,

apresentavam limitações significativas, especialmente quando tratava-se de sensibilidade, resolução e velocidade na caracterização e quantificação de proteomas.^{187,188}

O desenvolvimento de uma nova geração de espectrômetros de massas, principalmente o Orbitrap¹⁸⁹, tem permitido um avanço sem precedentes no campo da proteômica, possibilitando a caracterização completa de peptídeos presentes em amostras com sensibilidade de partes por milhão (ppm).¹⁹⁰

1.8.3 Espectrometria de massas aplicada em proteômica *shotgun/bottom-up*

Uma das principais razões que têm impulsionado a utilização da abordagem *shotgun* em proteômica é a compatibilidade de acoplamento de métodos cromatográficos, como a cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE) aos espectrômetros de massas, os quais realizam a separação de peptídeos antes da EM. Entre as modalidades de CLAE, destacam-se: a extração em fase sólida (EFS); a cromatografia de troca catiônica forte e a cromatografia líquida em fase reversa.¹⁶¹

Nos últimos anos, os crescentes projetos dedicados à investigação de proteomas por EM têm impulsionado significativamente o desenvolvimento de novos métodos experimentais, bem como instrumentação. Um dos desenvolvimentos instrumentais mais importantes foi a introdução dos métodos de ionização por *electrospray* (ESI, *electrospray ionization*) e dessorção/ionização a laser auxiliada por matriz (MALDI, *matrix-assisted laser desorption/ionization*), ambos métodos suaves que possibilitam a vaporização e subsequente ionização dos peptídeos sem extensiva degradação estrutural. ESI aplicada à análise de peptídeos produz preferencialmente espécies duplamente carregadas, enquanto MALDI gera quase que exclusivamente íons monocarregados.¹⁹⁰

Ainda em se tratando de instrumentação, os analisadores de massas mais comuns aplicados em análise de proteínas/peptídeos, a partir de misturas complexas, são os do tipo quadrupolo, armadilha de íons (IT) (tridimensionais e lineares), tempo de voo (TOF), ressonância ciclotrônica de íons com transformada de Fourier (FT-ICR), Orbitrap, entre outros. Cada analisador possui suas vantagens, ou desvantagens, de acordo com o tipo de experimento e o resultado esperado.^{161,191}

Atualmente, equipamentos que combinam diferentes analisadores de massas e fontes de ionização/fragmentação têm sido desenvolvidos. Comparados aos instrumentos tradicionais, os equipamentos híbridos têm possibilitado a realização de análises de peptídeos com altíssimo grau de resolução e rapidez. Este fato tem contribuído para uma melhora substancial na acurácia

das medições de íons peptídicos precursores bem como seus fragmentos (EM/EM), disponibilizando profundas informações sobre fragmentação peptídica a partir de diferentes métodos de fragmentação. Neste contexto, esses instrumentos estão na vanguarda dos estudos proteômicos.^{158,161,192}

Um exemplo de equipamento híbrido é o LCMS-IT-TOF [cromatografia líquida/espectrometria de massas/armadilha de íons/tempo de voo (*liquid chromatograph/mass spectrometry/ion trap/time-of-flight*)] um tipo de espectrômetro de massas constituído de um CLAE acoplado aos analisadores de massas IT e TOF combinados. Analisadores do tipo IT comuns destacam-se por serem altamente eficientes em realizar experimentos de EM em sequenciais, mas com baixa acurácia e resolução. Por outro lado, os do tipo TOF possuem alta capacidade tanto de resolução quanto de acurácia nas medições, mas com capacidades limitadas na execução de experimentos EM/EM. Neste contexto, o LCMS-IT-TOF permite analisar com altíssimo grau de precisão e resolução íons peptídicos precursores bem como seus fragmentos, pois, considera simultaneamente, as características positivas dos dois analisadores combinados.^{193–195}

1.8.4 Identificação de proteínas em bancos de dados

Concomitantemente com o aumento da eficiência dos equipamentos, a evolução de ferramentas de bioinformática, principalmente algoritmos de busca, tais como: Mascot, Sequest, X! Tandem, OMSSA, entre outros, tem permitido o mapeamento quase que completo dos mais variados proteomas, incluindo proteomas vegetais, tanto de plantas modelo como de plantas não modelo.^{196–198}

Na abordagem *shotgun*, as análises por LC- EM geram os espectros de massas referentes a massa molecular (MM) dos peptídeos intactos (oriundos da digestão enzimática). Para esse resultado dá-se o nome de impressão digital de massas peptídicas (PMF, *peptide mass fingerprint*). Após a obtenção do PMF, os peptídeos detectados (íons precursores) são então isolados e submetidos à fragmentação (ou múltiplas fragmentações) para obtenção dos espectros EM/EM (ou EMⁿ). Os algoritmos de busca processam esses espectros experimentais (não interpretados) e compara-os com espectros teóricos (calculados *in silico* pelos próprios softwares) de sequências de aminoácidos de proteínas depositadas em bases de dados. De modo geral, os algoritmos têm como objetivo encontrar a sequência de aminoácidos, em um determinado banco de dados, que melhor descreve os íons fragmentos encontrados em um espectro.^{165,191}

Muitas vezes, a identificação *en masse* de proteínas é co-dependente da identificação de centenas de milhares de peptídeos a partir do processamento de mais de um milhão de espectros EM/EM pelos softwares.¹⁷⁸

Além das bases de proteínas, os referidos softwares possibilitam fazer o mesmo tipo de correlação com bases de dados de sequências de nucleotídeos. Para isso, a partir do código genérico universal, os softwares simulam sequências primárias de aminoácidos de uma proteína correspondentes às sequências de nucleotídeos encontrados nas bases gênicas. Posteriormente, a digestão enzimática e os espectros das fragmentações das sequências peptídicas das proteínas são simulados.¹⁹¹

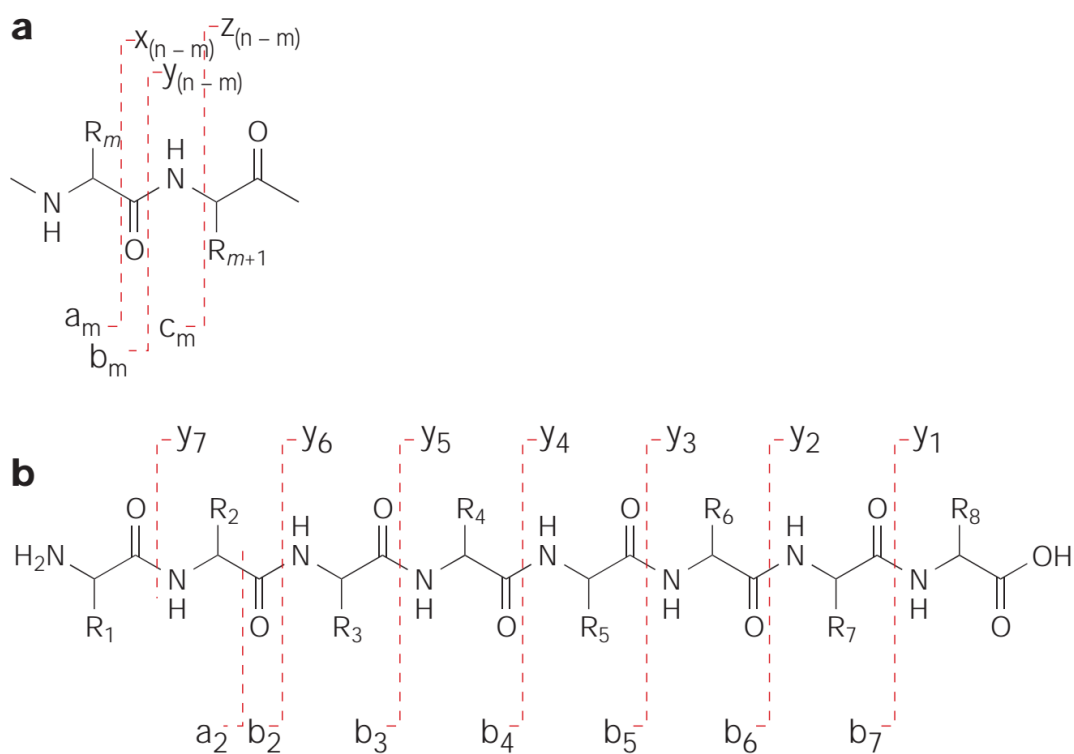
Dentre os algoritmos citados anteriormente, um dos mais conhecidos e comumente empregado em proteômica *shotgun* é o Mascot. Assim como outros softwares de busca, o Mascot compara os valores de m/z obtidos experimentalmente (sequências candidatas), referentes a MM dos peptídeos (PMF) e as fragmentações EMⁿ dos mesmos, com valores de m/z obtidos a partir de fragmentação *in silico* de todos os peptídeos contidos em uma base de dados. Os resultados das comparações são sempre baseados em termos probabilísticos, os quais indicam se os valores obtidos são significantes ou não. A probabilidade absoluta (P) dos valores de m/z teóricos coincidirem com os valores experimentais, de forma randômica, é calculada experimentalmente pelo algoritmo e expressa em termos de *score*, o qual é calculado como o negativo do logaritmo de P (- Log P). Assim, quanto maior for o valor de *score* para uma “correspondência” (um *matching*) de valores de m/z observada, menor é a probabilidade de se de configurar em um evento aleatório, ou seja, maior a confiabilidade do resultado. O Mascot também fornece para cada busca realizada um valor limite (dependendo das condições utilizadas) a partir do qual o valor obtido indica que a determinação possui probabilidade inferior a 5% de ser um evento randômico.^{191,193,199}

1.8.5 Processos de fragmentação de peptídeos

Peptídeos podem ser fragmentados por EM e posteriormente analisados para fornecer informações sobre a composição de seus aminoácidos. Métodos de fragmentação com diferentes mecanismos fundamentais têm sido implementados em proteômica *shotgun*. Entretanto, o método de fragmentação mais comum e robusto aplicado em análises de peptídeos é a dissociação induzida por colisão (*Collision-induced dissociation*, CID), também chamada de dissociação ativada por colisão (*collision-activated dissociation*, CAD).¹⁶¹

Em um experimento típico utilizando o método de fragmentação CID, peptídeos em solução levemente ácida são introduzidos para uma região de vácuo do espectrômetro de massas via ESI ou MALDI. Os íons peptídicos são então acelerados e levados à colisão com moléculas de um gás inerte, geralmente hélio, argônio ou nitrogênio. Utilizando uma descrição simplificada, a energia adicional gerada nas colisões é convertida em energia interna que induz transferências intramoleculares de prótons resultando na desestabilização das ligações peptídicas, provocando sua clivagem e, conseqüentemente, produzindo fragmentos iônicos. Outros tipos de ligações contidas em peptídeos também podem ser quebradas, mas a aplicação de CID de baixa energia cliva preferencialmente as ligações peptídicas (formando íons do tipo b- e y-). Uma vez produzidos os íons fragmentos, o espectrômetro de massas registra suas relações m/z em um espectro obtido via EMⁿ.²⁰⁰

Figura 16 - Estrutura química de um peptídeo com as principais fragmentações.



Fonte: Steen;Mann²⁰³ (2004; p. 704).

(a) Principais fragmentações (nomenclatura proposta por Roepstorff–Fohlmann–Biemann) observadas em dissociação induzida por colisão (CID); (b) Os íons formados são inumerados a partir do N-terminal.

Os íons fragmentos de peptídeos possuem uma classificação (nomenclatura) universal a qual foi proposta por Roepstorff–Fohlmann–Biemann em 1984 e posteriormente revista/modificada em 1987^{201,202}. De acordo com a classificação, quando a carga fica retida no lado do peptídeo que possui o N-terminal, os íons fragmentos formados são rotulados como a_m ,

b_m ou c_m e quando a carga permanece no fragmento que possui o C-terminal, os íons produzidos são os $x_{(n-m)}$, $y_{(n-m)}$ ou $z_{(n-m)}$. Números em subscrito indicam a quantidade de grupos R (resíduos) contidos em cada íon, contados consecutivamente a partir do N-terminal original. A letra n é o número total de resíduos, ou grupos R, contidos no peptídeo inteiro e m representa o número de grupos R que os íons a-, b- ou c- conteriam (Figura 16).²⁰³

Apesar de, teoricamente, todos os tipos de íons supracitados poderem ser produzidos em condições de CID, os íons b- e y- correspondem a grande maioria, enquanto os do tipo a-, a minoria²⁰⁰. Peptídeos trípticos duplamente carregados produzem íons y- e b- quase que exclusivamente, entretanto, formação de íons a- pode ocorrer pela perda de CO (diferença de 27,9949 Da) relativos a íons b-, mas, isso geralmente é observado apenas para íons b_2 , dando origem assim a pares a_2/b_2 (figura 16)²⁰⁴. Cabe ainda salientar que peptídeos tripsinizados formam preferencialmente íons y- em relação à b-, devido à elevada basicidade de alguns resíduos. Além disso, como CID geralmente é utilizado em baixa energia para análises proteômicas, dificilmente ocorrerá rompimento de ligações entre o carbono- α e o carbono da carbonila, bem como entre o nitrogênio e o carbono- α adjacente, e assim, os íons c-, x- e z- raramente são observados no espectro.²⁰⁰

Além dos fragmentos citados, íons “satélites” podem ser produzidos pelas perdas de NH_3 , bastante pronunciada para os aminoácidos **R**, **K**, **Q** e **N** (arginina, lisina, glutamina, asparagina) e H_2O , comum para os aminoácidos **S**, **T** e **E** (serina, treonina e glutamato)²⁰⁵. Quando as fragmentações ocorrem simultaneamente nas posições N- e C-terminal do mesmo resíduo de aminoácido, íons imônio são produzidos, os quais também servem como íons diagnóstico, indicando a presença ou não de certos aminoácidos na sequência. Ademais, modificações pós-traducionais específicas tais como fosforilação ocorridas nas cadeias laterais de **S** e **T**, oxidação de **M**, entre outros, aumentam a labilidade desses grupos laterais, favorecendo a perda neutra destes íons.^{191,203}

É importante ressaltar que, apesar da extensa gama de estudos dedicados ao entendimento de fragmentações peptídicas por CID, os mecanismos ainda não são completamente conhecidos.^{206,207}

Apesar de ser possível determinar sequências de aminoácidos de peptídeos a partir de espectros, aplicando-se cálculos simples como diferenças de massas entre picos vizinhos, este pode ser um trabalho extremamente árduo. Uma série de fatores podem contribuir para este fato. Só para citar alguns, a ausência de conjuntos de íons das séries b- e y-, que são sempre esperados, podem não estar presentes em determinados espectros; alguns fragmentos podem sofrer rearranjos internos e subsequente fragmentação; alguns íons podem estar presentes com

estados de carga diferentes do esperado, dificultando sua correta atribuição; alguns fragmentos podem sofrer rearranjo neutro de hidrogênios durante a fragmentação; entre outros. Levando-se em conta a soma desses fatores, muitas vezes a atribuição de uma série de íons de um peptídeo pode ser passível de erros, tornando a interpretação “manual” de espectros uma tarefa um tanto desafiadora¹⁹¹. Neste contexto, a utilização da bioinformática ganha cada vez mais espaço no campo da proteômica pelo desenvolvimento de algoritmos robustos aplicados para interpretação dos espectros de massas de peptídeos.

1.8.6 Anotação funcional de proteínas

Sem dúvidas, a característica mais importante de uma proteína é sua função. Pode-se até mesmo dizer que sua existência é dependente dessa característica. Para se determinar experimentalmente a função de uma proteína, é necessário, na maioria dos casos, isolá-la do organismo em questão, purificá-la e posteriormente testar sua atividade (biológica, molecular ou química) *in vitro*. Alternativamente, métodos biotecnológicos que utilizam ferramentas modernas de biologia molecular, como por exemplo, expressão gênica controlada, também podem ser empregados nesse tipo de investigação. Entretanto, todas essas técnicas necessitam de grandes investimentos laboratoriais, bem como tempo demasiado. Além disso, são realizadas individualmente para cada proteína, ou em um cenário mais otimista, para uma porção mínima de proteínas de um organismo.²⁰⁸

Estudos focados nas técnicas “ômicas” (genômica, transcriptômica, proteômica, peptidômica, entre outras) geram enormes quantidades de dados. Dependendo das abordagens escolhidas, os dados gerados são referentes à sequências de ácidos nucleicos, que podem ser atribuídas, por exemplo, a genes de interesse do estudo, bem como à sequências de aminoácidos (peptídeos) que podem ser utilizadas na identificação de proteínas. Em se tratando de proteômica, milhares de proteínas podem ser identificadas em apenas um organismo. Contudo, fica evidente que descobrir as funções de cada proteína presente em um proteoma, por métodos tradicionais, é uma tarefa altamente inviável, para não dizer impossível.

Em contrapartida, é possível atribuir funções biológicas à grandes conjuntos de sequências a partir de uma abordagem alternativa, a anotação funcional (ou anotação gênica) utilizando bases de dados biológicos. Anotação funcional é o processo de atribuir informações biológicas, em larga escala, a produtos de genes²⁰⁹. As anotações podem ser realizadas por métodos automatizados ou de maneira manual. Os dois métodos apresentam vantagens e desvantagens, dependendo dos resultados desejados. Naturalmente, devido ao massivo volume

de dados, os métodos manuais demandam longos períodos de tempo e exigem um trabalho extremamente árduo e exaustivo para os anotadores. Além disso, podem resultar em interpretações de dados conflitantes. Por outro lado, anotações automatizadas possuem a vantagem de serem rápidas, não requererem treinamentos prévios de anotadores e de processarem grandes quantidades de dados brutos de forma consistente.²¹⁰

O Gene Ontology (GO) é uma ferramenta de bioinformática utilizada para fornecer informações de funções biológicas de produtos de genes. A iniciativa GO surgiu a partir da necessidade de se criar um vocabulário padrão para a comunidade científica, o qual descreve funções para produtos gênicos de todas as espécies. Este consiste em três divisões: função molecular (atividade específica do produto de gene em questão, como atividade enzimática de uma proteína, por exemplo), processos biológicos (processo no qual o produto de gene está inserido, como a mitose) e componentes celulares (estrutura celular na qual as funções ocorrem).²¹¹

Após quase duas décadas de existência, o GO já integra informações funcionais para genes de mais de 460 mil espécies (incluindo linhagens), dentre plantas, animais e microrganismos²¹². Grande parte dessas informações é disponibilizada pela base de dados de sequências proteicas e anotação funcionais UniProt (Universal Protein Resource, <http://www.uniprot.org>) que, até 2015, continha mais de 90 milhões de registros. Esta base é considerada a maior e mais completa do gênero e tem sido citada pelos pesquisadores como “padrão ouro” para esse tipo de conteúdo.^{213,214}

2 OBJETIVOS

2.1 Geral

Elicitar com MeJA células de *Maytenus ilicifolia* em suspensão, analisar quali- e quantitativamente os TQs acumulados nas células, gerar um inventário de proteínas das células a partir de análises proteômicas do material vegetal (elicitado e não elicitado) e elaborar um mapa do metabolismo secundário a partir das enzimas detectadas nas células, em especial relacionados à biossíntese dos TQs.

2.2 Específicos

- Multiplicar células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* (atualmente mantidas *in vitro* no Departamento de Biotecnologia de Plantas Medicinais da Universidade de Ribeirão Preto-UNAERP);
- Elicitar as células de *Maytenus ilicifolia* com MeJA;
- Analisar e quantificar os TQs das células em suspensão não elicitadas e elicitadas com MeJA por CLAE-DAD;
- Utilizar a técnica de *shotgun* nas células de *M. ilicifolia* não elicitadas e elicitadas com MeJA para detectar o maior número de proteínas possível, igualmente ou diferencialmente expressas pela elicitação;
- Confrontar os dados proteômicos obtidos com a literatura na tentativa de identificar as proteínas igualmente e diferencialmente expressas na elicitação, com foco nas enzimas relacionadas ao metabolismo secundário da espécie, principalmente na biossíntese dos TQs;
- Reconhecer as vias operantes no sistema *in vitro* para gerar informações para futuras pesquisas de engenharia metabólica.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Condições gerais dos experimentos

Os experimentos relacionados às culturas vegetais *in vitro* foram realizados no Departamento de Biotecnologia de Plantas medicinais da Universidade de Ribeirão Preto (UNAERP). Todos os meios de cultura vegetais utilizados nos experimentos tiveram seu pH ajustado para 6,0 antes da autoclavagem, a qual foi realizada a 120 °C em 1 atm por 15 min. Todo material vegetal foi mantido *in vitro* em sala de crescimento com temperatura de 25 °C $\pm$ 2 °C e intensidade luminosa de 25 $\mu\text{mol}/\text{m}^2\cdot\text{s}$, com fotoperíodo de 16:8 h.

Todas manipulações do material vegetal foram realizadas em condições assépticas em capela de fluxo laminar.

3.2 Multiplicação do material vegetal *in vitro*

3.2.1 Calos de *Maytenus ilicifolia*

Calos da espécie *M. ilicifolia*, mantidos *in vitro* sob repicagens periódicas há $\cong$ 12 anos, foram subcultivados em frascos de 100 mL contendo 30 mL de meio de cultura MS ²¹⁵ suplementado com 30 g/L de sacarose, 1,0 mg/L de ácido 2,4 diclorofenoxiacético (2,4-D), 0,5 mg/L de cinetina e 340 mg/L de diidrogenofosfato de potássio (KH_2PO_4) e gelificados com 2,5 g/L do agente gelificante Phytigel®.

3.2.2 Células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*

Calos de *M. ilicifolia*, mantidas *in vitro* sob repicagens periódicas, foram subcultivadas em frascos de Erlenmeyer de 250 mL contendo 100 mL de meio de cultura MS suplementado com 30 g/L de sacarose, 1,0 mg/L de 2,4-D, 0,5 mg/L de cinetina e 340 mg/L de KH_2PO_4 . Os frascos foram mantidos em mesa agitadora orbital tipo Shaker em 100 rpm, sendo subcultivadas a cada 30 dias.

3.3 Controle da oxidação fenólica das células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*

Células de *M. ilicifolia* mantidas *in vitro* sob repicagens periódicas, foram subcultivadas em frascos de Erlenmeyer de 250 mL contendo 100 mL do mesmo meio de cultura MS citado anteriormente, porém, acrescido de 50-100 mg/L dos agentes antioxidantes PVP (polivinilpirrolidona), floroglucinol, ou ácido ascórbico. O experimento foi subdividido em dois tratamentos com três repetições para cada agente antioxidante (n= 9). Os frascos foram mantidos em mesa agitadora orbital do tipo Shaker em 100 rpm no escuro.

3.4 Elicitação das células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* com metil jasmonato (MeJA)

Calos de *Maytenus ilicifolia* mantidos *in vitro* por 60 dias foram pesados e transferidos para frascos de Erlenmeyer de 250 mL (4 g de peso fresco/frasco) contendo 60 mL de meio MS acrescidos dos mesmos componentes supracitados (item “Células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*”). Os frascos foram mantidos em mesa agitadora orbital tipo Shaker em 100 rpm e, após 7 dias sob agitação, foram adicionados 100 µL de solução de MeJA preparado na concentração de 60,1 mM em EtOH/H₂O (1/1). A concentração final de MeJA nos frascos foi de 100 µM. Aos frascos controle foram adicionados 100 µL do mesmo solvente utilizado na preparação da solução do elicitor (EtOH/H₂O, 1/1). Após 6, 12, 24, 48 e 96 h de incubação, as células foram imediatamente filtradas à pressão reduzida em papel filtro, lavadas com água destilada, enroladas em papel alumínio e mergulhadas em N₂ líquido. As células foram armazenadas em freezer – 80° C para as análises posteriores (proteômica e fitoquímica).

O experimento constou de um total de 90 frascos de Erlenmeyer sendo 45 tratados com MeJA e 45 seus respectivos controles. Em cada período de incubação foi avaliado 3 repetições com 3 replicatas (n = 9), tanto dos tratados quanto dos controles.

3.5 Análises fitoquímicas

3.5.1 Preparo dos extratos

As células armazenadas em freezer – 80° C foram separadas em dois grupos iguais: um, para as análises proteômicas e outro para as análises químicas. As células destinadas às análises proteômicas permaneceram armazenadas, enquanto que as destinadas as análises químicas, foram agrupadas em três repetições para cada período avaliado (6, 12, 24, 48 e 96 h). Posteriormente as células foram liofilizadas, transferidas para tubos do tipo Falcon (15 mL) e

pulverizadas sob N₂ líquido utilizando-se bastão de vidro. As amostras foram pesadas, transferidas para tubos de ensaio (10 mL) e submetidas a extração por ultrassom (3x de 10 min) utilizando-se DCM como solvente extrator, na proporção de 1/10, p/v (1 mL de solvente para cada 100 mg de biomassa). O volume de solvente orgânico em cada extração não ultrapassou 6 mL. Após, os sobrenadantes foram filtrados em filtro de membrana (0,45 µm) e secos em capela de exaustão.

3.5.2 *Clean-up* das amostras para análise por CLAE-DAD

Os extratos das células em suspensão foram solubilizados em MeOH/H₂O (95/05), na concentração de 3 mg/mL. Dessas, 1 mL foi aplicado em cartucho de sílica gel de fase reversa (Chromabond® C₁₈ ec, 3 mL/500 mg), previamente ativado com 5 mL de MeOH e equilibrado com 5 mL de MeOH/H₂O (95/05). Em seguida, as amostras foram eluídas com 3 mL de MeOH/H₂O (95/05) e secas em capela de exaustão.

3.5.3 Quantificação dos TQs por CLAE-DAD

O cromatógrafo utilizado nas análises quantitativas foi um Shimadzu, equipado com sistema binário de bombas LC-20 AT, detector por arranjo de diodos SPD-M20A, degaser DGU- 20A3, injetor automático SIL-20A, forno de coluna CTO-20 e sistema controlador CBM-20A. Os dados foram adquiridos via software LC Solution®. A coluna analítica utilizada foi uma Phenomenex® C18 Luna (250 x 4,6 mm) com partículas de 5 µm.

Um método rápido, eficiente e com alta resolução foi desenvolvido para a análise dos TQs, o qual consistiu na utilização de MeOH (0,1% ác. fórmico) e H₂O (0,1% ác. fórmico) como fase móvel na vazão de 1,2 mL/min e temperatura do forno de coluna de 30° C, conforme descrito na tabela 1.

As amostras pré-tratadas (item 3.5.2) foram ressuspensas em MeOH nas concentrações de 0,5, 1,0 ou 2,0 mg/mL, filtradas em filtro de membrana (0,22 µm) e injetadas no CLAE-DAD. O volume de injeção das amostras foi de 20 µL e os comprimentos de onda das análises foram na faixa de 200 – 600 nm, sendo os cromatogramas plotados em 254 e 420 nm. Os TQs analisados neste experimento foram a maitenina e o 22β-hidroxi-maitenina (únicos detectados nas análises de CLAE).

Tabela 1 - Método de eluição para as análises por CLAE.

Tempo (min)	Porcentagem de B (MeOH)
0,00	83
12,00	83
15,00	100
19,00	100
20,00	83
27,00	83

3.5.4 Curva analítica

Os padrões cromatográficos utilizados nas análises quantitativas foram maitenina e 22 β -hidroximaitenina, ambos previamente isolados e purificados por nosso grupo de pesquisa. Suas identidades foram confirmadas por EM e RMN de ^1H e ^{13}C .

O método utilizado na quantificação foi o de padronização externa, que consistiu na construção de uma curva analítica para cada padrão. Para a construção destas, preparou-se duas soluções estoque, diluindo-se 1 mg de padrão em 1mL de MeOH. A partir destas soluções, foram preparadas seis soluções (2,0, 15, 30, 45, 80 e 115 $\mu\text{g/mL}$) as quais foram injetadas em CLAE em triplicata, seguindo as condições supracitadas.

3.6 Análises proteômicas

O material vegetal utilizado nos experimentos consequentes foram as células de *M. ilicifolia*, reservadas às análises proteômicas (mantidas em freezer – 80° C), cujas análises quantitativas realizadas anteriormente por CLAE-DAD apresentaram maior diferença na concentração dos TQs, entre o material elicitado e não elicitado (células incubadas por 48 h). Estas foram agrupadas em 2 alíquotas: células elicitadas (CEs) e células não elicitadas (células controle, CCs). Cada alíquota foi composta por 9 repetições.

Em alguns experimentos iniciais também foram utilizados calos de *M. ilicifolia*. O objetivo desses foi de investigar a viabilidade, para os fins proteômicos, de materiais vegetais que apresentavam oxidação fenólica. Estudos preliminares realizados anteriormente, indicaram que a oxidação fenólica observada em culturas de *M. ilicifolia* (tanto em calos quanto em células), inviabilizaram a extração de material genético (RNA).

Antes de serem submetidas as extrações proteicas, as células (e calos) frescas e ainda congeladas, foram trituradas/homogeneizadas em liquidificador sob N₂ líquido.

3.6.1 Preparo dos extratos proteicos (proteínas solúveis) dos calos de *Maytenus ilicifolia*

Três amostras de calos de *M. ilicifolia*: calos brancos (CB, calos frescos aparentemente não apresentando oxidação fenólica); calos brancos secos (CBS, calos ligeiramente desidratados em papel filtro aparentemente não apresentando oxidação fenólica) e calos escuros secos (CES, calos ligeiramente desidratados em papel filtro aparentemente apresentando oxidação fenólica), mantidos *in vitro* por 30 dias, foram pesados (2 g) e triturados juntamente com PVPP (polivinilpolipirrolidona, na proporção de 20 % em relação a massa do material vegetal, 0,4 g), sob N₂ líquido utilizando-se gral e pistilo. O material triturado foi imediatamente transferido para um becker de 50 mL contendo 10 mL da solução tampão de extração (pH = 6,8), o qual foi mantido em banho de gelo sob agitação suave por 30 min. O tampão de extração foi composto por: 10 mM de acetato de amônio, 1 mM de EDTA (ácido etilenodiamino tetra-acético), 10 mM de DTT (ditiotretitol) e 1 mM do inibidor de protease fluoreto de fenilmetilsulfonil (PMSF). O extrato foi filtrado em gaze diretamente em um tubo de centrifuga (mantido em banho de gelo) e centrifugado a 4 °C em 10.000 rpm por 10 min. O sobrenadante foi armazenado em banho de gelo enquanto o precipitado foi descartado.

3.6.2 Preparo dos extratos proteicos (proteínas solúveis) das células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*

Os extratos foram preparados utilizando-se tampão acetato de amônio (10 mM, pH 6,7) acrescido de PVPP (20%, p/v), DTT (10 mM), EDTA (1 mM) e coquetel inibidor de protease (1 tablete/100 mL de solução). À solução extratora foi adicionada ao material vegetal (5 mL de solução/g de material vegetal fresco), previamente triturado sob N₂ líquido (gral e pistilo). A suspensão obtida foi agitada suavemente por 15 min em banho de gelo, filtrada em gaze e, posteriormente, centrifugada por 10 min a 13000 g a 4 °C. Uma alíquota do sobrenadante foi submetida ao procedimento de dosagem proteica enquanto outra foi congelada (freezer – 80° C), liofilizada e armazenada freezer – 80° C.

3.6.3 Dosagem proteica dos extratos

A determinação da concentração de proteínas totais nas amostras foi realizada utilizando-se o método de Bradford com poucas modificações.²¹⁶

3.6.3.1 *Preparo do reagente de Bradford*

Para a preparação do reagente de Bradford, dissolveu-se 100 mg de Coomassie Brilliant Blue G-250 em 50 mL de etanol 95% e, em seguida, adicionou-se 100 mL de ácido fosfórico 85%. A solução obtida foi avolumada para 1 L com água Milli-Q, filtrada em papel de filtro e mantida em geladeira.

3.6.3.2 *Construção da curva analítica utilizando albumina bovina*

Em cubetas de poliestireno foram adicionados volumes de 5 a 40 μ L de uma solução-padrão de albumina bovina (Sigma) na concentração de 1 mg/mL. Os volumes das soluções foram completados para 50 μ L quando necessário. Às cubetas, adicionou-se 1 mL de água Milli-Q e 1 mL do reagente de Bradford. Após homogeneização por inversão e transcorridos 5 min de incubação, à temperatura ambiente, as respectivas absorbâncias a 595 nm foram determinadas em espectrofotômetro, utilizando-se água em lugar de solução-padrão para o branco. Cada valor foi determinado em triplicata.

3.6.3.3 *Análise dos extratos*

Em cubetas de poliestireno adicionou-se 50 μ L de cada um dos extratos proteicos, 1 mL de água Milli-Q e 1 mL do reagente de Bradford. Após homogeneização por inversão e transcorridos 5 min de incubação à temperatura ambiente, as respectivas absorbâncias a 595 nm foram determinadas. As análises foram realizadas em triplicata e os valores de concentração de proteínas foram obtidos por interpolação na curva de analítica de albumina bovina construída.

3.6.4 Eletroforese em gel de poliacrilamida SDS-PAGE (monodimensional)

Os extratos proteicos dos calos de *M. ilicifolia* foram analisados por eletroforese monodimensional, para avaliar a qualidade e diversidade de proteínas presentes nos extratos. Para isso, as soluções e reagentes utilizados foram:

a) Tampão de separação (pH 8,8);

TRIS	1,5 M (18,17 g em 100 mL)
HCl	Ajustar pH para 8,8
SDS	0,4 % p/v (0,4 g em 100 mL)

b) Tampão de concentração (pH 6,8);

TRIS	0,5 M
HCl	Ajustar pH para 6,8
SDS	0,4 % p/v

c) Solução de acrilamida-bisacrilamida;

acrilamida	30 % p/v (30 g para 100 mL)
bisacrilamida	0,8 % p/v (0,8 g para 100 mL)

d) Bisacrilamida 2% p/v;

bisacrilamida	2 g para 100 mL
---------------	-----------------

e) Solução tampão de corrida (pH 8,3);

TRIS	3,025 g/L (0,025 M)
glicina	14,4 g/L (0,192M)
SDS	1 g/L

f) *Loading buffer*.

TRIS 1,5 (pH 6,8)	0,83 mL
glicerol	4 mL
SDS	4 mL
EDTA	37,2 mg
azul de bromofenol	0,4 mg
H ₂ O deionizada	completado com 10 mL

3.6.5 Preparo das amostras e dos padrões para a análise de eletroforese

Após a determinação da concentração proteica, as amostras foram submetidas à análise por eletroforese em gel de poliacrilamida. Inicialmente, as frações foram diluídas para uma concentração próxima a 0,1 mg/mL. Posteriormente, 20 µL de cada amostra foi misturada em vórtex com 10 µL de solução tampão de corrida (*loading buffer*) e aquecidas a 100° C durante 5 min. Estas soluções foram então centrifugadas a 9.000 rpm por 30 segundos e aplicadas ao gel. Como padrão foi utilizado 5 µL de uma solução contendo as proteínas descritas na tabela 2. À esta solução foram adicionados 25 µL de H₂O deionizada e 10 µL de *loading buffer*. Os mesmos procedimentos de aquecimento e centrifugação descritos para as amostras foram igualmente realizados para a solução padrão.

O volume de cada aplicação no gel foi de 10 µL para as amostras e de 7,5 µL para os padrões.

Tabela 2 - Padrões proteicos utilizados no experimento de eletroforese e suas respectivas massas moleculares.

Proteína	Massa molecular (kDa)
<i>phosphorylase</i>	97,4
<i>serum albumin</i>	66,2
<i>ovalbumin</i>	45,0
<i>carbonic anhydrase</i>	31,0
<i>trypsin inhibitor</i>	21,5
<i>α-lactalbumin</i>	14,4

3.6.6 Preparo, desenvolvimento e revelação do gel

Foram utilizados dois tipos de géis, o gel de concentração e o gel de separação. Estão indicadas abaixo as proporções dos reagentes que foram utilizados na preparação o gel de separação a 12%.

a) Gel de separação

Reagente	Gel 12 %
Tampão de separação	1,25 mL
Solução acril-bisacrilamida	2 mL

H ₂ O	1,72 mL
PSA (10% p/v)*	50 µL
TEMED	7 µL

*Preparou-se no momento da utilização.

b) Gel de concentração

Reagente	Quantidade
tampão de concentração	375 µL
solução acril-bisacrilamida	150 mL
H ₂ O	770 mL
PSA (10% p/v)*	15 µL
TEMED	2,5 µL

*Preparou-se no momento da utilização.

A cuba utilizada na eletroforese foi Hoefer Mighty Small Dual Gel Caster; Mighty Small SE250/SE260 Mini Unity, Fonte Electrophoresis Power Supply EPS 301.

Cada gel foi montado no suporte e foi adicionado o volume necessário da solução tampão de corrida, sendo então aplicada uma intensidade de corrente de 20 mA até o *loading buffer* atingir o final do gel. Posteriormente, o gel foi retirado da cuba eletroforética e iniciou-se o processo de revelação.

3.6.7 Revelação do gel

O gel foi mergulhado em uma solução de ácido tricloroacético 10% e permaneceu sob agitação por 30 min. Esta solução foi então descartada e sobre o gel adicionou-se água destilada. O gel permaneceu sob agitação em água destilada por 30 min. A solução foi então descartada e adicionou-se uma solução de DTT (5 µg/mL), na qual o gel ficou submerso sob agitação por mais 20 min. Posteriormente, esta solução foi descartada e adicionou-se nitrato de prata 0,1%, a qual foi descartada após 20 min. Em seguida foi adicionada uma solução de carbonato de sódio 3%, a qual continha 0,085% de formaldeído e, após 10-30 segundos, esta solução foi descartada. Esta última etapa foi realizada duas vezes. Após o aparecimento das bandas relativas às proteínas, a reação foi finalizada adicionando-se uma solução de ácido cítrico 2,3

M até não ser mais observado desprendimento de CO₂. Após 1 h, a solução foi novamente descartada e o gel foi lavado com água por três vezes.

3.6.8 Experimentos para as análises em *shotgun*

Os experimentos consequentes foram realizados no Laboratório de Biologia Estrutural e Zooquímica (LBEZ) do Centro de Estudos de Insetos Sociais (CEIS) do Instituto de Biociências da UNESP de Rio Claro-SP, sob a colaboração do Prof^o Dr. Mario Sergio Palma e da doutoranda Nathalia Baptista Dias.

3.6.8.1 Digestão “em-solução” das proteínas para análise em *shotgun*

As frações protéicas (250 µg) foram solubilizadas em 50 µL de bicarbonato de amônio (50 mM, pH 7,9), contendo 7,5 M de uréia, em banho maria à 37 °C durante 1 h e, em seguida, foram reduzidas com DTT (10 mM) por mais 1 h na mesma temperatura. Após este tratamento, as proteínas foram alquiladas com iodoacetamida (IAA) 40 mM à 25 °C, durante 1 h na ausência de luz.

As amostras foram diluídas (5x) com bicarbonato de amônio (100 mM, pH 7,8) e cloreto de cálcio na concentração de 1 mM. *Trypsin* foi adicionada à solução de proteína desnaturada (1/50, p/p, *trypsin*/proteína) durante 18 h a 37° C. A reação foi descontinuada com a adição de 5 µL de ácido fórmico e rapidamente congeladas sob N₂ líquido.

As amostras digeridas foram dessalinizadas utilizando-se uma coluna SEP-PAK C18 Vac Cartridge (Waters, USA), pré-condicionada com ACN e condicionadas com 3 mL de TFA (0.1%). Os peptídeos foram eluídos com 1 mL de ACN/H₂O/TFA (v/v/v/, 80/20/0,1), concentrados (completamente secos) em Speed-Vac e estocados em freezer -80 °C. Os peptídeos tripticos foram solubilizados em ACN (50%) e submetidos à análise em um sistema LC-IT-TOF/EM e EMⁿ.

3.6.8.2 Espectrometria de massas – LCMS-IT-TOF

As análises de EM e EMⁿ foram conduzidas em um sistema híbrido composto por um cromatógrafo UFLC (*Ultra Fast Liquid Chromatography*, Cromatografia Líquida Ultrarrápida) (Prominence) acoplado diretamente (*on line*) ao espectrômetro de massas IT/TOF (Shimadzu, Kyoto, Japan) equipado uma fonte de ionização por electrospray. O sistema UFLC foi

constituído por duas bombas LC20AD, um injetor automático SIL 20 AHT, um detector de arranjo de diodos e um forno de colunas CTO 20A. As análises foram realizadas sob gradiente de ACN (em H₂O) de 5 a 90% (v/v) [contendo 0,05% de TFA (v/v)], por 90 min, utilizando-se uma coluna Shim-pack XR-ODS (100 mm x 3 mm; tamanho de partícula de 2.2 µm; diâmetro de poros de 120 Å) (Shimadzu) a 30°C.

A eluição dos peptídeos tripticos foi monitorada por UV (214 nm) em vazão de 0.2 ml/min. As análises de EM foram realizadas utilizando-se ionização por "electrospray" em modo positivo (ESI⁺) sob as condições: temperatura do CDL ajustada para 200 °C, voltagem dos capilares a 4,5 kV, voltagem no cone a 3,5 V, taxa de vazão do gás nebulizador (N₂) de aproximadamente 1.5 L/h e taxa de vazão do gás secante (N₂) de 100 L/h. Os espectros de massas (EM e EMⁿ) foram adquiridos de modo contínuo em uma faixa de 200 à 4000 m/z. Argônio (Ar) foi utilizado como gás de colisão na pressão de 100 KPa. Os íons formados nos experimentos de EMⁿ foram 50 aprisionados por 50 msec no *ion trap*, utilizando-se energia de colisão de 50% e frequência de 30 kHz.

Os dados foram adquiridos e analisados a partir do software (LCMS solution) (Shimadzu).

3.6.8.3 Detecção das proteínas

Os dados de EM e EMⁿ gerados foram reunidos e submetidos à busca por proteínas restritas à organismos pertencentes à taxonomia *Viridiplantae* (plantas verdes) contra as bases de dados National Center for Biotechnology Information non-redundant protein database, NCBI nr (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>, contendo 2.562.600 sequencias 27 Nov 2014) e Swiss-Prot protein database (<http://www.isb-sib.ch/>, contendo 35.737 sequencias, 27 Nov 2014) utilizando o algoritmo Mascot 2.2.06 (Matrix Science, London, UK, <http://www.matrixscience.com/>).

Os parâmetros de busca foram definidos da seguinte forma: taxonomia *Viridiplantae*, *trypsin* como enzima selecionada, clivagens faltantes = 2; tolerância de massa de peptídeo = 0,5 Da e tolerância de massa de EMⁿ = 0,5 Da. Para modificações dos peptídeos, foram consideradas: carbamidometilação especificada como modificação fixa e oxidação de metionina e triptofano como modificações variáveis. Os valores de *ion score* e *protein score* considerados significantes neste estudo foram os que apresentaram valores ≥ 19 .

3.6.8.4 Análise dos dados, bioinformática e anotação funcional das proteínas

Realizada manualmente

As proteínas identificadas pelo programa Mascot foram funcionalmente anotadas, uma a uma, de acordo com o Gene Ontology (GO), dentro dos termos *biological processes* e *molecular functions*, e de acordo com suas atividades catalíticas a partir do catálogo mundial de proteínas UniProt (Universal Protein Resource, <http://www.uniprot.org/>). Tabelas com todas as proteínas encontradas foram construídas especificando-se: código NCBI ou SwissProt; código de acesso UniProt; nome da proteína; espécie vegetal de origem; *protein score*; sequência (s) do (s) peptídeo (s) encontrado (s) com seu (s) respectivo(s) *ion score*(s) e anotações funcionais.

Realizada pelo software Blast2GO

As proteínas encontradas nas culturas de células de *M. ilicifolia* foram anotadas de acordo com o GO (termos: *biological processes*, *molecular functions* e *cellular components*) e de acordo com suas atividades catalíticas [*Enzyme Commission* (EC)] utilizando-se o software Blast2GO (v 3.0)²¹⁷. Além disso, as proteínas com códigos EC anotados (enzimas) foram mapeadas automaticamente pelo Blast2GO utilizando o Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) Pathway Database (www.genome.jp/kegg/pathway.html). Resumidamente, as sequências das proteínas identificadas pelo Mascot foram baixadas a partir do UniProt (arquivos das sequências completas foram salvos como .fasta) e analisadas via Blast2go utilizando-se parâmetros padrão. Adicionalmente, as vias metabólicas preditas pelo KEGG foram manualmente conferidas com base na literatura.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Multiplicação de células em suspensão e calos *Maytenus ilicifolia* e controle da oxidação fenólica

Assim como a escolha do material vegetal de partida, o acúmulo de biomassa é um dos estágios primordiais para o cultivo *in vitro* de células ou órgãos de plantas com vistas à biossíntese metabólitos secundários. Essencialmente, essa etapa que engloba crescimento e multiplicação celular deve ser tratada antes do acúmulo de metabólitos.²¹⁸

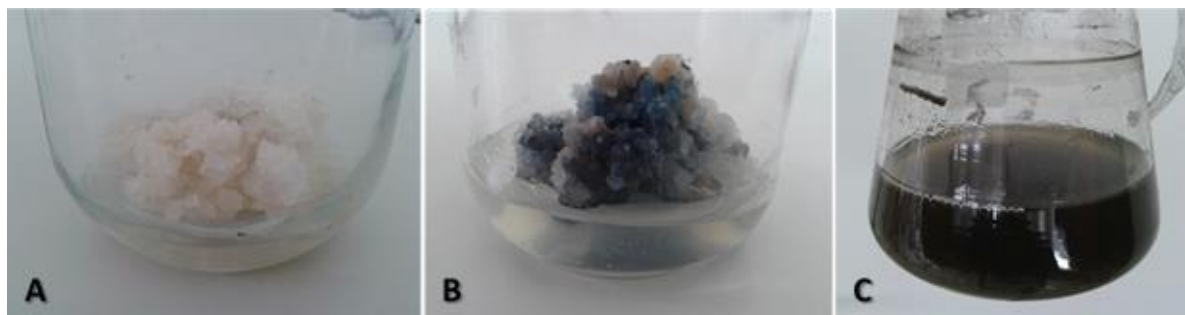
No presente trabalho, tanto as células em suspensão quanto os calos de *M. ilicifolia* cultivados *in vitro* foram multiplicados com sucesso, apresentaram baixas taxas de contaminação e acumulado biomassa dentro do esperado. No entanto, ambos materiais *in vitro* apresentaram oxidação fenólica.

A oxidação fenólica é um problema frequentemente encontrado durante o isolamento e cultivo de tecidos vegetais *in vitro* e ocorre devido à ação da enzima *polyphenol oxidase* com a função de cicatrizar o tecido lesionado. Além disso, esta enzima tem sua atividade estimulada pela presença de luz e está diretamente relacionada a fatores como genótipo, tipo e idade do explante²¹⁹. Os produtos da oxidação são tóxicos ao resto do vegetal e se difundem no meio de cultura, escurecendo-o. Desta maneira, é recomendado para várias espécies manter os explantes no escuro, bem como manipular o material na ausência de luz. Além disso, recomenda-se a utilização de substâncias antioxidantes como ácido ascórbico, ácido cítrico, polivinilpirrolidona (PVP), carvão ativado, entre outros, no meio de cultivo²²⁰⁻²²²

Com relação à oxidação fenólica presente nas culturas de *M. Ilcifolia*, tanto a utilização dos antioxidantes PVP, floroglucinol e ácido ascórbico no meio de cultura quanto a manutenção dos mesmos no escuro, foi ineficiente no controle da oxidação (Figura 17).

Apesar das oxidações fenólicas presentes nas culturas de *M. ilicifolia* não terem sido totalmente controladas, os experimentos posteriores realizados com esse material *in vitro* (estudos químicos e proteicos) puderam ser realizados com sucesso.

Figura 17 - Calos e células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* cultivados *in vitro*.



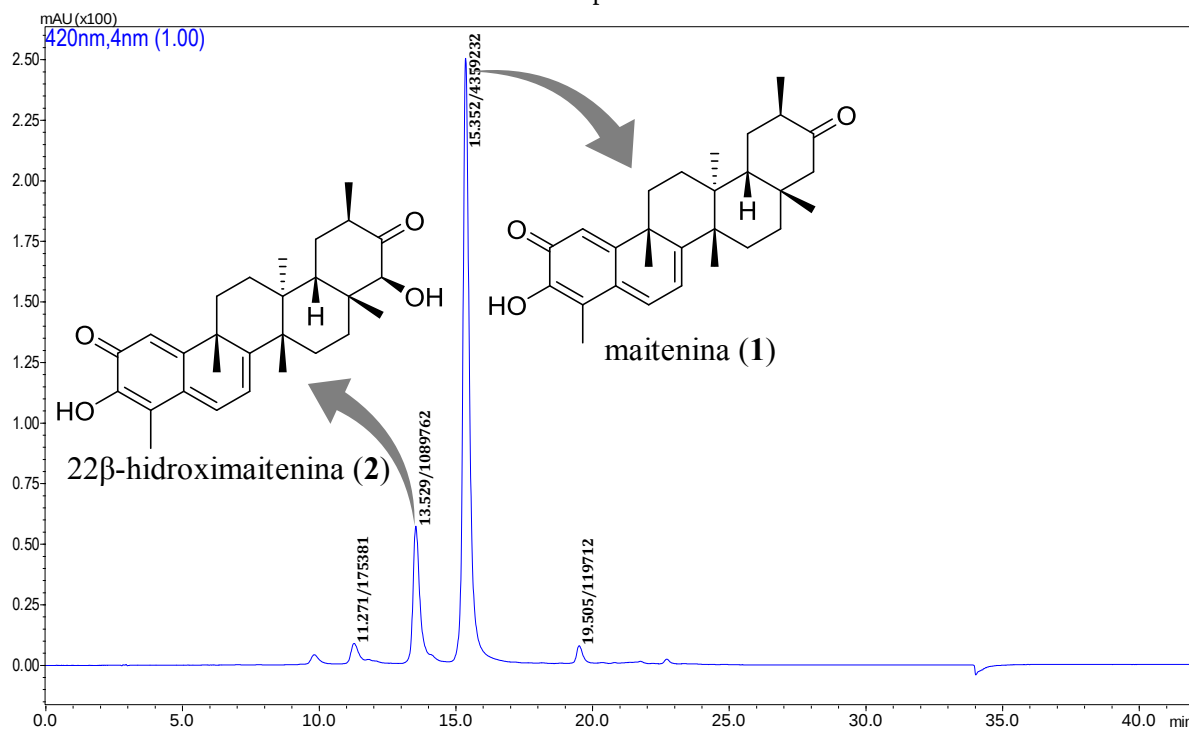
Fonte: Autor.

(A) Calos não apresentando oxidação fenólica; (B) Calos apresentando oxidação fenólica; (C) células em suspensão apresentando oxidação fenólica.

4.2 Análises por CLAE-DAD dos TQs biossintetizados pelas células de *Maytenus ilicifolia*

As análises por CLAE das células de *M. ilicifolia*, juntamente com padrões cromatográficos previamente isolados pelo nosso grupo, possibilitaram evidenciar que as mesmas produziram os TQs maitenina (1) e 22 β -hidroximaitenina (2) (Figura 18).

Figura 18 - Cromatograma de um extrato diclorometânico de células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* obtido por CLAE.

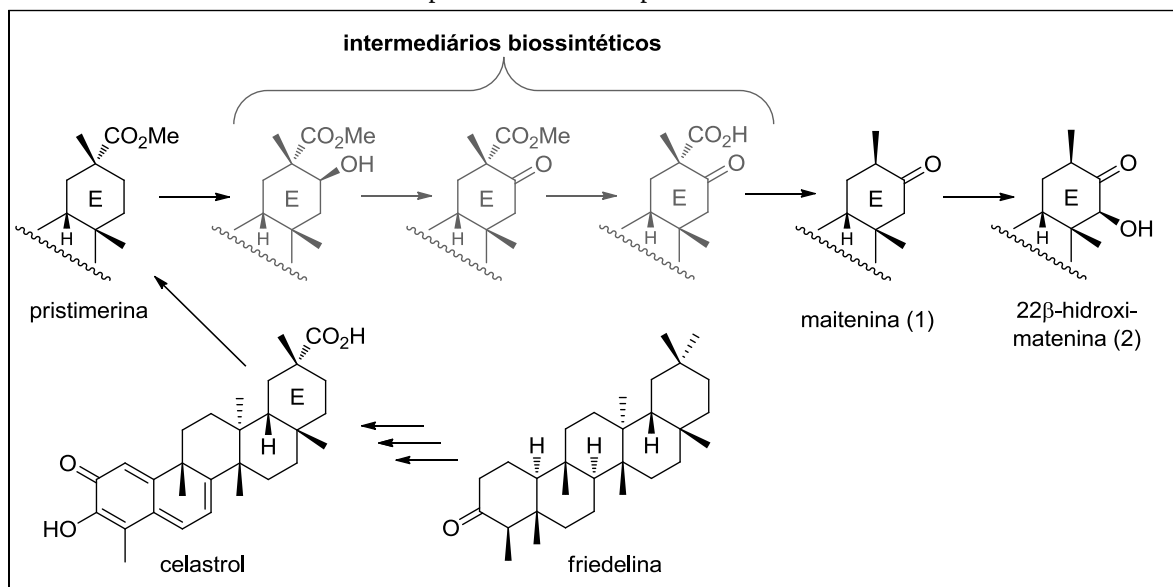


Fonte: Autor.

A produção de metabólitos secundários a partir de calos e células de *M. ilicifolia* têm sido investigada desde 1993, quando esses tecidos foram obtidos *in vitro*²²³. Em se tratando de TQs, estudos conduzidos por nosso grupo de pesquisa demonstraram que esses tecidos biossintetizam/acumulam invariavelmente, do ponto de vista qualitativo, os triterpenos quinonametídeos (1) e (2). Esse padrão difere daquele encontrado em plantas *in natura* da espécie que, como citado anteriormente, produzem, além de (1) e (2), os TQs celastrol, pristimerina, 20 α -hidroximatenina, netzahualcoieno (Figura 10, p. 33). Esse padrão se repete para outra espécie da família Celastraceae, *Peritassa campestris*, a qual *in natura* demonstra acumular vários TQs²², enquanto que em sistemas *in vitro* (raízes adventícias) acumula também os TQs (1) e (2)^{29,224}.

Essa diferença pode ser baseada no fato de que algumas espécies vegetais podem produzir diferentes metabólitos secundários em sistemas de cultivo variados, tais como *in natura* e *in vitro*, devido às condições ambientais que as mesmas são expostas, entre outros²²⁵. Entretanto, em um trabalho realizado recentemente (2014)⁴⁵ por nosso grupo com células em suspensão da espécie alvo deste trabalho, *M. ilicifolia*, verificou-se o acúmulo dos TQs (1) e (2), mas também de traços dos TQs celastrol e pristimerina.

Figura 19 - Proposta biossintética das etapas finais da biossíntese de maitenina (1) e 22 β -hidroximaitenina (2) a partir de celastrol e pristimerina.



Fonte: Adaptado de Gunatilaka⁸⁰ (1996, p. 204).

O fato de apenas quantidades ínfimas de celastrol e pristimerina terem sido detectadas nas células de *M. ilicifolia* corrobora com a hipótese de que os mesmos são os precursores biossintéticos dos produtos finais da via dos quinonametídeos, (1) e (2) (Figura 19). Ou seja,

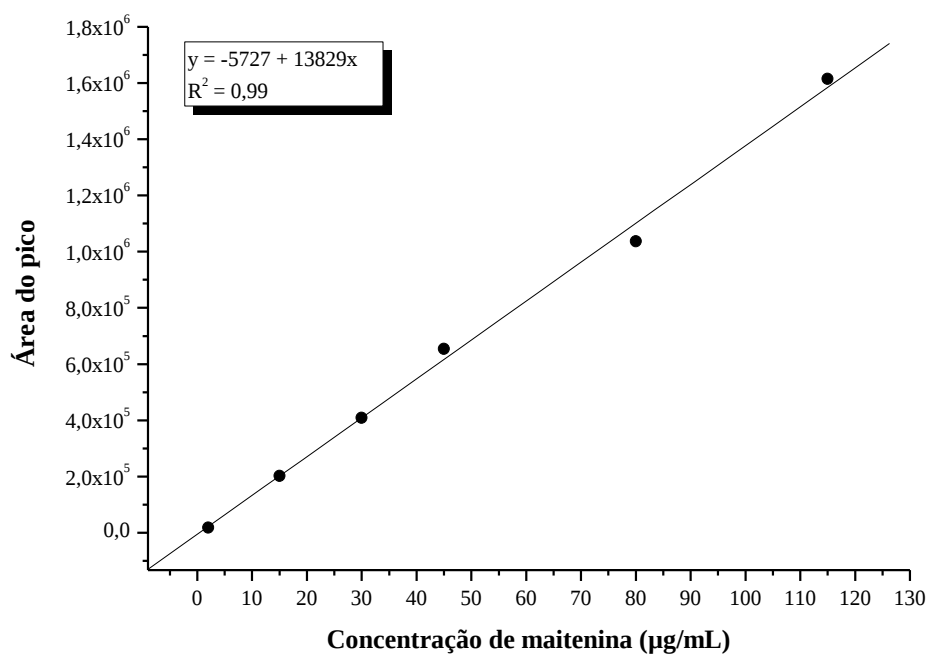
no presente estudo, provavelmente o celastrol e a pristimerina foram biossintetizados pelas células e imediatamente transformados em (1) e (2) pelo sistema enzimático peculiar à espécie/família.

4.2.1 Análises quantitativas dos TQs das células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas e não elicitadas com MeJA realizadas por CLAE-DAD

Para a quantificação dos TQs produzidos pelas culturas de *M. ilicifolia*, os dados obtidos pela construção da curva analítica dos padrões (1) (Figura 20) e (2) (Figura 21) resultaram, respectivamente, nas equações de regressão $y = -5727 + 13829x$ ($R = 0,998$) e $y = -40532 + 9664x$ ($R = 0,998$). Os coeficientes de correlação obtidos indicam uma boa linearidade do método, tendo em vista que o INMETRO recomenda valores acima de 0,90²²⁶ e a ANVISA de 0,99²²⁷. A partir da construção de uma curva analítica é possível estimar os coeficientes de regressão **a** (coeficiente angular) e **b** (coeficiente linear) e de correlação **r**, utilizando o método de regressão linear^{228,229}. O parâmetro **r** é o que permite a estimativa da qualidade da curva construída, pois, quanto mais próximo de 1,0 for esse valor, menor será a dispersão do conjunto de pontos experimentais e maior a certeza dos coeficientes de regressão estimados.²³⁰

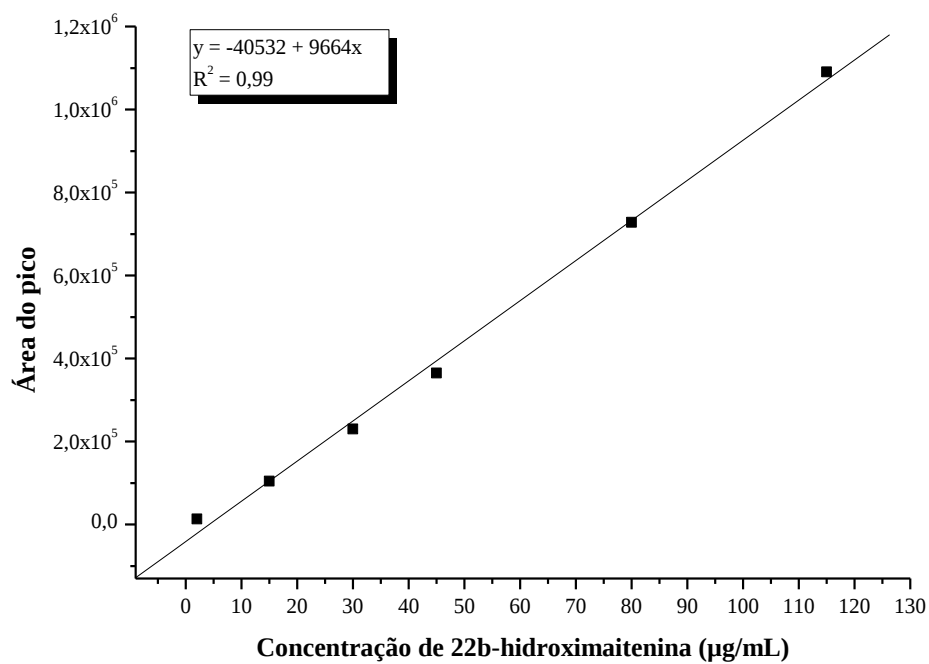
As células de *M. ilicifolia* cultivadas *in vitro* produziram os TQs (1) e (2) em concentrações variadas no decorrer de todos períodos de incubação avaliados (0, 6, 12, 24, 48 e 96 h) (Tabela 3 e Figura 22), tanto no material elicitado com MeJA (100 µM), quanto no não elicitado.

Figura 20 - Curva analítica com padronização externa na faixa de 2,00 a 115 µg/mL para a maitenina (1).



Fonte: Elaborada pelo autor.

Figura 21 - Curva analítica com padronização externa na faixa de 2,00 a 115 µg/mL para o 22β-hidroxi-maitenina (2).



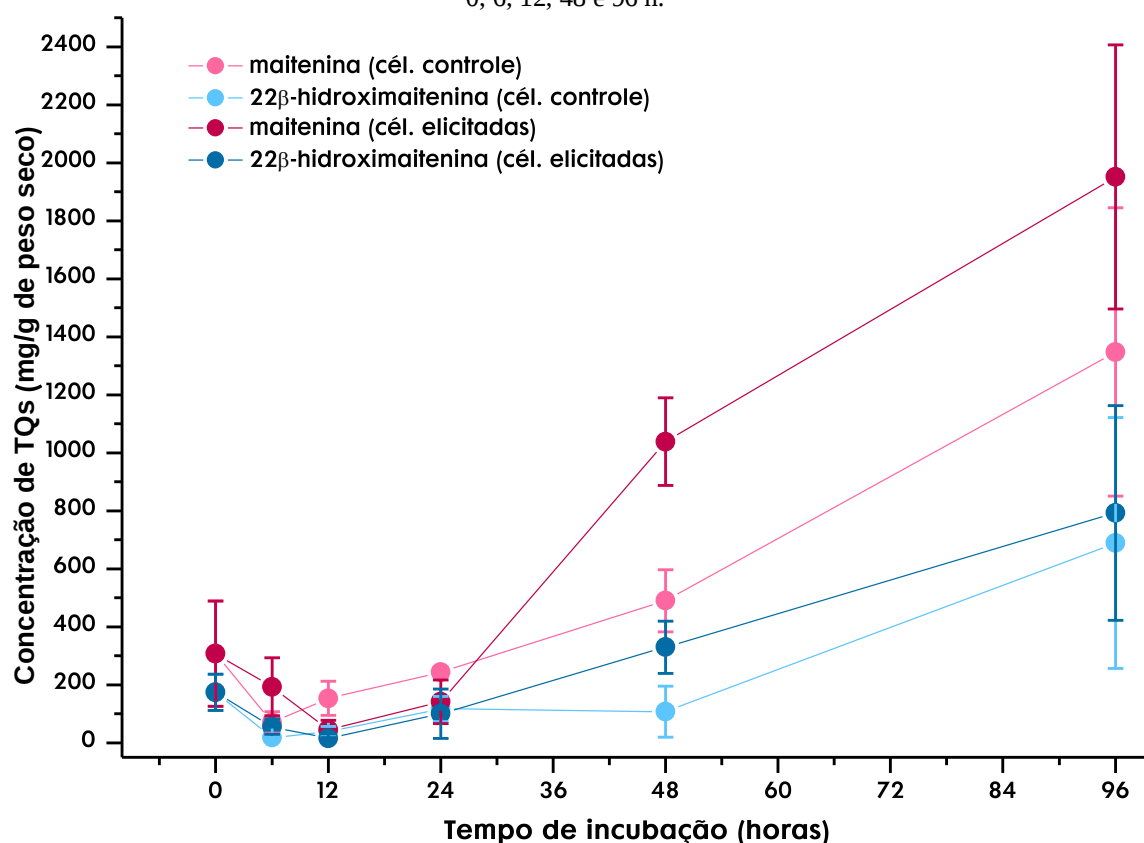
Fonte: Elaborada pelo autor.

Tabela 3 - Teor dos triterpenos quinonametídeos maitenina (1) e 22 β -hidroximaitenina (2) nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*, elicitadas e não elicitadas com 100 μ M de MeJa, incubadas por 0, 6, 12, 48 e 96 h.

Tempo de incubação (h)	Células não elicitadas (controle)		Células elicitadas com 100 μ M de MeJa	
	maitenina (1) (μ g/g PS*)	22 β -hidroximaitenina(2) (μ g/g PS)	maitenina (1) (μ g/g PS)	22 β -hidroximaitenina(2) (μ g/g PS)
0	307,4 $\pm$ 182,1	173,7 $\pm$ 62,5	307,4 $\pm$ 182,1	173,7 $\pm$ 62,5
6	70,7 $\pm$ 36,6	17,3 $\pm$ 5,5	193,0 $\pm$ 99,9	55,5 $\pm$ 25,7
12	152,9 $\pm$ 58,8	38,4 $\pm$ 17,8	45,5 $\pm$ 32,4	14,6 $\pm$ 3,3
24	243,3 $\pm$ 15,2	116,9 $\pm$ 43,0	141,6 $\pm$ 75,2	100,4 $\pm$ 85,1
48	489,6 $\pm$ 107,2	107,2 $\pm$ 87,6	1038,2 $\pm$ 151,1	329,6 $\pm$ 90,4
96	1347,3 $\pm$ 497,0	688,6 $\pm$ 432,6	1951,5 $\pm$ 455,3	792,6 $\pm$ 370,4

* Peso seco das células

Figura 22 - Gráfico do teor dos triterpenos quinonametídeos maitenina (1) e 22 β -hidroximaitenina (2) nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*, elicitadas e não elicitadas com 100 μ M de MeJa, incubadas por 0, 6, 12, 48 e 96 h.



Fonte: Elaborada pelo autor.

O ponto de maior diferença de acúmulo entre as células tratadas e não tratadas com MeJA ocorreu após 48 h de incubação para ambos triterpenos. As concentrações de maitenina

e 22 β -hidroximaitenina nas células tratadas foram, respectivamente, 2,12 e 3,07 vezes maior que nas células controle neste mesmo ponto.

Entretanto, dentre os períodos analisados, o pico de produção de ambos TQs foi alcançado pelas células de *M. ilicifolia* (elicitadas e controle), somente após 96 h de incubação. Em experimento similar realizados com células em suspensão da mesma espécie, tratadas com MeJA nas concentrações de 50, 100 e 200 μ M por 12, 24, 48, 96 e 192 h, foi observado que a produção máxima tanto de 22 β -hidroximaitenina quanto de maitenina ocorreu 48 h após a elicitação com e 100 μ M de MeJA. A autora do trabalho verificou que a concentração dos dois metabólitos em questão, praticamente dobrou nas células elicítadas em comparação com as células controle no mesmo período.²³¹

Tendo em vista que o objetivo central deste trabalho foi investigar as modificações ocorridas nos proteomas das células de *M. ilicifolia* com maiores e menores de níveis de acúmulo de TQs, pressupôs-se que, dentre os pontos analisados, as células elicítadas por 48 h (CEs), junto com seu respectivo controle (CCs), seriam os materiais vegetais mais adequados para a realização das análises proteômicas.

4.3 Análises proteicas

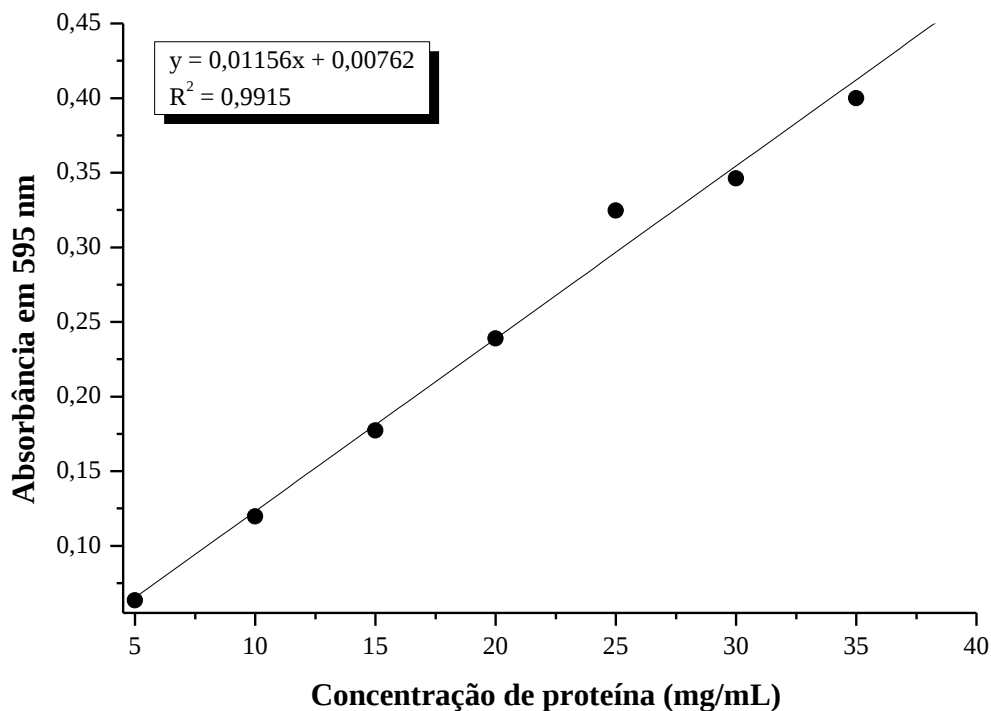
4.3.1 Dosagem proteica dos extratos

Para a dosagem das proteínas nos extratos, os dados obtidos pela construção da curva analítica, a partir do padrão albumina bovina (Figura 23), resultou na equação de regressão $y = 0,0116 X + 0,0076$ ($R^2 = 0,9927$). Os coeficientes de correlação obtidos indicam uma boa linearidade e estão dentro dos parâmetros recomendados.^{226,227}

As concentrações de proteínas presentes nas amostras analisadas pelo método de Bradford foram: calos escuros secos (CES) = 0,242 mg/mL; calos brancos secos (CBS) = 0,224 mg/mL; calos brancos (CB) = 0,103 mg/mL; células elicítadas (CEs) = 0,378 mg/mL e células não elicítadas (CCs) = 0,288 mg/mL.

Os resultados de dosagem dos extratos proteicos dos calos de *M. ilicifolia* indicam, inicialmente, que a oxidação fenólica não interfere na quantidade de proteínas produzidas, tendo em vista que CES e CBS produziram proteínas em concentrações muito semelhantes. Este fato demonstra que o estudo proteico proposto no projeto em questão pode ser realizado tanto com células vegetais oxidadas ou não.

Figura 23 - Curva analítica construída com valores de concentração de albumina bovina versus absorvância.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Já a desidratação superficial, previamente realizada com os calos, indicou uma diferença de concentração duas vezes superior encontrada nos calos “frescos”, tanto os oxidados quanto os não oxidados.

Em relação às células em suspensão (CEs e CCs), verificou-se um aumento no acúmulo de proteínas, principalmente nas células tratadas com MeJA (CEs), as quais a concentração foi 1,31 vezes maior que em células não elicidadas (CCs).

4.3.2 Análise do perfil proteico em gel de poliacrilamida SDS-PAGE (monodimensional)

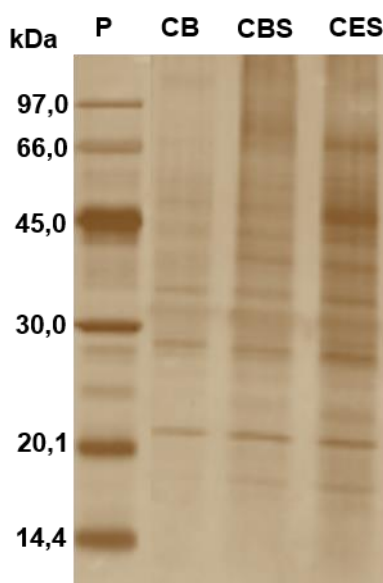
Experimentos de extração de material genético (RNA) realizados com células e calos de *Maytenus ilicifolia* com oxidação não controlada foram malsucedidos (dados não mostrados). No entanto, a partir dos resultados obtidos nesse experimento, foi possível verificar a viabilidade dessas mesmas culturas (apresentando, ou não, oxidações fenólicas) para os estudos proteômicos propostos.

O método utilizado para extração das proteínas dos calos de *M. ilicifolia* mostrou-se eficiente. O perfil eletroforético dos extratos apresentou bandas referentes a proteínas “íntegras” que variaram entre 14,4 e 97,0 kDa (Figura 24). Qualitativamente, os três conjuntos de proteínas

avaliados, referentes aos CB, CBS e CES, apresentaram-se muito semelhantes em relação ao número de bandas majoritárias, porém, às intensidades das bandas em $\approx 45,0$ e $66,0$ kDa foram maiores para os CES.

Apesar deste experimento ter gerado, no primeiro momento, poucas informações, elas foram suficientes para subsidiar a realização de todos os experimentos posteriores.

Figura 24 - Perfil eletroforético dos extratos proteicos de *M. Illicifolia*.



Fonte: Autor.

(P) proteínas padrão; (CB) calos brancos; (CBS) calos brancos secos; (CES) calos escuros secos.

4.4 Identificação das proteínas por espectrometria de massas

O perfil proteômico das culturas de células em suspensão de *M. ilicifolia* foi modificado consideravelmente após a elicitação com $100 \mu\text{M}$ de MeJA. Plantas submetidas à condições de estresse, como quando expostas à elicitores como o MeJA, induzem a ativação de mecanismos de resposta ao estresse que provocam profundas reorganizações de proteomas vegetais²³². Utilizando o algoritmo do programa Mascot, na busca por proteínas pertencentes à taxonomia *Viridiplantae* (plantas verdes), nos bancos de dados NCBI e Swiss-Prot, foram identificadas um total de 1351 proteínas diferentes nas células de *Maytenus ilicifolia*. Destas, 738 foram identificadas nas CCs e 639 nas CEs. 26 proteínas foram igualmente identificadas nas duas amostras (APÊNDICE A, tabelas A1 e A2). Mesmo com a grande diferença encontrada nas identidades das proteínas das células após a elicitação com MeJA, os processos biológicos das proteínas apresentaram-se muito semelhantes nos dois sistemas de cultivo.

4.4.1 Anotação funcional das proteínas realizadas manualmente

Das 1351 proteínas detectadas em *M. ilicifolia* (APÊNDICE A, Tabelas A1 e A2) e anotadas manualmente a partir do catálogo universal de proteínas UniProt, 613 (45,37%) apresentaram anotações funcionais referentes à função molecular, processo biológico e/ou atividade catalítica, enquanto 738 (54,63%) não apresentaram qualquer registro de anotação no UniProt. A tabela 4 mostra o número de anotações funcionais referentes à: função molecular, processo biológico e atividade catalítica das CCs e CEs, além do número de proteínas que não apresentaram qualquer registro de termos GO no UniProt.

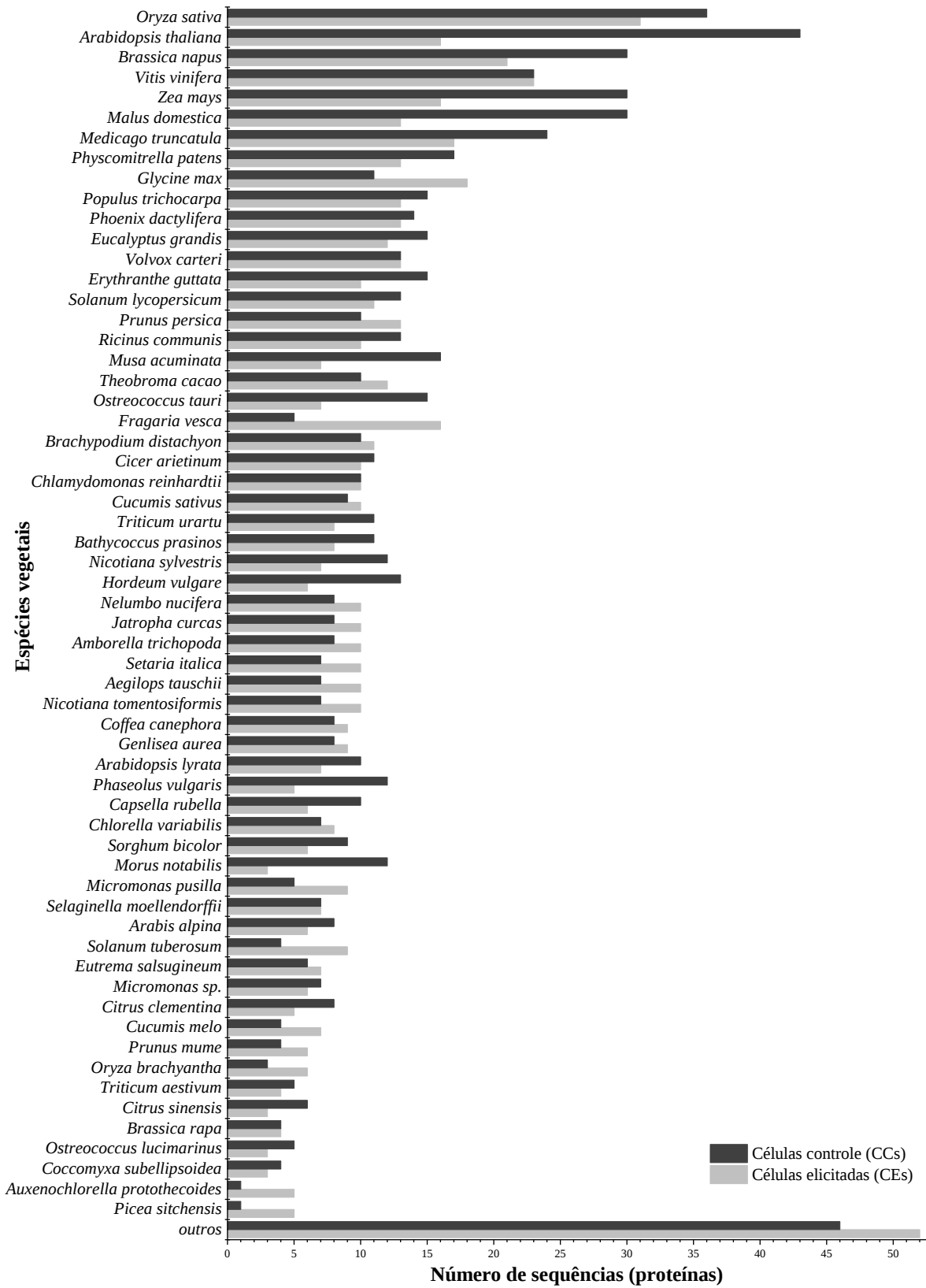
Tabela 4 - Anotações funcionais realizadas a partir do UniProt referentes à função molecular (FM, *molecular function*), processo biológico (PB, *biological processes*) e atividade catalítica (AC) das proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) e não elicitadas (células controle, CCs) por 48 h.

Células de <i>M. ilicifolia</i>	Função molecular	Processo biológico	Atividade catalítica	Nº de proteínas anotadas	Nº de proteínas s/ anotações
CCs	309	173	32	513	401
CEs	269	164	38	471	343

4.4.2 Identificação e anotação funcional das proteínas realizadas com o Blast2GO (B2G)

As análises *in silico* iniciais das 1351 sequências de aminoácidos (.fasta) (das CCs e CEs) realizadas pelo B2G, culminaram na detecção de sequências ambíguas. Estas, por sua vez, foram removidas utilizando a opção disponível pelo próprio software, resultando em um total de 1345 sequências não ambíguas. Deste montante, 735 e 635 foram atribuídas às CCs e CEs, respectivamente. Assim como na classificação manual, 26 sequências foram identificadas em ambas culturas de células.

Figura 25 - Origem taxonômica das proteínas identificadas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas e não elicitadas (células controle) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, nas espécies vegetais modelo. Gráfico construído a partir dos dados gerados do pelo Blast2GO.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Como o banco de dados para organismos pertencentes à taxonomia *Viridiplantae* (plantas verdes, *green plants*) foi utilizado, as proteínas foram identificadas a partir de diferentes plantas (Figura 25). As espécies vegetais com maior número de proteínas detectadas foram: *Arabidopsis thaliana* (43), *Oryza sativa* (36) e *Zea mays* (30) para as CCs, enquanto que para as CEs, foram: *Oryza sativa* (31), *Vitis vinifera* (23) e *Brassica napus* (21), todas plantas amplamente utilizadas como modelo para os mais diversificados estudos, principalmente para os que empregam as técnicas “ômicas”.

As informações das anotações das proteínas, incluindo sua localização, são imperativas na elucidação de suas funções moleculares e biológicas²³³. As anotações funcionais das proteínas de *M. ilicifolia*, realizadas com o B2G seguindo o *workflow*: 1) Run Blast; 2) Run Mapping; 3) Run Annotation; 4) Validate Annotation; 5) Run InterProScan; 6) Merge InterProScan GOs to Annotation; 7) Run GO-Slim (Online); 8) Run GO-EnzymeCode Mapping e 9) Load Pathway Maps from KEGG (Online), resultaram em 70,48% de anotações (518 com anotações GO-Slim) das sequências das CCs e 70,87% (450 com anotações GO-Slim) das sequências das CEs. As sequências restantes, 217 (29,52%) das CCs e 185 (29,13%) das CEs, não foram encontradas nas bases de dados de anotações funcionais incluídas no B2G.

Muitas anotações funcionais podem ser atribuídas a uma única proteína. A “sulfite reductase” (APÊNDICE A, Tabela A2, nº 801), por exemplo, encontrada nas CEs, possui 21 anotações funcionais. As anotações realizadas pelo B2G consistem, basicamente, em associar as sequências das proteínas às ontologias criadas pelo GO. As ontologias têm por objetivo a padronização da representação das proteínas para todos os sistemas biológicos, subdividindo-os em três categorias: *Biological process*, a qual refere-se à atividade biológica com a qual proteína contribui; *Molecular function*, referente a atividade bioquímica da proteína e *Cellular component*, local da célula onde a proteína é ativa²³⁴. No total, foram anotados 1849 termos GO associados às proteínas das CCs (das 518 anotadas) e 1367 às proteínas das CEs (das 450 anotadas).

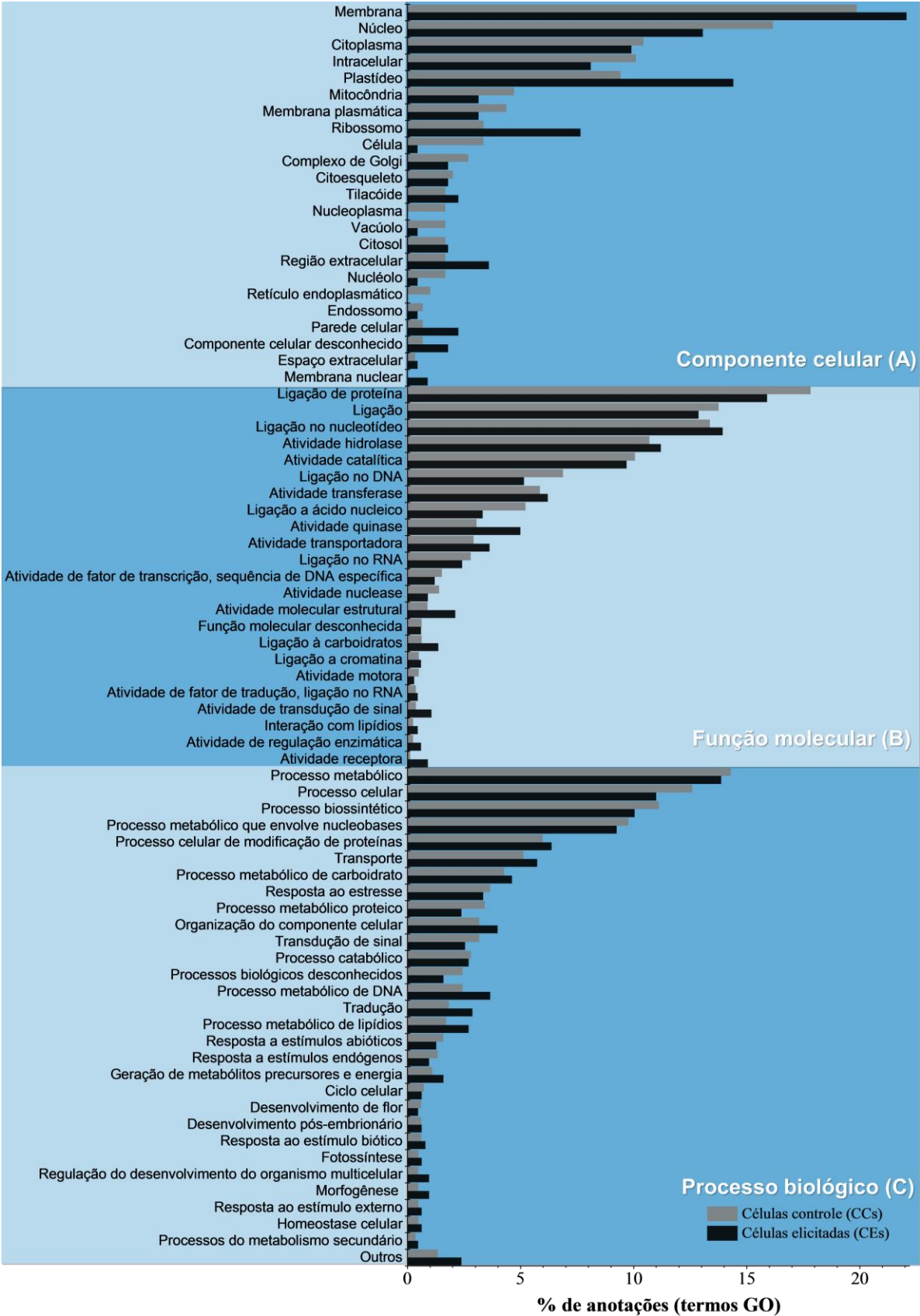
Com relação a predição subcelular das proteínas (*cellular componente*) das culturas de *M. ilicifolia* realizadas com o B2G, a maioria foi localizada na membrana (19,9% nas CCs e 22,0% nas CEs), seguido pelo núcleo (16,2% nas CCs e 13,1% nas CEs), citoplasma (10,4% nas CCs e 9,9% nas CEs), plastídio (9,4% nas CCs e 14,5% nas CEs), intracelular (10,1% nas CCs e 8,1% nas CEs), mitocôndria (4,7% nas CCs e 3,1% nas CEs) e membrana plasmática (4,4% nas CCs e 3,1% nas CEs) (Figura 26 A).

As proteínas com função molecular (*molecular function*) tiveram o maior número de termos GO relacionadas à proteína de ligação (17,8% nas CCs e 15,9% nas CEs), seguido por

ligação (13,8% nas CCs e 1,9% nas CEs), ligação de nucleotídeos (13,4% nas CCs e 13,9% nas CEs), atividade hidrolase (10,7% nas CCs e 11,2% nas CEs), atividade catalítica (10,1% nas CCs e 9,7% nas CEs), ligação de DNA (6,9% nas CCs e 5,1% nas CEs) e atividade transferase (5,8% nas CCs e 5,1% nas CEs) (Figura 26 B).

Em relação ao processo biológico (*biological process*), a maioria das proteínas de ambas as culturas de células (CCs e CEs) foram associados com o processo metabólico (14,3% nas CCs e 13,9% nas CEs), seguido por processo celular (12,6% nas CCs e 11,0% nas CEs), processos biossintéticos (11,1% nas CCs e 10,0% nas CEs), processo metabólico que envolve nucleobases (9,8% nas CCs e 9,3% nas CEs), processo celular de modificação de proteínas (6,0% nas CCs e 6,4% nas CEs), transporte (5,1% nas CCs e 5,7% nas CEs), metabolismo de carboidratos (4,3% nas CCs e 4,6% nas CEs) e resposta ao estresse (3,7% nas CCs e 3,3% nas CEs) (Figura 26 C).

Figura 26 - Classificação funcional das proteínas das células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas e elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As proteínas foram categorizadas de acordo com seus termos GO (*Gene Ontology*) utilizando o Blast2GO.



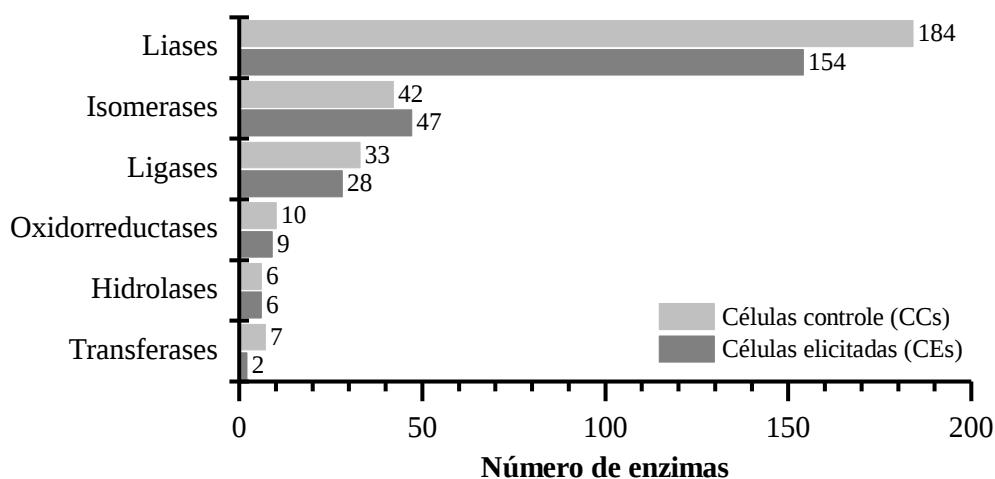
Fonte: Elaborada pelo autor.

4.4.3 Classificação das enzimas realizadas com o Blast2GO (B2G)

Segundo *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB), as enzimas, de acordo com o tipo de reação que catalisam, são classificadas em seis grandes classes: oxidorreductases (EC 1); transferases (EC 2); hidrolases (EC 3); liases (EC 4); isomerases (EC 5) e ligases (EC 6), que, por sua vez, são divididas em outras subclasses. De acordo com suas atividades, as enzimas recebem um número de classificação conhecido por número EC (*Enzyme Commission number*) que é composto por 4 números, separados por pontos, referentes a: 1) classe; 2) subclasse; 3) grupos químicos específicos que participam da reação e 4) nome recomendado para a referida enzima.²³⁵

Pela classificação realizada das proteínas detectadas nas CCs, a partir do B2G, 282 são enzimas, enquanto que para as proteínas das CEs, 246 possuem alguma atividade enzimática. As anotações relacionadas as seis classes das enzimas identificadas nas CCs e CEs, realizadas pelo B2G, estão na figura 27. Em ambos os sistemas de cultivo, as enzimas mais frequentes foram as hidrolases (184 nas CCs e 154 nas CEs), seguida das transferases, oxidorreductases, liases, ligases e isomerases.

Figura 27 - Classificação geral das enzimas das células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas e elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.



Fonte: Elaborada pelo autor.

4.4.3.1 Oxidorredutases (EC 1.x.x)

As oxidorredutases são enzimas responsáveis pela transferência de hidrogênio, oxigênio ou elétrons de um doador para um aceptor, as quais catalisam reações de oxirreduções²³⁶. Esse grupo de enzimas divide-se em 24 subcategorias mais amplas: EC 1.1 à EC 1.23 e EC 1.97, as quais incluem outros tipos de oxidorredutases²³⁷. Nas células de *M. ilicifolia* cultivadas *in vitro* foram encontradas enzimas do subgrupo EC 1.1 (álcool oxidorredutases), as quais atuam no grupo CH-OH de doadores (9 nas CCs e 3 nas CEs); EC 1.2, que atuam no grupo aldeído ou oxo (cetona) dos doadores (2 nas CCs); EC 1.4, que atuam no grupo CH-NH₂ dos doadores (aminoácido oxidorredutases e monoamina oxidases) (3 nas CCs e 1 nas CEs); EC 1.6, que atuam no NADH ou NADPH (3 nas CCs e 6 nas CEs); EC 1.8, que atuam em grupos sulfurados dos doadores (2 nas CEs); EC 1.10, que atuam em difenóis e compostos similares como doadores (2 nas CCs); EC 1.11, que atuam no peróxido como aceitador (peroxidases) (8 nas CCs e 2 nas CEs); EC 1.13, que atuam em doadores únicos com incorporação de oxigênio molecular (oxigenases) (1 nas CCs); e EC 1.14, que atuam em doadores pareados com incorporação de oxigênio molecular (5 nas CsC e 14 nas CEs) (Tabela 5).

Tabela 5 - Subclasses das enzimas oxidorredutases encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)- Subclasse	Número de enzimas	
	Células controle (CCs)	Células elicitadas (CEs)
EC 1.1.- atuam no grupo CH-OH de doadores	9	3
EC 1.2.- atuam no grupo aldeído ou oxo dos doadores	2	-
EC 1.4.- atuam no grupo CH-NH ₂ dos doadores	3	1
EC 1.6.- atuam no NADH ou NADPH	3	6
EC 1.8.- atuam em grupos sulfurados dos doadores	-	2
EC 1.10.- atuam em difenóis e compostos similares como doadores	2	-
EC 1.11.- atuam no peróxido como aceitador (peroxidases)	8	2
EC 1.13.- atuam em doadores únicos com incorporação de oxigênio molecular (oxigenases)	1	-
EC 1.14.- atuam em doadores pareados com incorporação de oxigênio molecular	5	14

4.4.3.2 Transferases (EC 2.x.x)

As transferases são enzimas que catalisam reações de transferência de grupos funcionais²³⁶, que são subdivididas em 10 subcategorias mais amplas (EC 2.1 à EC 2.10)²³⁷. Nas células de *M. ilicifolia* em suspensão foram encontradas enzimas do subgrupo EC 2.1, as quais transferem grupos de um carbono (2 nas CCs e 4 nas CEs); EC 2.2, que transferem grupos aldeído ou cetona (1 nas CEs); EC 2.3, que são aciltransferases (5 nas CCs e 1 nas CEs); EC 2.4, que são glicosiltransferases (17 nas CCs e 12 nas CEs); EC 2.5, que transferem grupos alquil ou aril, exceto grupos metil (2 nas CCs e 4 nas CEs); EC 2.6, que transferem grupos nitrogenados (1 nas CCs); e EC 2.7, que transferem grupos que contenham fósforo (15 nas CCs e 25 nas CEs) (Tabela 6).

Tabela 6 - Subclasses das enzimas transferases encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)-Subclasse	Número de enzimas	
	Células controle (CCs)	Células elicitadas (CEs)
EC 2.1.- Transferem grupos de um carbono	2	4
EC 2.2.- Transferem grupos aldeído ou cetona	-	1
EC 2.3.- Aciltransferases	5	1
EC 2.4.- Glicosiltransferases	17	12
EC 2.5.- Transferem grupos alquil ou aril, excluindo grupos metil	2	4
EC 2.6.- Transferem grupos nitrogenados	1	-
EC 2.7.- Transferem grupos que contenham fósforo	15	25

4.4.3.3 Hidrolases (EC 3.x.x)

Hidrolases são enzimas que catalisam reações de hidrólise de várias ligações covalentes²³⁶. As hidrolases são divididas em 13 subcategorias mais amplas (EC 3.1 à EC 3.13)²³⁷. Nas culturas de *M. ilicifolia* foram encontradas enzimas do subgrupo EC 3.1, as quais atuam em ligações éster (64 nas CCs e 48 nas CEs); EC 3.2, que são glicosilases (11 nas CCs e 16 nas CEs); EC 3.4, que atuam em ligações peptídicas (peptidases) (18 nas CCs e 13 nas CEs); EC 3.5, que atuam em ligações nitrogênio-carbono (em ligações não peptídicas) (3 nas CCs e 2 nas CEs); e EC 3.6, que atuam em anidridos ácidos (88 nas CCs e 75 nas CEs) (Tabela 7).

Tabela 7 - Subclasses das enzimas hidrolases encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)- Subclasse	Número de enzimas	
	Células controle (CCs)	Células elicitadas (CEs)
EC 3.1.- Atuam em ligações éster	64	48
EC 3.2.- Glicosilases	11	16
EC 3.4.- Atuam em ligações peptídicas (Peptidases)	18	13
EC 3.5.- Atuam em ligações nitrogênio-carbono (ligações não peptídicas)	3	2
EC 3.6.- Atuam em anidridos ácidos.	88	75

4.4.3.4 Liases (EC 4.x.x)

Liase é uma enzima que catalisa a quebra de uma ligação π , por meio de uma reação de eliminação [não hidrolítica (substituição) ou oxidativa], para formar uma nova ligação dupla ou uma nova estrutura cíclica. Este grupo de enzimas também é capaz de catalisar essas reações de modo inverso (adição de Michael)²³⁸. A classe das liases é composta por oito subcategorias (EC 4.1 a EC 4.7 e EC 4.99)²³⁷, das quais exemplares de quatro delas foram detectadas nas células de *M. licifolia*, incluindo: liases C-C (EC 4.1) (6 nas CCs e 4 nas CEs); liases C-O (EC 4.2) (3 nas CCs e 1 nas CEs); liases C-N (EC 4.3) (1 nas CCs e 3 nas CEs); e um liase C-S (EC 4.4) (nas CEs) (Tabela 8).

Tabela 8 - Subclasses das enzimas liases encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)- Subclasse	Número de enzimas	
	Células controle (CCs)	Células elicitadas (CEs)
EC 4.1.- Liasas carbono-carbono	6	4
EC 4.2.- Liasas carbono-oxigênio	3	1
EC 4.3.- Liasas carbono-nitrogênio	1	3
EC 4.4.- Liasas carbono-enxofre	-	1

4.4.3.5 Isomerases (EC 5.x.x)

Uma vez que isômeros podem desempenhar os mais diferenciados papéis bioquímicos, inclusive efeitos farmacológicos diversos, reações de isomerização são fundamentais na biologia²³⁹. Por serem responsáveis pelas as interconversões catalíticas desses tipos de compostos no meio biológico, as isomerases estão diretamente envolvidas no metabolismo da maioria dos organismos vivos. Além disso, isomerases têm sido aplicadas com sucesso nos ramos da síntese orgânica, biotecnologia e descoberta de novas drogas.^{240,241}

Entre as seis grandes classes de enzimas EC, as isomerases formam um grupo relativamente pequeno, subdividido em seis subclasses, 17 sub-subclasses, e 245 números EC os quais correspondem a aproximadamente 300 reações bioquímicas unimoleculares²³⁹. Nas células de *M. ilicifolia* foram encontradas enzimas da subclasse EC 5.2, as quais são isomerases cis-trans (1 nas CCs e 1 nas CEs); EC 5.3, oxidoredutases intramoleculares (2 nas CCs); EC 5.4, transferases intramoleculares (2 nas CCs e 1 nas CEs); e EC 5.99, outras isomerases (2 nas CCs) (Tabela 9).

Tabela 9 - Subclasses das enzimas isomerases encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)- Subclasse	Número de enzimas	
	Células controle (CCs)	Células elicitadas (CEs)
EC 5.2.- Isomerases cis-trans	1	1
EC 5.3.- Oxidoredutases intramoleculares	2	-
EC 5.4.- Transferases intramoleculares	2	1
EC 5.99.- Outras isomerases	2	-

4.4.3.6 Ligases (EC 6.x.x)

Ligases são enzimas que catalisam a formação de ligações químicas através de reações de condensação acopladas à hidrólise do difosfato de um ATP. Elas são classificadas como EC 6, sendo subdivididas dentro de seis subclasses (EC 6.1 à EC 6.6)²⁴². Nas células em suspensão de *M. ilicifolia* foram encontradas enzimas do subgrupo EC 6.1, que formam ligações C-O (5 nas CCs e 2 nas CEs); EC 6.2, que formam ligações C-S (1 nas CEs), EC 6.3, que formam ligações C-N (1 nas CCs e 1 nas CEs); e EC 6.4, que formam ligações C-C (2 nas CEs) (Tabela 10).

Tabela 10 - Subclasses das enzimas ligases encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h. As enzimas foram categorizadas de acordo com seus números EC (*Enzyme Commission*) a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)- Subclasse	Número de enzimas	
	Células controle (CCs)	Células elicitadas (CEs)
EC 6.1.- Formam ligações carbono-oxigênio	5	2
EC 6.2.- Formam ligações carbono-enxofre	-	1
EC 6.3.- Formam ligações carbono-nitrogênio	1	1
EC 6.4.- Formam ligações carbono-carbono	-	2

4.4.4 Vias metabólicas das enzimas

As anotações das enzimas identificadas nas células de *M. ilicifolia* (CCs e CEs) realizadas automaticamente pelo B2G, com buscas na base de dados KEGG, resultaram na predição de um total de 86 vias metabólicas (Tabela 11). Destas, 11 vias foram exclusivamente preditas para enzimas das CCs e 29 para enzimas das CEs.

Ao analisar a tabela dos mapas das vias metabólicas preditas automaticamente pelo B2G via KEGG pathway, observou-se que algumas dessas não são vias correspondentes ao metabolismo vegetal. Este é o caso, por exemplo, da via predita: “Biossíntese de aflatoxinas” (Tabela 11). Aflatoxinas são metabólitos produzidos por algumas espécies de fungos e não por plantas²⁴³. “Fixação de carbono em procariontes” é outro exemplo de predição errônea de vias metabólicas do B2G, tendo em vista que células vegetais são eucarióticas. Outras vias preditas também são incoerentes com o tipo de biossíntese encontrada em plantas, tais como: “Metabolismo de drogas – citocromo P450”, entre outras. Em suma, ficou evidente que o B2G forneceu informações imprecisas com relação a esses tipos de dados.

Visto isso, um refinamento manual dos dados enzimáticos com base na literatura foi realizado e uma tabela foi construída (Tabela 12). Esta inclui informações relacionadas aos códigos EC de cada enzima detectada no presente trabalho: o nome aceito (nome oficial) de cada enzima e a reação catalítica [substrato (s) e produto (s)] em que cada enzima atua.

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continua)

Via metabólica sugerida por KEGG pathways	Células controle (CCs)			Células elicitadas (CEs)		
	Nº de sequências	Nº de enzimas	Nº EC (<i>Enzyme Commission</i>)	Nº de sequências	Nº de enzimas	Nº EC (<i>Enzyme Commission</i>)
Biossíntese de aflatoxinas (<i>Aflatoxin biosynthesis</i>)	-	-	-	1	1	6.4.1.2
Metabolismo de alanina, aspartato e glutamato (<i>Alanine, aspartate and glutamate metabolismo</i>)	2	2	1.4.1.14; 3.3.2.2	2	2	6.3.4.5; 2.1.3.2
Metabolismo do ácido α-linolênico (<i>Alpha-Linolenic acid metabolismo</i>)	1	1	1.1.1.1	1	1	1.1.1.1
Metabolismo de amino açúcar e açúcar nucleotídeo (<i>Amino sugar and nucleotídeo sugar metabolismo</i>)	6	3	3.2.1.52; 2.4.1.43; 3.2.1.14	3	1	3.2.1.14
Biossíntese de aminoacil-tRNA (<i>Aminoacyl-tRNA biosynthesis</i>)	2	2	6.1.1.6; 6.1.1.17	1	1	6.1.1.18
Degradação de aminobenzoato (<i>Aminobenzoate degradation</i>)	7	1	3.1.3.41	7	2	3.1.3.41; 3.1.3.2
Metabolismo de arginina e prolina (<i>Arginine and proline metabolismo</i>)	-	-	-	1	1	4.1.1.19
Biossíntese de arginina (<i>Arginine biosynthesis</i>)	-	-	-	1	1	6.3.4.5
Metabolismo de ascorbato e aldarato (<i>Ascorbate and aldarate metabolismo</i>)	-	-	-	2	1	2.4.1.17
Biossíntese de antibióticos (<i>Biosynthesis of antibiotics</i>)	18	17	1.1.1.282; 1.1.1.37; 4.1.1.39; 1.1.1.41; 2.6.1.42; 2.5.1.47; 1.1.1.1;	13	13	1.1.1.1; 5.3.3.7; 4.1.2.13; 2.5.1.1; 4.2.1.11; 1.1.1.35; 6.4.1.2; 5.4.4.2;

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continuação)						
			2.1.2.1; 4.3.2.2; 5.3.3.2; 1.2.4.4; 4.2.1.10; 2.7.1.11; 1.14.13.132; 4.1.2.13; 1.4.1.14; 1.1.1.25			6.3.4.5; 2.7.1.40; 3.5.4.6; 2.5.1.10; 2.1.2.1
Biossíntese de grupos sideróforos e peptídeos não-ribossômicos (<i>Biosynthesis of siderophore group nonribosomal peptides</i>)	-	-	-	1	1	5.4.4.2
Biossíntese de ácidos graxos insaturados (<i>Biosynthesis of unsaturated fatty acids</i>)	-	-	-	1	1	1.14.19.2
Metabolismo de butanoato (<i>Butanoate metabolism</i>)	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Degradação de caprolactama (<i>Caprolactam degradation</i>)	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Fixação de carbono em organismos fotossintéticos (<i>Carbon fixation in photosynthetic organism</i>)	6	4	4.1.2.13; 4.1.1.39; 4.1.1.31; 1.1.1.37	1	1	4.1.2.13
Fixação de carbono em procariontes (<i>Carbon fixation pathways in prokaryotes</i>)	3	2	1.1.1.37; 4.1.1.31	2	2	1.1.1.35; 6.4.1.2
Degradação de cloroalcanos e cloroalcenos (<i>Chloroalkane and chloroalkene degradation</i>)	1	1	1.1.1.1	1	1	1.1.1.1
Ciclo do citrato (Ciclo de Krebs) [<i>Citrate cycle (TCA cycle)</i>]	3	2	1.1.1.41; 1.1.1.37	-	-	-
Metabolismo do ácido cianoamino (<i>Cyanoamino acid metabolism</i>)	1	1	2.1.2.1	2	1	2.1.2.1
Metabolismo de cisteína e metionina (<i>Cysteine and methionine metabolism</i>)	3	2	1.1.1.37; 2.5.1.47	1	1	1.14.17.4

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continuação)

Metabolismo de drogas – citocrome P450 (<i>Drug metabolism – cytochrome P450</i>)	2	2	1.1.1.1; 1.14.13.8	6	4	1.1.1.1; 1.14.13.8; 2.4.1.17; 2.5.1.18
Metabolismo de drogas – outras enzimas (<i>Drug metabolism – other enzymes</i>)	3	1	3.1.1.1	4	2	2.4.1.17; 3.1.1.1
Biossíntese de ácidos graxos (<i>Fatty acid biosynthesis</i>)	-	-	-	2	2	6.4.1.2; 1.14.19.2
Degradação de ácidos graxos (<i>Fatty acid degradation</i>)	1	1	1.1.1.1	2	2	1.1.1.1; 1.1.1.35
Alongamento de ácidos graxos (<i>Fatty acid elongation</i>)	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Metabolismo de frutose e manose (<i>Fructose and mannose metabolism</i>)	3	2	4.1.2.13; 2.7.1.11	1	1	4.1.2.13
Metabolismo de galactose (<i>Galactose metabolism</i>)	1	1	2.7.1.11	4	3	3.2.1.26; 3.2.1.23; 3.2.1.22
Degradação de geraniol (<i>Geraniol degradation</i>)	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Biossíntese de glucosinolatos (<i>Glucosinolate biosynthesis</i>)	1	1	2.6.1.42	-	-	-
Metabolismo de glutationas (<i>Glutathione metabolism</i>)	-	-	-	1	1	2.5.1.18
Metabolismo de glicolipídeos (<i>Glycerolipid metabolism</i>)	-	-	-	1	1	3.2.1.22
Metabolismo de glicina, serina e treonina (<i>Glycine, serine and threonine metabolism</i>)	2	2	1.1.1.1; 2.1.2.1	4	3	1.1.1.1; 2.1.2.1; 1.4.4.2
Glicólise/gliconeogênese (<i>Glycolysis/Gluconeogenesis</i>)	4	3	1.1.1.1; 4.1.2.13; 2.7.1.11	4	4	1.1.1.1; 4.1.2.13; 4.2.1.11; 2.7.1.40
Biossíntese de Glicosaminoglicanos - sulfato de condroitina / sulfato de dermatano (<i>Glycosaminoglycan biosynthesis - chondroitin sulfate/dermatan sulfate</i>)	-	-	-	1	1	2.4.1.135

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continuação)

Biossíntese de glicosaminoglicanos – sulfato de heparano/heparina (<i>Glycosaminoglycan biosynthesis – heparan sulfate / heparin</i>)	-	-	-	1	1	2.4.1.135
Degradação de glicosaminoglican (<i>Glycosaminoglycan degradation</i>)	1	1	3.2.1.52	2	1	3.2.1.23
Biossíntese glicosfingolípido - série gânglio (<i>Glycosphingolipid biosynthesis – ganglio series</i>)	1	1	3.2.1.52	2	1	3.2.1.23
Biossíntese glicosfingolípido - série globo (<i>Glycosphingolipid biosynthesis – globo series</i>)	1	1	3.2.1.52	1	1	3.2.1.22
Metabolismo do glicoxalato e dicarboxilato (<i>Glyoxylate and dicarboxylate metabolism</i>)	4	3	2.1.2.1; 1.1.1.37; 4.1.1.39	2	1	2.1.2.1
Biossíntese de alcaloides isoquinolínicos (<i>Isoquinoline alkaloid biosynthesis</i>)	1	1	1.10.3.1	-	-	-
Metabolismo do ácido linolênico (<i>Linolenic acid metabolism</i>)	-	-	-	1	1	1.14.99.33
Biossíntese de lisina (<i>Lysine biosynthesis</i>)	-	-	-	1	1	4.3.3.7
Degradação de lisina (<i>Lysine degradation</i>)	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Metabolismo de xenobióticos por citocromo P450 (<i>Metabolism of xenobiotics by cytochrome P450</i>)	1	1	1.1.1.1	4	3	1.1.1.1; 2.4.1.17; 2.5.1.18
Metabolismo de metano (<i>Methane metabolism</i>)	7	5	4.1.2.13; 2.7.1.11; 1.1.1.37; 4.1.1.31; 2.1.2.1	4	3	4.1.2.13; 4.2.1.11; 2.1.2.1
Biossíntese de monobactâmicos (<i>Monobactam biosynthesis</i>)	-	-	-	1	1	4.3.3.7

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continuação)

Via de sinalização de mTOR (<i>mTOR signaling pathway</i>)	-	-	-	1	1	2.7.11.24
Degradação de naftaleno (<i>Naphthalene degradation</i>)	1	1	1.1.1.1	1	1	1.1.1.1
Biossíntese de N-glicanos (<i>N-Glycan biosynthesis</i>)	1	1	3.2.1.113	-	-	-
Metabolismo de nicotinato e nicotinamida (<i>Nicotinate and nicotinamide metabolism</i>)	1	1	2.4.2.19	1	1	3.1.3.5
Metabolismo de nitrogênio (<i>Nitrogen metabolism</i>)	3	2	1.4.1.14; 4.2.1.1	-	-	-
Reservatório de carbono único por folato (<i>One carbon pool by folate</i>)	1	1	2.1.2.1	2	1	2.1.2.1
Outras degradações de glicanos (<i>Other glycan degradation</i>)	3	3	3.2.1.52; 3.2.1.96; 3.2.1.24	3	2	3.2.1.23; 3.2.1.24
Outros tipos de biossíntese de O-glicanos (<i>Other types of O-glycan biosynthesis</i>)	-	-	-	1	1	2.4.1.135
Fosforilação oxidativa (<i>Oxidative phosphorylation</i>)	1	2	1.6.99.3; 1.6.5.3	5	4	3.6.3.6; 3.6.1.1; 1.6.99.3; 1.6.5.3
Biossíntese de pantotato e CoA (<i>Pantothe and CoA biosynthesis</i>)	1	1	2.6.1.42	-	-	-
Interconversões de pentose e glucoronato (<i>Pentose and glucoronate interconversions</i>)	1	1	3.1.1.11	5	3	2.4.1.17; 3.1.1.11; 3.2.1.15
Via das pentoses-fosfato (<i>Pentose phosphate pathway</i>)	3	2	4.1.2.13; 2.7.1.11	1	1	1.1.1.35
Metabolismo da fenilalanina (<i>Phenylalanine metabolism</i>)	8	1	1.11.1.7	3	3	4.3.1.25; 4.3.1.24; 1.11.1.7
Biossíntese de fenilalanina, tirosina e triptofano (<i>Phenylalanine, tyrosine and tryptophan biosynthesis</i>)	1	3	4.2.1.10; 1.1.1.25; 1.1.1.282	-	-	-
Biossíntese de fenilpropanoides (<i>Phenylpropanoid biosynthesis</i>)	9	2	1.11.1.7; 1.1.1.195	3	3	4.3.1.25; 4.3.1.24; 1.11.1.7

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continuação)

Metabolismo de porfirinas e clorofilas (<i>Porphyrin and chlorophyll metabolism</i>)	2	2	1.2.1.70; 6.1.1.17	2	1	2.4.1.17
Biossíntese primária de ácido biliar (<i>Primary bile acid biosynthesis</i>)	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Metabolismo de propanoato (<i>Propanoate metabolism</i>)	-	-	-	1	1	6.4.1.2
Metabolismo de purina (<i>Purine metabolism</i>)	41	5	4.3.2.2; .6.1.15; 2.7.7.6; 2.7.7.; 3.6.1.3	34	7	3.6.1.15; 2.7.7.6; 2.7.7.7; 3.1.3.5; 2.7.1.40; 3.6.1.3; 3.5.4.6
Metabolismo de pirimidina (<i>Pyrimidine metabolism</i>)	8	3	2.7.7.; 2.7.7.; 6.3.4.2	7	4	2.7.7.7; 2.7.7.6; 3.1.3.5; 2.1.3.2
Metabolismo de piruvate (<i>Pyruvate metabolism</i>)	3	2	1.1.1.3; 4.1.1.31	3	3	6.4.1.2; 2.7.1.40 4.4.1.5
Metabolismo de retinol (<i>Retinol metabolism</i>)	1	1	1.1.1.1	3	2	1.1.1.1; 2.4.1.17
Metabolismo de riboflavina (<i>Riboflavin metabolism</i>)	2	3	3.5.4.2; 3.5.4.2; 4.1.99.12	1	2	2.7.7.2; 2.7.1.26
Biossíntese de sesquiterpenoides e triterpenoides (<i>Sesquiterpenoid and triterpenoid biosynthesis</i>)	1	1	1.14.13.132	-	-	-
Metabolismo de esfingolipídios (<i>Sphingolipid metabolism</i>)	-	-	-	3	2	3.2.1.23; 3.2.1.22
Metabolismo de amido e sacarose (<i>Starch and sucrose metabolism</i>)	5	6	2.4.1.43; 2.4.1.34; 2.4.1.21; 3.1.1.11; 2.4.1.12; 2.4.1.11	13	12	3.1.1.11; 3.2.1.15; 2.4.1.17; 3.2.1.26; 3.2.1.48; 2.4.1.13; 2.4.1.11; 2.4.1.12; 2.4.1.21; 3.2.1.4; 2.4.1.12; 2.4.1.1
Biossíntese de esteroides (<i>Steroid biosynthesis</i>)	1	1	1.14.13.132	-	-	-
Biossíntese hormônios esteroidais,	-	-	-	2	1	2.4.1.17

Tabela 11 - Vias metabólicas das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, preditas pelo Blast2GO em conjunto com a base de dados KEGG pathway.

(continuação)

<i>(Steroid hormone biosynthesis)</i>						
Metabolismo do enxofre <i>(Sulfur metabolismo)</i>	1	1	2.5.1.47	1	2	1.8.99.1; 1.8.7.1
Via de sinalização do receptor de células T <i>(T cell receptor signaling pathway)</i>	7	1	3.1.3.16	4	1	3.1.3.16
Biossíntese do queleto terpenoídico <i>(Terpenoid backbone biosynthesis)</i>	2	1	5.3.3.2	1	2	2.5.1.1; 2.5.1.10
Biossíntese de tetraciclinas <i>(Tetracycline biosynthesis)</i>	-	-	-	1	1	6.4.1.2
Metabolismo de tiamina <i>(Thiamine metabolismo)</i>	34	1	3.6.1.15	26	1	3.6.1.15
Degradação de tolueno <i>(Toluene degradation)</i>	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Metabolismo de triptofano <i>(Tryptophan metabolismo)</i>	-	-	-	1	1	1.1.1.35
Metabolismo de tirosina <i>(Tyrosine metabolismo)</i>	2	2	1.1.1.1; 1.10.3.1	1	1	1.1.1.1
Biossíntese de ubiquinone e outros terpenos quinona <i>(Ubiquinone and other terpenoid-quinone biosynthesis)</i>	-	-	-	2	3	5.4.4.2; 2.2.1.9; 6.2.1.26
Biossíntese de valina, leucina e isoleucina <i>(Valine, leucine and isoleucine biosynthesis)</i>	1	1	2.6.1.42	-	-	-
Degradação de valina, leucina e isoleucina <i>(Valine, leucine and isoleucine degradation)</i>	2	2	2.6.1.42; 1.2.4.4	1	1	1.1.1.35
Biossíntese de vários tipos de N-glicanos <i>(Various types of N-glycan biosynthesis)</i>	2	2	3.2.1.52; 3.2.1.113	-	-	-

Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicítadas (células controle, CCs) e elicítadas (CEs) com 100 μM de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (*Enzyme Commission*), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB, <http://www.iubmb.org/>).

(continua)

Número EC (<i>Enzyme Commission</i>)	Nome oficial (aceito)	Substratos	Produtos
1.1.1.1	<i>alcohol dehydrogenase</i>	(1) um álcool primário + NAD^+ (2) Um álcool secundário + NAD^+	(1) um aldeído + $\text{NADH} + \text{H}^+$ (2) Uma cetona + $\text{NADH} + \text{H}^+$
1.1.1.195	<i>cinnamyl-alcohol dehydrogenase</i>	álcool cinâmico + NADP^+	aldeído cinâmico $\text{NADPH} + \text{H}^+$
1.1.1.25	<i>shikimate dehydrogenase</i>	ácido chiquímico + NADP^+	3- esidrochiquimato + $\text{NADPH} + \text{H}^+$
1.1.1.282	<i>quininate/shikimate dehydrogenase</i>	(1) L-quinato + NAD(P)^+ (2) ácido chiquímico + NAD(P)^+	(1) 3-desidroquinato + $\text{NAD(P)H} + \text{H}^+$ (2) 3-desidrochiquimato + $\text{NAD(P)H} + \text{H}^+$
1.1.1.35	<i>3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase</i>	(S)-3-hidroxiacil-CoA + NAD^+	3-oxoacil-CoA + $\text{NADH} + \text{H}^+$
1.1.1.37	<i>malate dehydrogenase</i>	(S)-malato + NAD^+	oxaloacetato + $\text{NADH} + \text{H}^+$
1.1.1.41	<i>isocitrate dehydrogenase (NAD^+)</i>	isocitrato + NAD^+	2-oxoglutarato + $\text{CO}_2 + \text{NADH}$
1.10.3.1	<i>catechol oxidase</i>	2 3,4-Diidroxi-L-fenilalanina + O_2	2 Dopaquinona + 2 H_2O
1.11.1.7	<i>peroxidase</i>	2 fenólico doador + H_2O_2	2 radical fenoxil do doador 2 H_2O
1.14.13.132	<i>squalene monooxygenase</i>	esqualeno + $\text{NADPH} + \text{H}^+ + \text{O}_2$	(3S)-2,3-epoxi-2,3-diidroesqualeno + $\text{NADP}^+ + \text{H}_2\text{O}$
1.14.13.8	<i>flavin-containing monooxygenase</i>	<i>N,N</i> -dimetilanilina + $\text{NADPH} + \text{H}^+ + \text{O}_2$	<i>N,N</i> -dimetilanilina <i>N</i> -oxide + $\text{NADP}^+ + \text{H}_2\text{O}$
1.14.17.4	<i>aminocyclopropanecarboxylate oxidase</i>	1-aminociclopropano-1-carboxilato + ascorbato + O_2	etilene + cianeto + desidroascorbato + $\text{CO}_2 + 2 \text{H}_2\text{O}$
1.14.19.2	<i>stearoyl-[acyl-carrier-protein] 9-desaturase</i>	estearoil-[acil-proteína transportadora] + 2 ferredoxina reduzida [ferro-enxofre] cluster + $\text{O}_2 + 2 \text{H}^+$	oleoil-[acil-proteína transportadora] + 2 ferredoxina oxigenada [ferro-enxofre] cluster + 2 H_2O
1.14.99.33	Δ^{12} -fatty acid dehydrogenase	linoleato + $\text{AH}_2 + \text{O}_2$	crepeninato + A + 2 H_2O

Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (*Enzyme Commission*), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB, <http://www.iubmb.org/>).

(continuação)			
1.2.1.70	<i>glutamyl-tRNA reductase</i>	L-glutamato 1-semialdeído + NADP ⁺ + tRNA ^{Glu}	L-glutamil-tRNA ^{Glu} + NADPH + H ⁺
1.2.4.4	<i>3-methyl-2-oxobutanoate dehydrogenase (2-methylpropanoyl-transferring)</i>	3-metil-2-oxobutanoato + [diidrolipoillisina-resíduo (2-metilpropanoil)transferase] lipoillisina	[diidrolipoillisina -resíduo (2-metilpropanoil)transferase] S-(2-metilpropanoil) diidrolipoillisina + CO ₂
1.4.1.14	<i>glutamate synthase (NADH)</i>	2 L-glutamato + NAD ⁺	L-glutamina + 2-oxoglutarato + NADH + H ⁺
1.4.4.2	<i>glycine dehydrogenase (aminomethyl-transferring)</i>	glicina + [glicina-proteína H de complexo de clivagem]-N ⁶ -lipoil-L-lisina	[glicina-proteína H de complexo de clivagem]-S-aminometil-N ⁶ -diidrolipoil-L-lisina + CO ₂
1.6.5.3	<i>NADH:ubiquinone reductase (H⁺-translocating)</i>	NADH + ubiquinona + 5 H ⁺ _{in}	NAD ⁺ + ubiquinol + 4 H ⁺ _{out}
1.6.99.3	<i>NADH dehydrogenase</i>	NADH + H ⁺ +ceptor	NAD ⁺ +ceptor reduzido
1.8.7.1	<i>assimilatory sulfite reductase (ferredoxin)</i>	sulfato de hidrogênio + 6 ferredoxina oxidada [ferro-enxofre] cluster + 3 H ₂ O	sulfato + 6 ferredoxina reduzida [ferro-enxofre] cluster + 6 H ⁺
1.8.99.1 (substituído por 1.8.1.2)	<i>assimilatory sulfite reductase (NADPH)</i>	sulfato de hidrogênio + 3 NADP ⁺ + 3 H ₂ O	sulfato + 3 NADPH + 3 H ⁺
2.1.2.1	<i>glycine hydroxymethyltransferase</i>	5,10-metilenotetraidrofolato + glicina + H ₂ O	tetraidrofolato + L-serina
2.1.3.2	<i>aspartate carbamoyltransferase</i>	carbamoilfosfato + L-aspartato	fosfato + N-carbamoil-L-aspartato
2.2.1.9	<i>2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase</i>	isocorismato + 2-oxoglutarato	5-enolpiruvil-6-hidroxi-2-succinilciclohex -3-eno-1-carboxilato + CO ₂
2.4.1.1	<i>lycogen phosphorylase</i>	[(1→4)-α-D-glicosil] _n + fosfato	[(1→4)-α-D-glicosil] _{n-1} + α-D-glicose 1-fosfato
2.4.1.11	<i>glycogen(starch) synthase</i>	UDP-glicose + [(1→4)-α-D-glicosil] _n	UDP + [(1→4)-α-D-glicosil] _{n+1}

Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (*Enzyme Commission*), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB, <http://www.iubmb.org/>).

(continuação)

2.4.1.12	<i>cellulose synthase (UDP-forming)</i>	UDP-glicose + [(1 $\rightarrow$ 4)- β -D-glicosil] _n	UDP + [(1 $\rightarrow$ 4)- β -D-glicosil] _{n+1}
2.4.1.135	<i>galactosylgalactosylxylosylprotein 3-β-glucuronosyltransferase</i>	UDP-glicuronato + 3- β -D-galactosil-4- β -D-galactosil-O- β -D-xylosylprotein	UDP + 3- β -D-glicuronosil-3- β -D-galactosil-4- β -D-galactosil-O- β -D-xilosilprotein
2.4.1.17	<i>glucuronosyltransferase</i>	UDP-glicuronato + acceptor	UDP + acceptor β -D- glicuronosida
2.4.1.21	<i>starch synthase (glycosyl-transferring)</i>	ADP- α -D-glicose + [(1 $\rightarrow$ 4)- α -D-glicosil] _n	ADP + [(1 $\rightarrow$ 4)- α -D-glicosil] _{n+1}
2.4.1.34	<i>1,3-β-glucan synthase</i>	UDP-glicose + [(1 $\rightarrow$ 3)- β -D-glicosil] _n	UDP + [(1 $\rightarrow$ 3)- β -D-glicosil] _{n+1}
2.4.1.43	<i>polygalacturonate 4-α-galacturonosyltransferase</i>	UDP-D-galacturonato + [(1 $\rightarrow$ 4)- α -D-galacturonosil] _n	UDP + [(1 $\rightarrow$ 4)- α -D-galacturonosil] _{n+1}
2.4.2.19	<i>nicotinate-nucleotídeo diphosphorylase (carboxylating)</i>	nicotinato β -D- ribonucleotídeo + difosfato + CO ₂	piridina-2,3-dicarboxilato + 5-fosfo- α -D-ribose 1-difosfato
2.5.1.1	<i>dimethylallyltranstransferase</i>	difosfato de dimetilalila + difosfato de isopentenila	difosfato + difosfato de geranilo
2.5.1.10	<i>(2E,6E)-farnesyl diphosphate synthase</i>	difosfato de geranila + difosfato de isopentenila	difosfato + (2E,6E)-difosfato de farnesila
2.5.1.18	<i>glutathione transferase</i>	RX + glutationa	HX + R-S- glutationa
2.5.1.47	<i>cysteine synthase</i>	O-acetil-L-serina + sulfato de hidrogênio	L-cisteína + acetato
2.6.1.42	<i>branched-chain-amino-acid transaminase</i>	L-leucina + 2-oxoglutarato	4-metil-2-oxopentanoato + L-glutamato
2.7.1.11	<i>6-phosphofructokinase</i>	ATP + D-frutose 6-fosfato	ADP + D-frutose 1,6-bifosfato
2.7.1.26	<i>riboflavin kinase</i>	ATP + riboflavina	ADP + FMN
2.7.1.40	<i>pyruvate kinase</i>	ATP + piruvato	ADP + fosfoenolpiruvato
2.7.11.24	<i>mitogen-activated protein kinase</i>	ATP + uma proteína	ADP + uma fosfoproteína
2.7.7.2	<i>FAD synthetase</i>	ATP + FMN	difosfato + FAD
2.7.7.6	<i>DNA-directed RNA polymerase</i>	nucleosídeo trifosfato + RNA _n	difosfato + RNA _{n+1}

Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (*Enzyme Commission*), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB, <http://www.iubmb.org/>).

(continuação)

2.7.7.7	<i>DNA-directed DNA polymerase</i>	desoxinucleosídeo trifosfato + DNA _n	difosfato + DNA _{n+1}
3.1.1.1	<i>carboxylesterase</i>	um éster carboxílico + H ₂ O	um álcool + um carboxilato
3.1.1.11	<i>pectinesterase</i>	pectina + n H ₂ O	n metanol + pectato
3.1.3.16	<i>protein-serine/threonine phosphatase</i>	[uma proteína]-serina/treonina fosfato + H ₂ O	[uma proteína]-serina/treonina + fosfato
3.1.3.2	<i>acid phosphatase</i>	um fosfato monoéster + H ₂ O	um álcool + fosfato
3.1.3.41	<i>4-nitrophenylphosphatase</i>	4-nitrofenil fosfato + H ₂ O	4-nitrofenol + fosfato
3.6.1.1 (ou 3.1.3.1)	<i>inorganic diphosphatase</i>	difosfato + H ₂ O	2 fosfato
3.1.3.5	<i>5'-nucleotidase</i>	um 5'-ribonucleotídeo + H ₂ O	um ribonucleosídeo + fosfato
3.2.1.113	<i>mannosyl-oligosaccharide 1,2-α-mannosidase</i>	hidrólise do (1 $\rightarrow$ 2)-ligase terminal α -D- manose resíduo no oligossacarídeo oligo-manose Man ₉ (GlcNAc) ₂	
3.2.1.14	<i>chitinase</i>	hidrólise randômica de N-acetil- β -D-glucosaminida (1 $\rightarrow$ 4)- β -ligases em quitina e chitodextrinas	
3.2.1.15	<i>polygalacturonase</i>	hidrólise randômica de (1 $\rightarrow$ 4)- α -D- ligases galactosidurônicas em pectato e outras galacturonanas	
3.2.1.22	<i>α-galactosidase</i>	hidrólise do terminal, não redutor α -D-galactose resíduos em α -D-galactósidos, incluindo oligossacarídeos de galactose, galactomananos e galactolípídeos	
3.2.1.23	<i>β-galactosidase</i>	hidrólise do terminal, não redutor β -D-galactose resíduos em β -D-galactósidos	
3.2.1.24	<i>α-mannosidase</i>	hidrólise do terminal não redutor α -D-manose resíduos em α -D-manosídeos	
3.2.1.26	<i>β-fructofuranosidase</i>	hidrólise do terminal não redutor β -D-frutofuranosídeo resíduos em β -D-fructofuranosídeos	
3.2.1.4	<i>cellulase</i>	Endohidrólise de ligações β -1 $\rightarrow$ 4-D-glucosídicas em celulose, lichenina e β -D-glucanos decereais	
3.2.1.48	<i>sucrose α-glucosidase</i>	hidrólise de sacarose e maltose por ação de uma α -D-glucosidase	

Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicítadas (células controle, CCs) e elicítadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (*Enzyme Commission*), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB, <http://www.iubmb.org/>).

(continuação)

3.2.1.52	<i>β-N-acetylhexosaminidase</i>	hidrólise de resíduos terminais não redutores de N-acetil-D-hexosamina em N-acetil- β -D-hexosaminidas	
3.2.1.96	<i>mannosyl-glycoprotein endo-β-N-acetylglucosaminidase</i>	Endohidrólise da unidade <i>N,N'</i> -diacetilchitobiosil em glicopeptídeos de high-manose e glicoproteínas contendo a estrutura - [Man(GlcNAc) ₂]Asn. Um resíduo de N-acetil-D-glucosamina permanecido ligado à proteína; o restante do oligossacárideo é libertado intacto.	
3.3.2.2	<i>alkenylglycerophosphocholine hydrolase</i>	1-(1-alcenil)- <i>sn</i> -glicero-3-fosfocholine + H ₂ O	um aldeído + <i>sn</i> -glicero-3-fosfocholine
2.4.1.13	<i>sucrose synthase</i>	NDP-glicose + D-frutose	NDP + sacarose
3.5.4.25	<i>GTP cyclohydrolase II</i>	GTP + 3 H ₂ O	formato + 2,5-diamino-6-hidroxi-4-(5-fosfo-D-ribosilamino)pirimidina + difosfato
3.5.4.26	<i>diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase</i>	2,5-diamino-6-hidroxi-4-(5-fosfo-D-ribosilamino)pirimidina + H ₂ O	5-amino-6-(5-fosfo-D-ribosilamino)uracila + NH ₃
3.5.4.6	<i>AMP deaminase</i>	AMP + H ₂ O	IMP + NH ₃
3.6.1.15	<i>nucleoside-triphosphate phosphatase</i>	um nucleosídeo trifosfato + H ₂ O	um nucleosídeo difosfato + fosfato
3.6.1.3	<i>adenosinetriphosphatase</i>	ATP + H ₂ O	ADP + fosfato
3.6.3.6	<i>H⁺-exporting ATPase</i>	ATP + H ₂ O + H ⁺ _{in}	ADP + fosfato + H ⁺ _{out}
4.1.1.19	<i>arginine decarboxylase</i>	L-arginina	agmatina + CO ₂
4.1.1.31	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase</i>	fosfato + oxaloacetato	fosfoenolpiruvato + HCO ₃
4.1.1.39	<i>ribulose-bisphosphate carboxylase</i>	2 3-fosfo-D-glicerato + 2 H ⁺	D-ribulose 1,5-bisfosfato + CO ₂ + H ₂ O
4.1.2.13	<i>ructose-bisphosphate aldolase</i>	D-frutose 1,6-bisfosfato	glicerona fosfato + D- gliceraldeído 3-fosfato
4.1.99.12	<i>3,4-dihydroxy-2-butanone-4-phosphate synthase</i>	D-ribulose 5-fosfato	formato + L-3,4-diidroxiutan-2-one 4-fosfato
4.2.1.1	<i>carbonate dehydratase</i>	H ₂ CO ₃	CO ₂ + H ₂ O

Tabela 12 - Enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs) e elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h com seus respectivos números EC (*Enzyme Commission*), nomes aceitos (oficiais) substratos e produtos. As informações foram extraídas do *International Union of Biochemistry and Molecular Biology* (IUBMB, <http://www.iubmb.org/>).

(continuação)			
4.2.1.10	<i>3-dehydroquinate dehydratase</i>	3-desidroquinato	3-desidrochiquimato + H ₂ O
4.2.1.11	<i>phosphopyruvate hydratase</i>	2-fosfo-D-glicerato	fosfoenolpiruvato + H ₂ O
4.3.1.24	<i>phenylalanine ammonia-lyase (PAL)</i>	L-fenilalanina	<i>trans</i> -cinamato + NH ₃
4.3.1.25	<i>phenylalanine/tyrosine ammonia-lyase</i>	(1) L-fenilalanina (2) L-tirosina	(1) <i>trans</i> -cinamato + NH ₃ (2) <i>trans-p</i> -hidroxicinamato + NH ₃
4.3.2.2	<i>adenylosuccinate lyase</i>	(1) N ⁶ -(1,2-dicarboxietil)AMP (2) (S)-2-[5-amino-1-(5-fosfo-D-ribosil)imidazol-4-carboxamido]succinato	(1) fumarato + AMP (2) fumarato + 5-amino-1-(5-fosfo-D-ribosil)imidazol-4-carboxamida
4.3.3.7	<i>4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate synthase</i>	piruvato + L-aspartato-4-semialdeído	(2S,4S)-4-hidroxi-2,3,4,5-tetraidrodipicolinato + H ₂ O
4.4.1.5	<i>lactoylglutathione lyase</i>	(R)-S-lactoilglutathiona	glutathiona + metilglioxal
5.3.3.2	<i>isopentenyl-diphosphate Δ-isomerase</i>	difosfato de isopentenila	difosfato de dimetilalila
5.3.3.7	<i>aconitate Δ-isomerase</i>	<i>trans</i> -aconitato	<i>cis</i> -aconitato
5.4.4.2	<i>isochorismate synthase</i>	corismato	isocorismato
6.1.1.17	<i>glutamate-tRNA ligase</i>	ATP + L-glutamato + tRNA ^{Glu}	AMP + difosfato + L-glutamil-tRNA ^{Glu}
6.1.1.18	<i>glutamine-tRNA ligase</i>	ATP + L-glutamina + tRNA ^{Gln}	AMP + difosfato + L-glutaminil-tRNA ^{Gln}
6.1.1.6	<i>lysine-tRNA ligase</i>	ATP + L-lisina + tRNA ^{Lys}	AMP + difosfato + L-lisil-tRNA ^{Lys}
6.2.1.26	<i>o-succinylbenzoate-CoA ligase</i>	ATP + 2-sucinilbenzoato + CoA	AMP + difosfato + 4-(2-carboxifenil)-4-oxobutanoil-CoA
6.3.4.2	<i>CTP synthase (glutamine hydrolysing)</i>	ATP + UTP + L-glutamina (1a) L-glutamina + H ₂ O (1b) ATP + UTP + NH ₃	ADP + fosfato + CTP + L-glutamato (reação principal) L-glutamato + NH ₃ ADP + fosfato + CTP
6.4.1.2	<i>acetyl-CoA carboxylase</i>	ATP + acetil-CoA + HCO ₃ ⁻	ADP + fosfato + malonil-CoA

Baseado nas reações catalíticas das enzimas identificadas, principalmente as envolvidas na biossíntese de metabólitos secundários de plantas, um mapa metabólico foi construído (Figura 28). Algumas das enzimas identificadas estão relacionadas à catálise/formação de moléculas primordiais tanto para o funcionamento do metabolismo primário quanto secundário.

4.4.4.1 Enzimas envolvidas na biossíntese dos triterpenos quinonametídeos (TQs)

Algumas enzimas diretamente envolvidas na via biossintética dos TQs foram encontradas nas culturas em suspensão de células *M. ilicifolia* (Figura 28). Uma delas, detectada nas CCs, foi a *isopentenyl diphosphate delta-isomerase I* (EC 5.3.3.2), que é responsável pela isomerização de difosfato de isopentenilo (IPP) em difosfato de dimetilalilo (DMAPP), etapa chave na biossíntese dos terpenos, uma vez que IPP e DMAPP são os blocos construtores de todos os terpenos²⁴⁴. IPP e DMAPP são sintetizados por duas diferentes vias metabólicas bem caracterizadas, a via do mevalonato (MVA), que ocorre no citosol, e a via do fosfato de metileritritol (MEP, 2-C-metil-D-eritritol-4-fosfato), que ocorre nos plastídios²⁴⁵. No entanto, uma investigação recente realizada pelo nosso grupo de pesquisa comprovou que os TQs são biossintetizados via MVA.²⁴⁶

Nas CEs, foi detectada a enzima bifuncional *pyrophosphate synthase 2* (FPS2, EC 2.5.1.1 e 2.5.1.10), a qual utiliza IPP e DMAPP como substratos (condensação) para formar difosfato de geranila (GPP). GPP é precursor de monoterpenos mas também pode condensar-se com mais uma unidade de IPP, pela mesma enzima FPS2, e gerar difosfato de farnesila (FPP). Duas unidades de FPP unem-se pela ação *squalene synthase* (SQS), através de ligação do tipo cauda-cauda, para formar o esqualeno, substrato da enzima *squalene monooxygenase-like* (EC 1.14.13.132, transferido em 2015 para EC 1.14.14.17) detectada nas CEs. Esta enzima usa NADPH e O₂ para oxidar esqualeno em 2,3-oxidoesqualeno.

A próxima reação enzimática, a ciclização de 2,3-oxidoesqualeno, é uma das etapas chave na biossíntese de triterpenos como os TQs, dado que esta é conhecida por ser uma reação mais complexa dentro da biossíntese de terpenos em plantas^{247–249}. No entanto, nas células de *M. ilicifolia* investigadas não foi encontrada qualquer *oxidosqualene cyclase* (OSC). Estudos efetuados por nosso grupo de pesquisa com duas espécies da família Celastraceae, *M. aquifolium* e *Peritassa campestris*, mostraram que a friedelina (triterpeno friedelano) é precursora dos TQs²². Assim, neste trabalho havia uma expectativa de detecção de OSCs que poderiam catalisar a formação (direta ou indireta) de qualquer triterpeno friedelano, tais como a *friedelin synthase* (FS, EC 5.4.99.50). FS é uma OSC clonada a partir da espécie vegetal

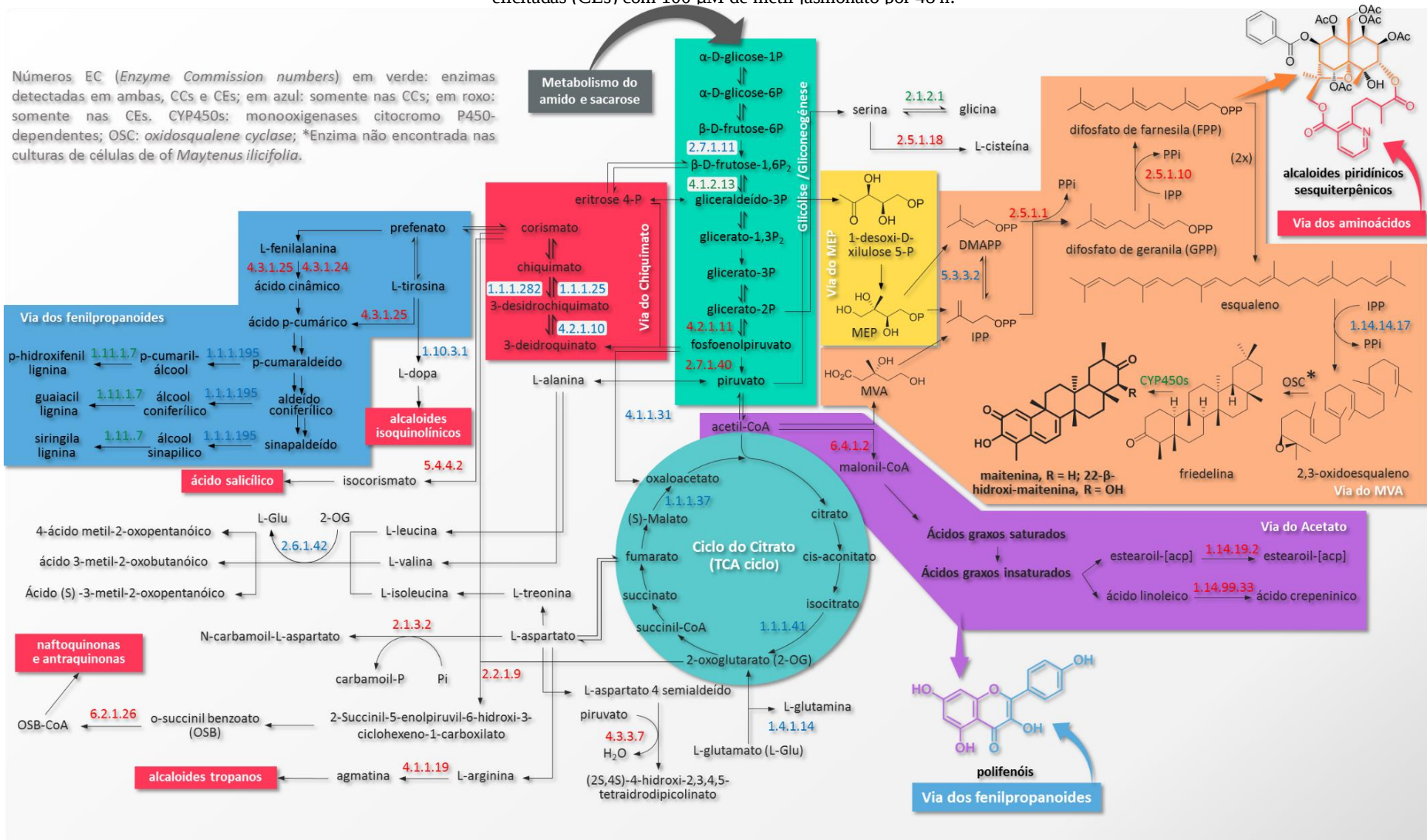
Kalanchoe daigremontiana que é responsável pela ciclização (a partir de várias etapas) de 2,3-oxidoesqualeno em friedelina.²⁵⁰

Uma vez biossintetizada, a friedelina sofre etapas sequenciais de oxidação até ser convertida aos TQs. As monooxigenases dependentes do citocromo P450 (CYP450s) são as enzimas que regem esses processos oxidativos. Elas fazem parte de uma ampla família de enzimas dependentes de NADPH e O₂ conhecidas por realizarem oxidações desse tipo em metabolitos secundários de plantas. Neste estudo, foram encontradas nove CYP450s com potencial de realizar esses últimos estágios de formação de TQs. No entanto, suas funções catalíticas ainda permanecem desconhecidas (APÊNDICE A, tabelas A1 e A2).

O fato ter sido encontrado apenas uma pequena parcela de enzimas relacionadas à biossíntese dos TQs nas culturas de *M. ilicifolia*, está relacionado, certamente, às remanescentes lacunas referentes ao conhecimento das etapas biocatalíticas desta via. Contudo, uma expressiva porcentagem de proteínas encontradas neste estudo foi categorizada com funções desconhecidas. Esses resultados acabam evidenciando o limite de abordagens proteômicas contemporâneas que dependem de bancos de dados que contém, frequentemente, uma série de proteínas não anotadas, ou mesmo de enzimas anotadas “genericamente” (por exemplo: oxidoredutase, ligase, transferase, etc.), as quais podem ser atribuídas às mais diferenciadas vias metabólicas. Este problema ainda pode ser agravado quando se trata de metabolismo secundário cujas vias são bem menos caracterizadas que as do metabolismo primário.²⁵¹

Pelo exposto e, considerando o atual panorama de conhecimento sobre a biossíntese dos TQs, fica evidente que algumas das proteínas/enzimas encontradas neste trabalho, com funções ainda desconhecidas, podem estar envolvidas nas etapas de formação de TQs. No entanto, abordagens bioquímicas clássicas, tais como isolamento e ensaios de enzimático, mostram-se essenciais para esclarecer definitivamente os passos finais de oxidação de triterpenos friedelanos à TQs.

Figura 28 - Resumo das vias metabólicas previstas a partir das enzimas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicítadas (células controle, CCs) e elicítadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h.



Fonte: Elaborada pelo autor.

4.4.4.2 Outras enzimas envolvidas no metabolismo secundário

As anotações funcionais dos dois conjuntos proteínas das culturas *in vitro* de *M. ilicifolia* resultaram na predição de várias enzimas envolvidas em importantes vias de metabolitos secundários (Figura 28).

Uma via que demonstrou estar ativa nas células de *M. ilicifolia* é a do chiquimato, via que liga o metabolismo dos carboidratos à biossíntese de compostos aromáticos²⁵². Em plantas, esta via é importante tanto para a síntese de proteínas quanto para o metabolismo secundário.²⁵³

Os produtos finais e muitos dos intermediários formados na rota do chiquimato servem como precursores de hormônios vegetais, bem como de uma vasta gama de outros metabólitos secundários como: alcaloides, benzenoides e fenilpropanoides. Nesta via metabólica, fosfoenolpiruvato e eritrose-4-fosfato, após sete etapas enzimáticas, é formado o corismato, precursor comum para a biossíntese de ácido fólico, ubiquinona, aminoácidos aromáticos (fenilalanina-L, L-tirosina e L-triptofano) e outros metabolitos^{252,254,255}. Nas CCs foi encontrada uma enzima bifuncional com atividade de *3-dehydroquinate dehydratase/shikimate dehydrogenase* (DQD/SDH, EC 1.1.1.25 e 4.2.1.10), na qual catalisa a terceira e a quarta etapas desta via (formação de chiquimato a partir 3-deidroquinato, via 3-deidrochiquimato). Nas CEs foi detectado a *isochorismate synthase* (ICS, EC 5.4.4.2), enzima responsável pela isomerização de corismato à isochorismate (reação tipo do tipo S_N2), precursor imediato de um produto natural bem conhecido, o ácido salicílico.²⁵⁶

Também nas CEs foi detectada uma enzima com atividade *o-succinylbenzoate-CoA ligase* (EC 6.2.1.26), a qual converte o-succinilbenzoato (OSB), um intermediário formado a partir de corismato em quatro etapas enzimáticas, em OSB-CoA. Estudos realizados recentemente têm revelado que esses metabólitos são precursores biossintéticos de um vasto número de metabólitos secundários.²⁵⁷

Em se tratando da via dos fenilpropanoides, nas CEs a *phenylalanine ammonia-lyase* (PAL, EC 4.3.1.24), a primeira enzima chave desta rota; ela catalisa a desaminação de L-fenilalanina para formar o ácido trans-cinâmico²⁵⁸. A via fenilpropanoidica é uma rota bem conhecida do metabolismo secundário responsável pela produção de flavonoides, bem como uma variedade de outros compostos, incluindo ligninas, cumarinas, fitoalexinas e estilbenos²⁵⁹. Nas CCs foi detectada *cinnamyl-alcohol dehydrogenase cad 1* (CAD1, EC 1.1.1.195) que catalisa a NADPH-dependente redução dos aldeídos cinâmicos (p- cumaraldeído, coniferaldeído e sinapaldeído) para seus álcoois cinâmicos (monolignóis) correspondentes^{260,261}. A partir de reações de acoplamento oxidativo, governadas por

peroxidases classe III (peroxidases de plantas), os monolignóis são polimerizados à ligninas²⁶². Nas culturas de *M. ilicifolia* (de ambas, CCs e CEs) foram encontradas 10 peroxidases deste grupo (POD, EC 1.11.1.7) capazes de polimerizar os álcoois cinâmicos (álcool p-cumarílico, coniferílico e sinapílico) para formar suas correspondentes ligninas (p-hidroxifenil, guaiacil e siringil). Muitos trabalhos têm relatado a implicação direta de enzimas CAD e POD na biossíntese de lignina em culturas *in vitro* de várias espécies de plantas^{263–266}. A biossíntese de ligninas ocorre durante a diferenciação das células vegetais, em diferenciados tecidos e órgãos, assegurando sua adequada função celular, mas também ocorre em resposta à mudanças ambientais.^{267,268}

Além de ser precursora de fenilpropanoides, como relatado acima, L-tirosina pode seguir por rota distinta ao ser oxidada à 3,4-diidroxi L-fenilalanina (L-dopa) por uma enzima *polyphenol oxidase* (PPO, EC 1.10.3.1), na qual foi encontrada nas CCs de *M. ilicifolia*. Estudos transcriptômicos realizados com diferentes tecidos de *Panax notoginseng* têm demonstrado que o gene que codifica a PPO está envolvido na biossíntese do alcaloides isoquinolínicos²⁶⁹. Outra enzima encontrada nas CEs, *arginine decarboxylase* (ADC, EC 4.1.1.19), mostrou estar relacionado à biossíntese de alcaloides tropânicos em investigações realizadas com plantas cultivadas *in vitro*.²⁷⁰

Igualmente inerente ao metabolismo de aminoácidos, foi detectado nas CCs *abranched-chain-amino-acid aminotransferase* (BCAT, EC 2.6.1.42). BCATs desempenham papel fundamental no metabolismo de leucina, isoleucina e valina (aminoácidos de cadeia ramificada, BCAAs)²⁷¹, importantes compostos não só por serem blocos construção de proteínas, mas também porque são precursores numerosos metabólitos secundários de plantas²⁷². Pesquisadores sugerem que um aumento na degradação de BCAAs, observada em plantas de *Arabidopsis* sob condições de stress, poderia servir como uma fonte alternativa de carbono para planta, ou um mecanismo de detoxificação para manter o *pool* de aminoácidos de cadeia ramificada livres em níveis compatíveis com a homeostase celular.^{272,273}

4.4.4.3 Enzimas envolvidas no metabolismo primário

Referente ao metabolismo primário, foram detectamos 11 enzimas envolvidas no metabolismo de amido e sacarose (Figura 28). *Cellulose synthase-like protein D5* (EC 2.4.1.12), starch synthase, chloroplastic/amyloplastic (EC 2.4.1.11 e 2.4.1.21) e *pectinesterase-like* (EC 3.1.1.11) foram detectadas tanto nas CCs quanto nas CEs de *M. ilicifolia*. *Sucrose synthase 6* (EC 2.4.1.13), *PREDICTED: endoglucanase 7-like* (EC 3.2.1.4), *hypothetical protein*

AALP_AA6G314900 (EC 3.2.1.15), *glycosyltransferase* e *hypothetical protein JCGZ_04267* (ambas EC 2.4.1.17), *hypothetical protein CHLNCDRAFT_58959* (EC 2.4.1.1) e a bifuncional *beta-fructofuranosidase, insoluble isoenzyme CWINV1* (EC 3.2.1.26 e 3.2.1.48) foram exclusivamente detectadas nas CEs. Somente duas enzimas relacionadas ao metabolismo de amido e sacarose, *PREDICTED: callose synthase 5-like* (EC 2.4.1.34) e *putative galacturonosyltransferase 14* (EC 2.4.1.43), foram encontradas exclusivamente nas CCs.

Na glicólise, via metabólica central de fornecimento de energia, bem como de precursores para a síntese de metabolitos primários e secundários²⁷⁴, foi detectada a *fructose-bisphosphate aldolase citoplasmic isozyme* (EC 4.1.2.13) em ambas células (CCs e CEs) e proteína *TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_453652* (EC 2.7.1.11) nas CCs. Entre as proteínas das CEs, foi detectada a enzima que catalisa a desidratação reversível de 2-fosfoglicerato à fosfoenolpiruvato (PEP) na glicólise, a *enolase (phosphopyruvate hydratase)*, EC 4.2.1.11). Vários genes codificadores de enolases deste tipo têm sido clonados a partir de diversas espécies de plantas^{275–278}. O PEP formado dentro da catálise da enolase representa o metabólito central do metabolismo primário e secundário vegetal, o qual pode seguir destinos metabólicos variados²⁷⁹. Ele pode servir como precursor da biossíntese dos aminoácidos aromáticos na via do chiquimato, mas também pode ser convertido em piruvato pela *pyruvate kinase* (PK, EC 2.7.1.40), outra enzima detectada nas CEs.

Além desses caminhos metabólicos, PEP pode sofrer uma β -carboxilação na presença de HCO_3^{3-} e de Mg^{2+} (cofator) para formar fosfato inorgânico (Pi) e ácido oxaloacético. Uma enzima capaz de governar esta reação irreversível, *phosphoenolpyruvate carboxylase* (EC 4.1.1.31), foi detectada em CCs de *M. ilicifolia*. Esta é uma reação anaplerótica essencial e necessária para a reconstituição do ciclo do ácido tricarboxílico (TCA) quando ácidos orgânicos estão sendo utilizados como blocos de construção para a síntese outras biomoléculas²⁷⁹. Outra enzima também encontrada neste estudo (em CCs), *cytosolic malate dehydrogenase* (EC 1.1.1.37), também catalisa a formação de ácido oxaloacético, desta vez utilizando-se como substrato (S) -malato. Além de malato desidrogenase, nas CCs foi encontrada outra enzima que igualmente atua no ciclo do TCA, uma proteína com atividade *isocitrate dehydrogenase* (EC 1.1.1.41).

Relacionado a via acetilcoenzima A (acetil-CoA), uma enzima capaz de catalisar uma das reações mais importantes dentro desta rota, *chloroplast carboxyltransferase alpha subunit* (atividade *acetyl-CoA carboxylase*, EC 6.4.1.2), foi encontrada nas CEs. Esta enzima catalisa a carboxilação de acetil-CoA à malonil-CoA, o qual é considerado a primeira etapa enzimática da biossíntese de ácidos graxos em muitos organismos²⁸⁰. Mais duas enzimas envolvidas na

biossíntese de ácidos graxos foram detectadas nas CEs, *delta(12) fatty acid dehydrogenase* (EC 1.14.99.33) e *acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase 4, chloroplastic* (EC 1.14.19.2). Esta última atua na indução de ligações duplas à ácidos graxos, em posições específicas, de comprimentos de cadeia definidos.²⁸¹

Um grande número outras enzimas importantes, tanto para o metabolismo primário quanto o secundário, foram encontradas nas culturas de células de *M. ilicifolia* no presente trabalho. Entre estas estão incluídas: *bifunctional riboflavin kinase/FMN phosphatase* (CE 2.7.1.26 e EC 2.7.7.2); *NADH dehydrogenase subunit F* (CE 1.6.99.3) e *alcohol dehydrogenase* (EC 1.1.1.1). Além delas, várias enzimas envolvidas em outras funções essenciais, tais como na síntese de proteínas, nucleotídeos, aminoácidos primordiais, hormônios e outras (APÊNDICE A, tabelas A1 e A2).

4.4.4.4 Proteínas relacionadas ao estresse

Proteomas exercem papel fundamental na resposta ao estresse vegetal, uma vez que as proteínas são intrinsicamente envolvidas em praticamente todos os tipos de estresse (bióticos ou abióticos). Geralmente, fatores de estresse induzem profundas alterações na rede de proteínas que cobrem a sinalização, o metabolismo energético, o metabolismo de proteínas e uma variedade outras vias biossintéticas²³². No presente trabalho, de acordo com a anotações funcionais dos dois conjuntos de dados de proteínas, encontrados nas culturas de células de *M. ilicifolia* (CCs e CME), 50 proteínas foram categorizadas com o termo GO "resposta ao estresse". Para exemplificar, forma detectados nas CCs a *CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 7* (CIPK7) and *11* (CIPK11). Análises de transcrito têm revelado que genes de *CIPK7* e *CIPK11* estão envolvidos na resposta a baixa temperatura (cold stress) em diversas plantas.^{282–284}

Também foram encontradas 10 peroxidases (PODs, EC 1.11.1.7), nove em CCs e uma em CEs, que estão incluídas na lista das enzimas antioxidantes mais importantes relatadas à respostas de estresse oxidativo²⁸⁵. Mesmo sob condições ambientais normais, plantas geram espécies reativas de oxigênio (ROS), tais como peróxido de hidrogênio (H₂O₂), ânion-radical superóxido (O₂^{•-}), radical hidroxila (•OH) e oxigênio singleto. Cabe salientar que, sob qualquer condição ambiental, incluindo de estresse, ocorre tanto uma superprodução quanto acúmulo dessas espécies químicas reativas.

As plantas desenvolveram mecanismos de defesa enzimáticos antioxidantes altamente sofisticados para lutar contra níveis elevados de ROS e elimina-los das células²⁸⁵. Outros exemplos de proteínas que desempenham funções fundamentais no estresse vegetal também foram encontrados nas células de *M. ilicifolia* (APÊNDICE A, tabelas A1 e A2).

5 CONCLUSÃO

A partir do presente estudo evidenciou-se que a especialização das células de *Maytenus ilicifolia* para biossíntese dos TQs maitenina e 22 β -hidroxi-maitenina foi aumentada pela elicitac  o com 100 μ M MeJA.

Os estudos prote  micos revelaram que a elicitac  o das c  lulas provocaram uma pronunciada varia  o em sua composi  o proteica, no entanto, preservando seu perfil funcional. As vias metab  licas secund  rias intr  nsecas    esp  cie, que levam, principalmente, a bios  ntese de alcaloides (pirid  nicos sesquiterp  nicos), polifen  is (catequinas, flavonoides e taninos) e terpenoides, permaneceram-se preservadas ap  s a elicitac  o com MeJA. Al  m disso, as an  lises prote  micas de ambas as c  lulas, induzidas (e n  o), para bios  ntese dos TQs, foram complementares para detec  o de enzimas envolvidas na via dos TQs, incluindo enzimas CYP450s que, potencialmente, catalisam as etapas finais da bios  ntese desses compostos alvo: as oxida  es de friedelina    TQs.

N  o obstante, nas c  lulas foram encontradas enzimas relacionadas    s  ntese de metab  litos prim  rios precursores (diretos) de metab  litos secund  rios caracter  sticos de *M. ilicifolia*, bem como outras categorias de prote  inas reportadas ao estresse vegetal e a processos metab  licos essenciais, incluindo s  ntese de prote  inas,   cidos nucleicos e outros.

Tomados em conjunto, os resultados deste estudo mostram que investiga  es prote  micas oferecem e permitem, al  m de novas introspec  es proteicas/enzim  ticas sobre determinados alvos, a identifica  o de vias atraentes, candidatas para investiga  es mais aprofundadas. Em resumo, os resultados apresentados neste estudo forneceram valiosas informa  es do proteoma de c  lulas de *M. ilicifolia*, elicitadas para superprodu  o de TQs, os quais oferecem possibilidades interessantes para futuras pesquisas, tais como no campo da engenharia metab  lica para a obten  o de metab  litos secund  rios alvo.

REFERÊNCIAS

- 1 SIMMONS, M. P. et al. Phylogeny of the Celastraceae inferred from 26S nuclear ribosomal DNA, phytochrome B, rbcL, atpB, and morphology. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 19, n. 3, p. 353-366, June 2001.
- 2 SIMMONS, M. et al. Phylogeny of Celastraceae subfamilies Cassinoideae and Tripterygioideae inferred from morphological characters and nuclear and plastid loci. **Systematic Botany**, v. 37, n. 2, p. 456-467, Apr. 2012.
- 3 SIMMONS, M. P. Celastraceae. In: KUBITZKI, K. (Ed.). **Flowering plants dicotyledons: Celastrales, Oxalidales, Rosales, Cornales, Ericales**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2004. v. 6, chap. 6, p. 29-64
- 4 SIMMONS, M. P. et al. Phylogeny of the Celastraceae inferred from phytochrome B gene sequence and morphology. **American Journal of Botany**, v. 88, n. 2, p. 313-325, Feb. 2001.
- 5 SANTOS, L. B. dos. **Sistemática e filogenia de *Maytenus* Molina (Celastraceae) na região neotropical**. 2016. 350 f. Tese (Doutorado em Biologia Vegetal) - Instituto de Biociências de Rio Claro, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, 2016.
- 6 MELCHIOR, H. **A Engler's Syllabus der pflanzenfamilien**. 12th ed. Berlin: Gebrüder Bornträger, 1964. 666 p.
- 7 CRONQUIST, A. **The evolution and classification of flowering plants**. 2nd ed. New York: New York Botanical Garden, 1988. 555 p.
- 8 THE ANGIOSPERM PHYLOGENY GROUP. An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: APG III. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 161, n. 2, p. 105-121, Oct. 2009.
- 9 BIRAL, L. et al. A new species of *Maytenus* (Celastraceae) from the Brazilian Atlantic Forest, with evidence of molecular phylogeny, and two new synonyms for *Maytenus floribunda*. **Phytotaxa**, v. 231, n. 1, p. 53-62, Oct. 2015.
- 10 LOESENER, T. Celastraceae. In: ENGLER, A.; HARMS, H.; MATTFELD, J. (Ed.). **Die natürlichen pflanzenfamilien**. Berlin: Duncker & Humblot, 1942. v. 20b, p. 87-197.
- 11 THE BRAZIL FLORA GROUP. Growing knowledge: an overview of seed plant diversity in Brazil. **Rodriguesia**, v. 66, n. 4, p. 1085-1113, Oct. 2015.
- 12 NIERO, R.; FALONI, de A. S.; CECHINEL FILHO, V. A review of the ethnopharmacology, phytochemistry and pharmacology of plants of the *Maytenus* genus. **Current Pharmaceutical Design**, v. 17, n. 18, p. 1851-1871, June 2011.
- 13 PERESTELO, N. R. et al. Sesquiterpenes from *Maytenus jelskii* as potential cancer chemopreventive agents. **Journal of Natural Products**, v. 73, n. 2, p. 127-132, Feb. 2010.
- 14 TORRES-ROMERO, D. et al. Sesquiterpenes from *Celastrus vulcanicola* as photosynthetic inhibitors. **Journal of Natural Products**, v. 71, n. 8, p. 1331-1335, Aug. 2008.

- 15 NÚÑEZ, M. J. et al. Ent-rosane and abietane diterpenoids as cancer chemopreventive agents. **Phytochemistry**, v. 72, n. 4/5, p. 385-390, Mar. 2011.
- 16 ANKLI, A. et al. Cytotoxic cardenolides and antibacterial terpenoids from *Crossopetalum gaumeri*. **Phytochemistry**, v. 54, n. 5, p. 531-537, June 2000.
- 17 MARTÍN, J. D. New diterpenoids extractives of *Maytenus dispermus*. **Tetrahedron**, v. 29, n. 17, p. 2553-2559, Jan. 1973.
- 18 KOYAMA, Y. et al. Microtropiosides A-F: ent-labdane diterpenoid glucosides from the leaves of *Microtropis japonica* (Celastraceae). **Phytochemistry**, v. 71, n. 5/6, p. 675-681, Mar. 2010.
- 19 TANAKA, N. et al. Kaurane and abietane diterpenoids from *Tripterygium doianum* (Celastraceae). **Phytochemistry**, v. 65, n. 14, p. 2071-2076, July 2004.
- 20 GONZÁLEZ, A. G. et al. Minor constituents from *Orthosphenia mexicana*. **Journal of Natural Products**, v. 52, n. 6, p. 1338-1341, Nov. 1989.
- 21 CHEN, B.; DUAN, H.; TAKAISHI, Y. Triterpene caffeoyl esters and diterpenes from *Celastrus stephanotifolius*. **Phytochemistry**, v. 51, n. 5, p. 683-687, June 1999.
- 22 CORSINO, J. et al. Biosynthesis of friedelane and quinonemethide triterpenoids is compartmentalized in *Maytenus aquifolium* and *Salacia campestris*. **Phytochemistry**, v. 55, n. 7, p. 741-748, Dec. 2000.
- 23 DU, Y.-C. et al. New cytotoxic lupane triterpenes from *Perrottetia arisanensis*. **Planta Medica**, v. 75, n. 8, p. 848-855, June 2009.
- 24 CÁCERES-CASTILLO, D. et al. 21 β -hydroxy-oleanane-type triterpenes from *Hippocratea excelsa*. **Phytochemistry**, v. 69, n. 4, p. 1057-1064, Feb. 2008.
- 25 NAKANO, K. et al. A diterpenoid and triterpenes from tissue cultures of *Tripterygium wilfordii*. **Phytochemistry**, v. 45, n. 2, p. 293-296, May 1997.
- 26 LI, K. et al. Terpenoids from *Tripterygium wilfordii*. **Phytochemistry**, v. 45, n. 4, p. 791-796, June 1997.
- 27 SHIROTA, O. et al. Two cangorosin a type triterpene dimers from *Maytenus chuchuhuasca*. **Chemical and Pharmaceutical Bulletin**, v. 52, n. 9, p. 1148-1150, Sept. 2004.
- 28 GONZÁLEZ, A. G. et al. Triterpene trimers from *Maytenus scutioides*: cycloaddition compounds? **Journal of Natural Products**, v. 62, n. 8, p. 1185-1187, Aug. 1999.
- 29 PAZ, T. A. et al. Production of the quinone-methide triterpene maytenin by in vitro adventitious roots of *Peritassa campestris* (Cambess.) A.C.Sm. (Celastraceae) and rapid detection and identification by APCI-IT-MS/MS. **BioMed Research International**, v. 2013, Jan. 2013. doi:10.1155/2013/485837.
- 30 CARVALHO, P. R. F. et al. Antioxidant quinonemethide triterpenes from *Salacia campestris*. **Chemistry & Biodiversity**, v. 2, n. 3, p. 367-372, Mar. 2005.

- 31 CORSINO, J. et al. Quantitative determination of maitenin and 22 β -hydroxymaitenin in callus of *Maytenus aquifolium* (Celastraceae) by reverse phase high performance liquid chromatography. **Phytochemical Analysis**, v. 9, n. 5, p. 245-247, Aug. 1998.
- 32 JELLER, A. H. et al. Antioxidant phenolic and quinonemethide triterpenes from *Cheiloclinium cognatum*. **Phytochemistry**, v. 65, n. 13, p. 1977-1982, July 2004.
- 33 LORENZI, H. **Arvores brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora, 1998. 352 p.
- 34 CARVALHO-OKANO, R. M. de; LEITÃO FILHO, H. de F. O gênero *Maytenus* Mol. emend. Mol. (Celastraceae) no Brasil extra-amazônico. In: REIS, M. S.; SILVA, S. R. (Ed.). **Conservação e uso sustentável de plantas medicinais e aromáticas: *Maytenus* spp., espinheira-santa**. Brasília: IBAMA, 2004. p. 11-51.
- 35 MARIOT, M. P.; BARBIERI, R. L. O conhecimento popular associado ao uso da espinheira-santa (*Maytenus ilicifolia* e *M. aquifolium*). **Revista Brasileira de Biociências**, v. 5, p. 666-668, July 2007. Supl. 1.
- 36 CARVALHO, A. C. B. et al. Situação do registro de medicamentos fitoterápicos no Brasil. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 18, n. 2, p. 314-319, May 2008.
- 37 ALONSO, J. R. **Tratado de fitomedicina**: bases clínicas y farmacológicas. Buenos Aires: Isis Ediciones, 1998. 1039 p.
- 38 LEITE, J. P. V. et al. Isolation and HPLC quantitative analysis of flavonoid glycosides from Brazilian beverages (*Maytenus ilicifolia* and *M. aquifolium*). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 8, p. 3796-3801, Aug. 2001.
- 39 SOARES, L. A. L. et al. Development and validation of a LC-method for determination of catechin and epicatechin in aqueous extractives from leaves of *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v. 36, n. 4, p. 787-790, Nov. 2004.
- 40 BRASIL. Ministério da Saúde, Secretaria de Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos. Departamento de Assistência Farmacêutica e Insumos Estratégicos. **Programa nacional de plantas medicinais e fitoterápicos**. Série C: projetos, programas e relatórios. Brasília, DF, 2009. Disponível em: <<http://portalsaude.saude.gov.br/images/pdf/2015/janeiro/05/programa-nacional-plantas-medicinais-fitoter--picos-pnpmf.pdf>>. Acesso em: 22 Jan. 2015.
- 41 SOUZA, L. M. de. et al. Analysis of flavonol glycoside isomers from leaves of *Maytenus ilicifolia* by offline and online high performance liquid chromatography-electrospray mass spectrometry. **Journal of Chromatography A**, v. 1207, n. 1/2, p. 101-109, Oct. 2008.
- 42 MOSSI, A J. et al. Chemical variation of tannins and triterpenes in Brazilian populations of *Maytenus ilicifolia* Mart. Ex Reiss. **Revista Brasileira de Biologia**, v. 69, n. 2, p. 339-345, Maio 2009.
- 43 SANTOS, V. F. F. M. dos et al. Antiprotozoal sesquiterpene pyridine alkaloids from *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Natural Products**, v. 75, p. 991-995, May 2012.
- 44 BUFFA FILHO, W. et al. In vitro propagation of *Maytenus ilicifolia* (Celastraceae) as potential source for antitumoral and antioxidant quinomethide triterpenes production. A rapid quantitative method for their analysis by reverse-phase high-performance liquid chromatograph. **Arkivoc**, v. 2004, n. 6, p. 137-146, Sept. 2004.

- 45 COPPEDE, J. da S. et al. Cell cultures of *Maytenus ilicifolia* Mart. are richer sources of quinone-methide triterpenoids than plant roots in natura. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 118, n. 1, p. 33-43, Mar. 2014.
- 46 GUTIÉRREZ, F. et al. Terpenoids from the medicinal plant *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Natural Products**, v. 70, n. 6, p. 1049-1052, June 2007.
- 47 PESSUTO, M. B. et al. Atividade antioxidante de extratos e taninos condensados das folhas de *Maytenus ilicifolia* Mart. ex Reiss. **Química Nova**, v. 32, n. 2, p. 412-416, Jan. 2009.
- 48 ZHU, N.; NIKOLAI, S.; ZHANG, J. Three glucosides from *Maytenus ilicifolia*. **Phytochemistry**, v. 47, n. 2, p. 265-268, Jan. 1998.
- 49 SOUZA, L. M. de et al. HPLC/ESI-MS and NMR analysis of flavonoids and tannins in bioactive extract from leaves of *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v. 47, n. 1, p. 59-67, May 2008.
- 50 TIBERTI, L. A. et al. Identification of flavonols in leaves of *Maytenus ilicifolia* and *M. aquifolium* (Celastraceae) by LC/UV/MS analysis. **Journal of Chromatography B**, v. 846, n. 1, p. 378-384, Feb. 2007.
- 51 DIAGONE, C. a. et al. CZE/PAD and HPLC-UV/PAD orofile of flavonoids from *Maytenus aquifolium* and *Maytenus ilicifolia* “espinheira santa” leaves extracts. **Chromatography Research International**, v. 2012, Jan. 2012. doi:10.1155/2012/691509
- 52 LEME, T. dos S. V. et al. Role of prostaglandin/cAMP pathway in the diuretic and hypotensive effects of purified fraction of *Maytenus ilicifolia* Mart ex Reissek (Celastraceae). **Journal of Ethnopharmacology**, v. 150, n. 1, p. 154-161, Oct. 2013.
- 53 GAO, J.-M. et al. The dihydro- β -agarofuran sesquiterpenoids. **Natural Product Reports**, v. 24, n. 5, p. 1153-1189, May 2007.
- 54 GONZALEZ, A. G. et al. Antifeedant activity of sesquiterpenes from Celastraceae. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 25, n. 6, p. 513-519, Sept. 1997.
- 55 GONZÁLEZ, A. G. et al. Minor constituents from *Orthosphenia mexicana*. **Journal of Natural Products**, v. 52, n. 6, p. 1338-1341, Nov. 1989.
- 56 ZHENG, Y. L.; XU, Y.; LIN, J. F. Immunosuppressive effects of wilfortrine and euonine (Chemical Abstract). **Yao xue xue bao = Acta Pharmaceutica Sinica**, v. 24, n. 8, p. 568-572, 1989.
- 57 DUAN, H. et al. Novel sesquiterpene esters with alkaloid and monoterpene and related compounds from *Tripterygium hypoglaucom*: a new class of potent anti-HIV agents). **Tetrahedron Letters**, v. 40, n. 15, p. 2969-2972, Apr. 1999.
- 58 KUO, Y. H. et al. Two new macrolide sesquiterpene pyridine alkaloids from *Maytenus emarginata*: emarginatine G and the cytotoxic emarginatine F. **Journal of Natural Products**, v. 57, n. 2, p. 263-269, Feb. 1994.
- 59 UJITA, K. et al. Inhibitory effects of triptogelin A-1 on 12-O-tetradecanoylphorbol-13-acetate-induced skin tumor promotion. **Cancer Letters**, v. 68, n. 2/3, p. 129-133, Feb. 1993.

- 60 ITOKAWA, H. et al. Oligo-nicotinated sesquiterpene polyesters from *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Natural Products**, v. 56, n. 9, p. 1479-1485, Sept. 1993.
- 61 ITOKAWA, H. et al. Five additional oligo-nicotinated sesquiterpene polyesters from *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Natural Products**, v. 57, n. 4, p. 460-470, Apr. 1994.
- 62 SHIROTA, O. et al. Sesquiterpene pyridine alkaloids from *Maytenus ilicifolia*. **Heterocycles**, v. 38, n. 2, p. 383-389, Jan. 1994.
- 63 LIÃO, L. M. Sesquiterpene pyridine alkaloids. In: CORDELL, G. A. (Ed.). **Alkaloids: chemistry and biology**. San Diego: Academic Press, 2003. v. 60, chap. 5, p. 287-343.
- 64 AHMED, M. S. et al. High-performance liquid chromatographic separation and quantitation of maytansinoids in *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Chromatography A**, v. 213, n. 2, p. 340-344, Aug. 1981.
- 65 ISSELL, B. F.; CROOKE, S. T. Maytansine. **Cancer Treatment Reviews**, v. 5, n. 4, p. 199-207, Dec. 1978.
- 66 WOLPERT-DEFILIPPES, M. K. et al. Initial studies on the cytotoxic action of maytansine, a novel ansa macrolide. **Biochemical Pharmacology**, v. 24, n. 6, p. 751-754, Mar. 1975.
- 67 NAKAO, H. et al. Cytotoxic activity of maytanprine isolated from *Maytenus diversifolia* in human leukemia K562 cells. **Biological & Pharmaceutical Bulletin**, v. 27, n. 8, p. 1236-1240, Aug. 2004.
- 68 WIDDISON, W. et al. Metabolites of antibody–maytansinoid conjugates: characteristics and in vitro potencies. **Molecular Pharmaceutics**, v. 12, n. 6, p. 1762-1773, June 2015.
- 69 ECKELMANN, D.; KUSARI, S.; SPITELLER, M. Occurrence and spatial distribution of maytansinoids in *Putterlickia pyracantha*, an unexplored resource of anticancer compounds. **Fitoterapia**, 2016. doi: 10.1016/j.fitote.2016.08.006
- 70 MANDELBAUM-SHAVIT, F.; WOLPERT-DEFILIPPES, M. K.; JOHNS, D. G. Binding of maytansine to rat brain tubulin. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v. 72, n. 1, p. 47-54, Sept. 1976.
- 71 PEREZ, H. L. et al. Antibody-drug conjugates: current status and future directions. **Drug Discovery Today**, v. 19, n. 7, p. 869-881, Dec. 2014.
- 72 NEWMAN, D. J.; CRAGG, G. M. Natural products as sources of new drugs from 1981 to 2014. **Journal of Natural Products**, v. 79, n. 3, p. 629-661, Feb. 2016.
- 73 OHSAKI, A. et al. Four new triterpenoids from *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Natural Products**, v. 67, n. 3, p. 469-471, Mar. 2004.
- 74 CHANDLER, R. F.; HOOPER, S. N. Friedelin and associated triterpenoids. **Phytochemistry**, v. 18, n. 5, p. 711-724, Jan. 1979.
- 75 SHAN, W.-G. et al. Natural friedelanes. **Chemistry & Biodiversity**, v. 10, n. 8, p. 1392-1434, Aug. 2013.

- 76 ALVARENGA, N.; FERRO, E. A. Bioactive triterpenes and related compounds from celastraceae. In: ATTA-ur-RAHMAN (Ed.). **Studies in natural products chemistry**. Amsterdam: Elsevier, 2006. v. 33, pt. M, p. 239-307.
- 77 QUEIROGA, C. L. et al. Evaluation of the antiulcerogenic activity of friedelan-3 β -ol and friedelin *Maytenus ilicifolia* (Celastraceae). **Journal of Ethnopharmacology**, v. 72, n. 3, p. 465-468, Sept. 2000.
- 78 ITOKAWA, H. et al. Triterpenes from *Maytenus ilicifolia*. **Phytochemistry**, v. 30, n. 11, p. 3713-3716, Jan. 1991.
- 79 BRÜNING, R.; WAGNER, H. Übersicht über die celastraceen-inhaltsstoffe: chemie, chemotaxonomie, biosynthese, pharmakologie. **Phytochemistry**, v. 17, n. 11, p. 1821-1858, Jan. 1978.
- 80 GUNATILAKA, A. A. L. Triterpenoid quinonemethides and related compounds (Celastraceae). In: HERZ, W. et al. (Ed.). **Fortschritte der chemie organischer naturstoffe/Progress in the Chemistry of Organic Natural Products**. Wien: Springer-Verlag, 1996. v. 67, chap. 1, p. 1-123.
- 81 BUFFA FILHO, W. et al. Quantitative determination of cytotoxic friedo-*nor*-oleanane derivatives from five morphological types of *Maytenus ilicifolia* (Celastraceae) by reverse-phase high-performance liquid chromatography. **Phytochemical Analysis**, v. 13, n. 2, p. 75-78, Mar. 2002.
- 82 KIM, D. H. et al. Suppression of inflammatory responses by celastrol, a quinone methide triterpenoid isolated from *Celastrus regelii*. **European Journal of Clinical Investigation**, v. 39, n. 9, p. 819-827, Sept. 2009.
- 83 SANTOS, V. A. D. F. F. M. dos et al. Evaluation of antioxidant capacity and synergistic associations of quinonemethide triterpenes and phenolic substances from *Maytenus ilicifolia* (celastraceae). **Molecules**, v. 15, n. 10, p. 6956-6973, Aug. 2010.
- 84 MONTANARI, T.; BEVILACQUA, E. Effect of *Maytenus ilicifolia* Mart. on pregnant mice. **Contraception**, v. 65, n. 2, p. 171-175, Feb. 2002.
- 85 GULLO, F. P. et al. Antifungal activity of maytenin and pristimerin. **Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine**, v. 2012, Mar. 2012. doi:10.1155/2012/340787
- 86 SANTOS, V. A. F. F. M. dos et al. Antiprotozoal activity of quinonemethide triterpenes from *Maytenus ilicifolia* (Celastraceae). **Molecules**, v. 18, n. 1, p. 1053-1062, Jan. 2013.
- 87 SETZER, W. N. et al. Isolation and frontier molecular orbital investigation of bioactive quinone-methide triterpenoids from the bark of *Salacia petenensis*. **Planta Medica**, v. 67, n. 1, p. 65-69, Feb. 2001.
- 88 SOTANAPHUN, U. et al. Antimicrobial activity and stability of tingenone derivatives. **Planta Medica**, v. 65, n. 5, p. 450-452, June 1999.
- 89 GAO, X. et al. Anticancer activity of pristimerin in ovarian carcinoma cells is mediated through the inhibition of prosurvival Akt/NF- κ B/mTOR signaling. **Journal of Experimental Therapeutics and Oncology**, v. 10, n. 4, p. 275-283, Dec. 2014.

- 90 DEEB, D. et al. Pristimerin, a quinonemethide triterpenoid, induces apoptosis in pancreatic cancer cells through the inhibition of pro-survival Akt/NF- κ B/mTOR signaling proteins and anti-apoptotic Bcl-2. **International Journal of Oncology**, v. 44, n. 5, p. 1707-1715, Mar. 2014.
- 91 ESSIEN, E. et al. Chemotaxonomic characterization and in-vitro antimicrobial and cytotoxic activities of the leaf essential oil of *Curcuma longa* grown in Southern Nigeria. **Medicines**, v. 2, n. 4, p. 340-349, Dec. 2015.
- 92 AQIL, F. et al. Exosomal formulation enhances therapeutic response of celastrol against lung cancer. **Experimental and Molecular Pathology**, v. 101, n. 1, p. 12-21, Aug. 2016.
- 93 GUO, J. et al. Downregulation of miR-17-92a cluster promotes autophagy induction in response to celastrol treatment in prostate cancer cells. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v. 478, n. 2, p. 804-810, Sept. 2016.
- 94 CHOI, J. Y. et al. PEGylated lipid bilayer-supported mesoporous silica nanoparticle composite for synergistic co-delivery of axitinib and celastrol in multi-targeted cancer therapy. **Acta Biomaterialia**, v. 39, p. 94-105, July 2016.
- 95 CHANG, F.-R. et al. Antitumor agents. 228. Five new agarofurans, reissantins A-E, and cytotoxic principles from *Reissantia buchananii*. **Journal of Natural Products**, v. 66, n. 11, p. 1416-1420, Nov. 2003.
- 96 LEE, B. W. et al. Quinone methide triterpenes from *Tripterygium regelii*. **Agricultural Chemistry and Biotechnology**, v. 47, n. 2, p. 77-80, June 2004.
- 97 YELANI, T.; HUSSEIN, A. A.; MEYER, J. J. M. Isolation and identification of poisonous triterpenoids from *Elaeodendron croceum*. **Natural Product Research**, v. 24, n. 15, p. 1418-1425, Sept. 2010.
- 98 SUNG, B. et al. Celastrol, a triterpene, enhances TRAIL-induced apoptosis through the down-regulation of cell survival proteins and up-regulation of death receptors. **Journal of Biological Chemistry**, v. 285, n. 32, p. 16920, Aug. 2016.
- 99 NGASSAPA, O. et al. Quinone-methide triterpenes and salaspermic acid from *Kokoona ochracea*. **Journal of Natural Products**, v. 57, n. 1, p. 1-8, Jan. 1994.
- 100 IDRIS, A. I. A. et al. Pharmacologic inhibitors of IkappaB kinase suppress growth and migration of mammary carcinosarcoma cells in vitro and prevent osteolytic bone metastasis in vivo. **Molecular Cancer Therapeutics**, v. 8, n. 8, p. 2339-2347, Aug. 2009.
- 101 ORAMAS-ROYO, S. M. et al. Cytotoxic triterpenoids from *Maytenus retusa*. **Journal of Natural Products**, v. 73, n. 12, p. 2029-2034, Dec. 2010.
- 102 SEO, H. R. et al. Radiosensitization by celastrol is mediated by modification of antioxidant thiol molecules. **Chemico-Biological Interactions**, v. 193, n. 1, p. 34-42, Aug. 2011.
- 103 MORITA, H. et al. Antimitotic quinoid triterpenes from *Maytenus ilicifolia*. **Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters**, v. 18, n. 3, p. 1050-1052, Feb. 2008.

- 104 ALMEIDA, M. T. R. de et al. Antiproliferative terpenoids and alkaloids from the roots of *Maytenus vitis-idaea* and *Maytenus spinosa*. **Phytochemistry**, v. 71, n. 14, p. 1741-1748, Oct. 2010.
- 105 SHIROTA, O. et al. Cytotoxic aromatic triterpenes from *Maytenus ilicifolia* and *Maytenus chuchuhuasca*. **Journal of Natural Products**, v. 57, n. 12, p. 1675-1681, Dec. 1994.
- 106 ITOKAWA, H. et al. New triterpene dimers from *Maytenus ilicifolia*. **Tetrahedron Letters**, v. 31, n. 47, p. 6881-6882, 1990.
- 107 SHIROTA, O. et al. Revised structures of cangorosins, triterpene dimers from *Maytenus ilicifolia*. **Journal of Natural Products**, v. 60, n. 2, p. 111-115, Feb. 1997.
- 108 KARUPPUSAMY, S. A review on trends in production of secondary metabolites from higher plants by in vitro tissue, organ and cell cultures. **Journal of Medicinal Plants Research**, v. 3, n. 13, p. 1222-1239, Dec. 2009.
- 109 LI, Z.; LIU, Z. Effect of NaCl on growth, morphology, and camptothecin accumulation in *Camptotheca acuminata* seedlings. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 83, n. 4, p. 931-938, Oct. 2003.
- 110 RAO, S. R.; RAVISHANKAR, G. A. Plant cell cultures: chemical factories of secondary metabolites. **Biotechnology Advances**, v. 20, n. 2, p. 101-153, May 2002.
- 111 CAI, Z. et al. Exudation: an expanding technique for continuous production and release of secondary metabolites from plant cell suspension and hairy root cultures. **Plant Cell Reports**, v. 31, n. 3, p. 461-477, Apr. 2012.
- 112 CHAVAN, S. P. et al. Influence of growth regulators and elicitors on cell growth and α -tocopherol and pigment productions in cell cultures of *Carthamus tinctorius* L. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 89, n. 6, p. 1701-1707, Mar. 2011.
- 113 ABREU, I. N. de et al. Production of pilocarpine in callus of jaborandi (*Pilocarpus microphyllus* stapf). **In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant**, v. 41, n. 6, p. 806-811, Nov. 2005.
- 114 HUANG, C.; QIAN, Z. G.; ZHONG, J. J. Enhancement of ginsenoside biosynthesis in cell cultures of *Panax ginseng* by N,N'-dicyclohexylcarbodiimide elicitation. **Journal of Biotechnology**, v. 165, n. 1, p. 30-36, May 2013.
- 115 MENDHULKAR, V. D.; VAKIL, M. M. A. Elicitation of flavonoids by salicylic acid and *Penicillium expansum* in *Andrographis paniculata* (Burm. f.) Nees. cell culture. **Research in Biotechnology**, v. 4, n. 2, p. 1-9, Mar. 2013.
- 116 KOLEWE, M. E.; GAURAV, V.; ROBERTS, S. C. Pharmaceutically active natural product synthesis and supply via plant cell culture technology. **Molecular Pharmaceutics**, v. 5, n. 2, p. 243-256, Mar. 2008.
- 117 PERASSOLO, M. et al. Role of reactive oxygen species and proline cycle in anthraquinone accumulation in *Rubia tinctorum* cell suspension cultures subjected to methyl jasmonate elicitation. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 49, n. 7, p. 758-763, 2011.

- 118 ZHANG, N. et al. Melatonin promotes water-stress tolerance, lateral root formation, and seed germination in cucumber (*Cucumis sativus* L.). **Journal of Pineal Research**, v. 54, n. 1, p. 15-23, Jan. 2013.
- 119 ZHAO, J.; DAVIS, L. C.; VERPOORTE, R. Elicitor signal transduction leading to production of plant secondary metabolites. **Biotechnology Advances**, v. 23, n. 4, p. 283-333, June 2005.
- 120 GUNDLACH, H. et al. Jasmonic acid is a signal transducer in elicitor-induced plant cell cultures. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 89, n. 6, p. 2389-2393, Mar. 1992.
- 121 KETCHUM, R. E. B. et al. The kinetics of taxoid accumulation in cell suspension cultures of *Taxus* following elicitation with methyl jasmonate. **Biotechnology and Bioengineering**, v. 62, n. 1, p. 97-105, Jan. 1999.
- 122 MIRJALILI, N.; LINDEN, J. C. Methyl jasmonate induced production of taxol in suspension cultures of *Taxus cuspidata*: ethylene interaction and induction models. **Biotechnology Progress**, v. 12, p. 110-118, Feb. 1996.
- 123 YUKIMUNE, Y. et al. Methyl jasmonate-induced overproduction of paclitaxel and baccatin III in *Taxus* cell suspension cultures. **Nature biotechnology**, v. 14, n. 9, p. 1129-1132, Sept. 1996.
- 124 NORRIZAH, J. S. et al. Ursolic acid and oleanolic acid productions in elicited cell suspension cultures of *Hedyotis corymbosa*. **Biotechnology**, v. 11, n. 4, p. 238-242, 2012.
- 125 WILSON, S. A.; ROBERTS, S. C. Recent advances towards development and commercialization of plant cell culture processes for the synthesis of biomolecules. **Plant Biotechnology Journal**, v. 10, n. 3, p. 249-268, Apr. 2012.
- 126 WASTERNAACK, C. Jasmonates: an update on biosynthesis, signal transduction and action in plant stress response, growth and development. **Annals of Botany**, v. 100, n. 4, p. 681-697, Oct. 2007.
- 127 PAUWELS, L.; INZÉ, D.; GOOSSENS, A. Jasmonate-inducible gene: what does it mean? **Trends in Plant Science**, v. 14, n. 2, p. 87-91, Feb. 2009.
- 128 BROWSE, J. Jasmonate passes muster: a receptor and targets for the defense hormone. **Annual Review of Plant Biology**, v. 60, p. 183-205, June 2009.
- 129 SPITZER-RIMON, B. et al. EOBII, a gene encoding a flower-specific regulator of phenylpropanoid volatiles' biosynthesis in petunia. **The Plant cell**, v. 22, n. 6, p. 1961-1976, June 2010.
- 130 DE GEYTER, N. et al. Transcriptional machineries in jasmonate-elicited plant secondary metabolism. **Trends in Plant Science**, v. 17, n. 6, p. 349-359, June 2012.
- 131 MEMELINK, J.; VERPOORTE, R.; KIJNE, J. W. ORCAnization of jasmonate-responsive gene expression in alkaloid metabolism. **Trends in Plant Science**, v. 6, n. 5, p. 212-219, May 2001.
- 132 DUBOS, C. et al. MYB transcription factors in *Arabidopsis*. **Trends in Plant Science**, v. 15, n. 10, p. 573-581, Oct. 2010.

- 133 PETRONI, K.; TONELLI, C. Recent advances on the regulation of anthocyanin synthesis in reproductive organs. **Plant Science**, v. 181, n. 3, p. 219-229, Sept. 2011.
- 134 SONG, S. K. et al. Systemic induction of a *Phytolacca insularis* antiviral protein gene by mechanical wounding, jasmonic acid, and abscisic acid. **Plant Molecular Biology**, v. 43, n. 4, p. 439-450, July 2000.
- 135 SEO, H. S. et al. Jasmonic acid carboxyl methyltransferase: a key enzyme for jasmonate-regulated plant responses. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 98, n. 8, p. 4788-4793, Apr. 2001.
- 136 WASTERNAK, C.; HAUSE, B. Jasmonates: biosynthesis, perception, signal transduction and action in plant stress response, growth and development. An update to the 2007 review in *Annals of Botany*. **Annals of Botany**, v. 111, n. 6, p. 1021-1058, June 2013.
- 137 WASTERNAK, C. Action of jasmonates in plant stress responses and development - applied aspects. **Biotechnology Advances**, v. 32, n. 1, p. 31-39, Feb. 2014.
- 138 WU, J.; WANG, L.; BALDWIN, I. T. Methyl jasmonate-elicited herbivore resistance: does MeJA function as a signal without being hydrolyzed to JA? **Planta**, v. 227, n. 5, p. 1161-1168, Mar. 2008.
- 139 CREELMAN, R. A.; MULLET, J. E. Biosynthesis and action of jasmonates in plants. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, v. 48, p. 355-381, June 1997.
- 140 KESSLER, A.; BALDWIN, I. T. Plant responses to insect herbivory: the emerging molecular analysis. **Annual Review of Plant Biology**, v. 53, p. 299-328, June 2002.
- 141 KOMBRINK, E. Chemical and genetic exploration of jasmonate biosynthesis and signaling paths. **Planta**, v. 236, n. 5, p. 1351-1366, Nov. 2012.
- 142 XIE, D. X. et al. COI1: an *Arabidopsis* gene required for jasmonate-regulated defense and fertility. **Science**, v. 280, n. 5366, p. 1091-1094, May 1998.
- 143 CHINI, A.; BOTER, M.; SOLANO, R. Plant oxylipins: COI1/JAZs/MYC2 as the core jasmonic acid-signalling module. **FEBS Journal**, v. 276, n. 17, p. 4682-4692, Sept. 2009.
- 144 SHAN, X.; YAN, J.; XIE, D. Comparison of phytohormone signaling mechanisms. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 15, n. 1, p. 84-91, Feb. 2012.
- 145 VANHOLME, B. et al. The tify family previously known as ZIM. **Trends in Plant Science**, v. 12, n. 6, p. 239-244, June 2007.
- 146 CHUNG, H. S.; HOWE, G. A. A critical role for the TIFY motif in repression of jasmonate signaling by a stabilized splice variant of the JASMONATE ZIM-domain protein JAZ10 in *Arabidopsis*. **The Plant cell**, v. 21, n. 1, p. 131-145, Jan. 2009.
- 147 PAUWELS, L. et al. NINJA connects the co-repressor TOPLESS to jasmonate signalling. **Nature**, v. 464, n. 7289, p. 788-791, Mar. 2010.
- 148 CHINI, A. et al. The JAZ family of repressors is the missing link in jasmonate signalling. **Nature**, v. 448, n. 7154, p. 666-671, Aug. 2007.

- 149 SUZA, W. P.; STASWICK, P. E. The role of JAR1 in Jasmonoyl-L-isoleucine production during *Arabidopsis* wound response. **Planta**, v. 227, n. 6, p. 1221-1232, May 2008.
- 150 SONG, S. et al. Regulation of stamen development by coordinated actions of jasmonate, auxin, and gibberellin in *Arabidopsis*. **Molecular Plant**, v. 6, n. 4, p. 1065-1073, July 2013.
- 151 KAZAN, K.; MANNERS, J. M. MYC2: the master in action. **Molecular Plant**, v. 6, n. 3, p. 686-703, May 2013.
- 152 DOMBRECHT, B. et al. MYC2 differentially modulates diverse jasmonate-dependent functions in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, v. 19, n. 7, p. 2225-2245, July 2007.
- 153 ZHANG, H. et al. The basic helix-loop-helix transcription factor CrMYC2 controls the jasmonate-responsive expression of the ORCA genes that regulate alkaloid biosynthesis in *Catharanthus roseus*. **Plant Journal**, v. 67, n. 1, p. 61-71, July 2011.
- 154 SHOJI, T.; HASHIMOTO, T. Tobacco MYC2 regulates jasmonate-inducible nicotine biosynthesis genes directly and by way of the NIC2-locus ERF genes. **Plant & Cell Physiology**, v. 52, n. 6, p. 1117-1130, June 2011.
- 155 ZHANG, H. B. et al. Tobacco transcription factors NtMYC2a and NtMYC2b form nuclear complexes with the NtJAZ1 repressor and regulate multiple jasmonate-inducible steps in nicotine biosynthesis. **Molecular Plant**, v. 5, n. 1, p. 73-84, Jan. 2012.
- 156 DE BOER, K. et al. APETALA2/ETHYLENE RESPONSE FACTOR and basic helix-loop-helix tobacco transcription factors cooperatively mediate jasmonate-elicited nicotine biosynthesis. **The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology**, v. 66, n. 6, p. 1053-1065, June 2011.
- 157 GUPTA, N.; PORTER, T. D. Garlic and garlic-derived compounds inhibit human squalene monooxygenase. **Journal of Nutrition**, v. 131, n. 6, p. 1662-1667, June 2001.
- 158 JORRÍN-NOVO, J. V. et al. Fourteen years of plant proteomics reflected in proteomics: moving from model species and 2DE-based approaches to orphan species and gel-free platforms. **Proteomics**, v. 15, n. 5/6, p. 1089-1112, Mar. 2015.
- 159 WILKINS, M. R. et al. Progress with proteome projects: why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. **Biotechnology & Genetic Engineering Reviews**, v. 13, p. 19-50, July 1996.
- 160 BINI, L. et al. From genome to proteome: back to the future. Report on the 7th Siena meeting, September 3-7, 2006. **Proteomics**, v. 7, n. 10, p. 332-336, Feb. 2007.
- 161 ZHANG, Y. et al. Protein analysis by shotgun/bottom-up proteomics. **Chemical Reviews**, v. 113, n. 4, p. 2343-2394, Mar. 2013.
- 162 VADIVEL, A. K. A Gel-based proteomics in plants: time to move on from the tradition. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, May 2015. doi:10.3389/fpls.2015.00369.
- 163 KAMO, M. et al. Separation and characterization of *Arabidopsis thaliana* proteins by two-dimensional gel electrophoresis. **Electrophoresis**, v. 16, n. 3, p. 423-430, Mar. 1995.

- 164 JAMES, P. Protein identification in the post-genome era: the rapid rise of proteomics. **Quarterly Reviews of Biophysics**, v. 30, n. 4, p. 279-331, Nov. 1997.
- 165 WOLTERS, D. A.; WASHBURN, M. P.; YATES, J. R. An automated multidimensional protein identification technology for shotgun proteomics. **Analytical Chemistry**, v. 73, n. 23, p. 5683-5690, Oct. 2001.
- 166 LINK, A. J. et al. Direct analysis of protein complexes using mass spectrometry. **Nature Biotechnology**, v. 17, n. 7, p. 676-682, July 1999.
- 167 LIU, H.; SADYGOV, R. G.; YATES, J. R. A model for random sampling and estimation of relative protein abundance in shotgun proteomics. **Analytical Chemistry**, v. 76, n. 14, p. 4193-4201, July 2004.
- 168 HAAS, W. et al. Optimization and use of peptide mass measurement accuracy in shotgun proteomics. **Molecular & Cellular Proteomics**, v. 5, n. 7, p. 1326-1337, July 2006.
- 169 NESVIZHSHKII, A. I. Protein identification by tandem mass spectrometry and sequence database searching. In: MATTHIESEN, R. (Ed.). **Mass spectrometry data analysis in proteomics**. Ottawa: Humana Press, 2007. Chap. 6, p. 87-119. (Methods in molecular biology, v. 367).
- 170 HAN, X. et al. Extending top-down mass spectrometry to proteins with masses greater than 200 kilodaltons. **Science**, v. 314, n. 5796, p. 109-112, Oct. 2006.
- 171 TRAN, J. C. et al. Mapping intact protein isoforms in discovery mode using top-down proteomics. **Nature**, v. 480, n. 7376, p. 254-258, Dec. 2011.
- 172 GSTAIGER, M.; AEBERSOLD, R. Applying mass spectrometry-based proteomics to genetics, genomics and network biology. **Nature Reviews Genetics**, v. 10, n. 9, p. 617-627, Sept. 2009.
- 173 YATES, J. R. III. A century of mass spectrometry: from atoms to proteomes. **Nature Methods**, v. 8, n. 8, p. 633-637, July 2011.
- 174 ONG, S.-E.; MANN, M. Mass spectrometry-based proteomics turns quantitative. **Nature Chemical Biology**, v. 1, n. 5, p. 252-262, Oct. 2005.
- 175 RAMAUTAR, R. et al. CE-MS for proteomics: advances in interface development and application. **Journal of Proteomics**, v. 75, n. 13, p. 3814-3828, July 2012.
- 176 DI PALMA, S. et al. Recent advances in peptide separation by multidimensional liquid chromatography for proteome analysis. **Journal of Proteomics**, v. 75, n. 13, p. 3791-3813, July 2012.
- 177 GEORGE, I. S.; FENNEL, A. Y.; HAYNES, P. A. Protein identification and quantification from iverbank grape, *Vitis riparia*: comparing SDS-PAGE and FASP-GPF techniques for shotgun proteomic analysis. **Proteomics**, v. 15, n. 17, p. 3061-3065, Sept. 2015.
- 178 CHICK, J. M. et al. A mass-tolerant database search identifies a large proportion of unassigned spectra in shotgun proteomics as modified peptides. **Nature Biotechnology**, v. 33, n. 7, p. 743-749, June 2015.

- 179 HILDONEN, S.; HALVORSEN, T. G.; REUBSAET, L. Why less is more when generating tryptic peptides in bottom-up proteomics. **Proteomics**, v. 14, n. 17/18, p. 2031-2041, Sept. 2014.
- 180 FANG, P. et al. Controlling nonspecific trypsin cleavages in LC-MS/MS-based shotgun proteomics using optimized experimental conditions. **The Analyst**, v. 140, n. 22, p. 7613-7621, Nov. 2015.
- 181 OLSEN, J. V.; ONG, S.-E.; MANN, M. Trypsin cleaves exclusively C-terminal to arginine and lysine residues. **Molecular & Cellular Proteomics**, v. 3, n. 6, p. 608-614, June 2004.
- 182 BARBOSA, E. B. et al. Proteômica: metodologias e aplicações no estudo de doenças humanas. **Revista da Associação Médica Brasileira**, v. 58, n. 3, p. 366-375, maio 2012.
- 183 IMIN, N. et al. Characterisation of rice anther proteins expressed at the young microspore stage. **Proteomics**, v. 1, n. 9, p. 1149-1161, Sept. 2001.
- 184 LOPEZ, J. L. Two-dimensional electrophoresis in proteome expression analysis. **Journal of Chromatography B**, v. 849, n. 1/2, p. 190-202, Apr. 2007.
- 185 MacBEATH, G. Protein microarrays and proteomics. **Nature Genetics**, v. 32, p. 526-532, Dec. 2002.
- 186 CAÑAS, B. et al. Mass spectrometry technologies for proteomics. **Briefings in Functional Genomics & Proteomics**, v. 4, n. 4, p. 295-320, Feb. 2006.
- 187 PANDEY, A.; MANN, M. Proteomics to study genes and genomes. **Nature**, v. 405, n. 6788, p. 837-846, June 2000.
- 188 HAN, X.; ASLANIAN, A.; YATES, J. R. Mass spectrometry for proteomics. **Current Opinion in Chemical Biology**, v. 12, n. 5, p. 483-490, Oct. 2008.
- 189 HARDMAN, M.; MAKAROV, A. A. Interfacing the orbitrap mass analyzer to an electrospray ion source. **Analytical Chemistry**, v. 75, n. 7, p. 1699-1705, Apr. 2003.
- 190 YATES, J. R.; RUSE, C. I.; NAKORCHEVSKY, A. Proteomics by mass spectrometry: approaches, advances, and applications. **Annual Review of Biomedical Engineering**, v. 11, p. 49-79, Jan. 2009.
- 191 CANTÚ, M. D. et al. Sequenciamento de peptídeos usando espectrometria de massas: um guia prático. **Química Nova**, v. 31, n. 3, p. 669-675, Mar. 2008.
- 192 MITULOVIĆ, G. New HPLC techniques for proteomics analysis: a short overview of latest developments. **Journal of Liquid Chromatography & Related Technologies**, v. 38, n. 3, p. 390-403, Oct. 2015.
- 193 MATRIX SCIENCE. **Scoring**. 2014. Disponível em: <http://www.matrixscience.com/help/scoring_help.html>. Acesso em: 8 dez. 2015.
- 194 SHIMADZU. **Liquid chromatograph mass spectrometer LCMS-IT-TOF**. Disponível em: <https://www.ssi.shimadzu.com/products/literature/Mass_Spec/C146-E093D.pdf>. Acesso em: 4 jul. 2015.

- 195 McMAHON, G. Separation instruments. In: _____. **Analytical instrumentation: a guide to laboratory, portable and miniaturized instruments.** Chichester: John Wiley & Sons, 2007. Chap. 3, Part I, p. 65-124.
- 196 SHEVCHENKO, A.; VALCU, C.-M.; JUNQUEIRA, M. Tools for exploring the proteomes. **Journal of Proteomics**, v. 72, n. 2, p. 137-144, Mar. 2009.
- 197 NAGARAJ, N. et al. System-wide perturbation analysis with nearly complete coverage of the yeast proteome by single-shot ultra HPLC runs on a bench top orbitrap. **Molecular & Cellular Proteomics**, v. 11, n. 3, p. 013722/1-013722/11, Mar. 2012.
- 198 VALLEDOR, L.; WECKWERTH, W. An improved detergent-compatible gel-fractionation LC-LTQ-Orbitrap-MS workflow for plant and microbial proteomics. In: JORRIN-NOVO, V. J. et al. (Ed.). **Plant proteomics: methods and protocols.** Totowa: Humana Press, 2014. p. 347-358.
- 199 PERKINS, D. N. et al. Probability-based protein identification by searching sequence databases using mass spectrometry data. **Electrophoresis**, v. 20, n. 18, p. 3551-3567, Dec. 1999.
- 200 TABB, D. L. et al. Statistical characterization of ion trap tandem mass spectra from doubly charged tryptic peptides. **Analytical Chemistry**, v. 75, n. 5, p. 1155-1163, Mar. 2003.
- 201 ROEPSTORFF, P.; FOHLMAN, J. Proposal for a common nomenclature for sequence ions in mass spectra of peptides. **Biomedical Mass Spectrometry**, v. 11, n. 11, p. 601, Nov. 1984.
- 202 JOHNSON, R. S. et al. Novel fragmentation process of peptides by collision-induced decomposition in a tandem mass spectrometer: differentiation of leucine and isoleucine. **Analytical Chemistry**, v. 59, n. 21, p. 2621-2625, Nov. 1987.
- 203 STEEN, H.; MANN, M. The abc's (and xyz's) of peptide sequencing. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 5, n. 9, p. 699-711, Sept. 2004.
- 204 SCHLOSSER, A.; LEHMANN, W. D. Five-membered ring formation in unimolecular reactions of peptides: a key structural element controlling low-energy collision-induced dissociation of peptides. **Journal of Mass Spectrometry**, v. 35, n. 12, p. 1382-1390, Dec. 2000.
- 205 STEEN, H. et al. Detection of tyrosine phosphorylated peptides by precursor ion scanning quadrupole TOF mass spectrometry in positive ion mode. **Analytical Chemistry**, v. 73, n. 7, p. 1440-1448, Apr. 2001.
- 206 KLAMMER, A. A. et al. Modeling peptide fragmentation with dynamic Bayesian networks for peptide identification. **Bioinformatics**, v. 24, n. 13, p. i348-i356, July 2008.
- 207 WYSOCKI, V. H. et al. Mobile and localized protons: a framework for understanding peptide dissociation. **Journal of Mass Spectrometry**, v. 35, n. 12, p. 1399-1406, Dec. 2000.
- 208 RIGDEN, D. J.; MELLO, L. V. de. Anotação funcional computacional de proteínas. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, v. 4, n. 25, p. 64-70, mar. 2002.

- 209 SÁNCHEZ-CABO, F. et al. insights into global mechanisms and disease by gene expression profiling. In: MAYER, B. (Ed.). **Bioinformatics for omics data**: methods and protocols. Totowa: Humana Press, 2011. p. 269-298.
- 210 PAWEŁKOWICZ, M. et al. The discrepancies in the results of bioinformatics tools for genomic structural annotation. **Proceedings of SPIE**, v. 9290, Nov. 2014. doi:10.1117/12.2074396.
- 211 ASHBURNER, M. et al. Gene Ontology: tool for the unification of biology. **Nature Genetics**, v. 25, n. 1, p. 25-29, May 2000.
- 212 THE GENE ONTOLOGY CONSORTIUM. Gene Ontology Consortium: going forward. **Nucleic Acids Research**, v. 43, n. Database issue, p. D1049-D1056, Jan. 2015.
- 213 UNIPROT CONSORTIUM. Reorganizing the protein space at the Universal Protein Resource (UniProt). **Nucleic Acids Research**, v. 40, n. Database issue, p. D71-D75, Jan. 2012.
- 214 ORCHARD, S.; HERMJAKOB, H. Shared resources, shared costs-leveraging biocuration resources. **Database: The Journal of Biological Databases and Curation**, v. 2015, Mar. 2015. doi:10.1093/database/bav009
- 215 MURASHIGE, T.; SKOOG, F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. **Physiologia Plantarum**, v. 15, n. 3, p. 473-497, Apr. 1962.
- 216 BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, v. 72, n. 1/2, p. 248-254, May 1976.
- 217 GÖTZ, S. et al. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. **Nucleic Acids Research**, v. 36, n. 10, p. 3420-3435, June 2008.
- 218 MURTHY, H. N.; LEE, E.-J.; PAEK, K.-Y. Production of secondary metabolites from cell and organ cultures: strategies and approaches for biomass improvement and metabolite accumulation. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 118, n. 1, p. 1-16, July 2014.
- 219 TEIXEIRA, J. B. **Limitações ao processo de cultivo in vitro de espécies lenhosas**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2001. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/237120652_Limitaes_ao_processo_de_cultivo_in_vitro_de_espcies_lenhosas>. Acesso em: 13 Dec. 2012.
- 220 FLORES, R. et al. Regeneração in vitro de espinheira-santa (*Maytenus ilicifolia* Mart.). **Current Agricultural Science and Technology**, v. 4, n. 3, p. 201-205, July 1998.
- 221 BASSAN, J. S. et al. Oxidação fenólica, tipo de explante e meios de cultura no estabelecimento in vitro de canafístula (*Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub.). **Ciência Florestal**, v. 16, n. 4, p. 381-390, dez. 2006.
- 222 SOUZA, F. V. D. et al. Micropropagação. In: SOUZA, A. S.; JUNGHANS, T. G. (Ed.). **Introdução à micropropagação de plantas**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006. Cap. 2, p. 38-50.
- 223 PEREIRA, A. M. S. et al. Pharmacologically active compounds in plant tissue culture of *Maytenus ilicifolia* (Celastraceae). **Acta Horticulturae**, n. 333, p. 205-210, Nov. 1993.

224 PAZ, T. A. **Aplicação da biotecnologia na obtenção de triterpenos quinonametídeos bioativos utilizando *Salacia campestris* (Cambess.) Walp. (Celastraceae) como modelo.** 2011. 109 f. Dissertação (Mestrado em Química) - Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista, Araraquara, 2011.

225 PATIL, R. A.; ROBERTS, S. C. Implications of cellular heterogeneity on plant cell culture performance. In: CHANDRA, S.; LATA, H.; VARMA, A. (Ed.). **Biotechnology for Medicinal Plants**. Berlin: Springer, 2013. Chap. 9, p. 207-239.

226 INSTITUTO NACIONAL DE METROLOGIA, QUALIDADE E TECNOLOGIA. **DOQ-CGCRE-008:** orientação sobre validação de métodos de ensaios químicos, revisão 03. Rio de Janeiro, 2010. Disponível em: http://www.inmetro.gov.br/Sidoq/Arquivos/CGCRE/DOQ/DOQ-CGCRE-8_03.pdf. Acesso em: 5 maio 2010.

227 AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA. Resolução RE nº. 899, de 29 de maio de 2003. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 02 jun. 2003. Disponível em: http://www.anvisa.gov.br/legis/resol/2003/re/899_03re.htm. Acesso em: 3 ago. 2014

228 CHUI, Q. S. H.; ZUCCHINI, R. R.; LICHTIG, J. Qualidade de medições em química analítica. Estudo de caso: determinação de cádmio por espectrofotometria de absorção atômica com chama. **Química Nova**, v. 24, n. 3, p. 374-380, jun. 2001.

229 CUSTODIO, R.; ANDRADE, J. C. de; AUGUSTO, F. O ajuste de funções matemáticas a dados experimentais. **Química Nova**, v. 20, n. 2, p. 219-225, abr. 1997.

230 RIBANI, M. et al. Validação em métodos cromatográficos e eletroforéticos. **Química Nova**, v. 27, n. 5, p. 771-780, out. 2004.

231 COPPEDE, J. da S. **Produção de triterpenos por processos biotecnológicos:** fonte potencial de medicamento anticâncer. 2013. 104 f. Tese (Doutorado em Biotecnologia) - Universidade de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, 2013.

232 KOSOVÁ, K.; VÍTÁMVÁS, P.; PRÁŠIL, I. T. Proteomics of stress responses in wheat and barley-search for potential protein markers of stress tolerance. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, n. 711, Dec. 2014. doi:10.3389/fpls.2014.00711.

233 SHEKHAR, S. et al. Comparison of proteomic and metabolomic profiles of two contrasting ecotypes of sweetpotato (*Ipomoea batata* L.). **Journal of Proteomics**, v. 143, p. 306-317, June 2016.

234 SANTOS, A. A. dos. **Exploração de uma biblioteca genômica de *Passiflora edulis* f. flavicarpa por sequenciamento de BAC-ends.** 2013. 141 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.

235 CORNISH-BOWDEN, A. Current IUBMB recommendations on enzyme nomenclature and kinetics. **Perspectives in Science**, v. 1, n. 1/6, p. 74-87, May 2014.

236 DAVID, L.; NELSON, M. M. C. **Lehninger principles of biochemistry**. 5th ed. New York: W. H. Freeman, 2008. 1158 p.

237 MOSS, G. P. **International Union of Biochemistry and Molecular Biology**. 2016. Disponível em: <http://www.chem.qmul.ac.uk/iubmb/>. Acesso em: 7 junho 2016.

- 238 SHI, J. et al. Enzymatic conversion of carbon dioxide. **Chemical Society Reviews**, v. 44, n. 17, p. 5981-6000, June 2015.
- 239 MARTÍNEZ CUESTA, S.; RAHMAN, S. A.; THORNTON, J. M. Exploring the chemistry and evolution of the isomerases. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 113, n. 7, p. 1796-1801, Feb. 2016.
- 240 ASANO, Y.; HÖLSCH, K. Isomerizations. In: DRAUZ, K.; GRÖGER, H.; MAY, O. (Ed.). **Enzyme catalysis in organic synthesis**. 3rd ed. Weinheim: Wiley-VCH Verlag, 2012. Chap. 39, p. 1607-1684.
- 241 HILTERHAUS, L.; LIESE, A. Industrial application and processes using isomerases. In: DRAUZ, K.; GRÖGER, H.; MAY, O. (Ed.). **Enzyme catalysis in organic synthesis**. 3rd ed. Weinheim: Wiley-VCH Verlag, 2012. Chap. 10, p. 1685-1691.
- 242 SHAH, V. et al. Molecular analyses of microbial activities involved in bioremediation. In: SATYANARAYANA, T.; JOHRI, N. B. (Ed.). **microorganisms in environmental management: microbes and environment**. Dordrecht: Springer Netherlands, 2012. Chap. 11, p. 221-247.
- 243 BANERJEE, S. et al. Bypass of aflatoxin B₁ adducts by the *Sulfolobus solfataricus* DNA polymerase IV. **Journal of the American Chemical Society**, v. 133, n. 32, p. 12556-12568, July 2011.
- 244 DEWICK, P. M. The mevalonate and methylerythritol phosphate pathways: terpenoids and steroids. In: _____. **Medicinal natural products: a biosynthetic approach**. 3rd ed. Chichester: John Wiley & Sons, 2009. Chap. 5, p. 187-310.
- 245 VAN CUTSEM, E. et al. Gel-based and gel-free proteomic analysis of *Nicotiana tabacum* trichomes identifies proteins involved in secondary metabolism and in the (a)biotic stress response. **Proteomics**, v. 11, n. 3, p. 440-454, Feb. 2011.
- 246 PINA, E. S. et al. Mevalonate-derived quinonemethide triterpenoid from in vitro roots of *Peritassa laevigata* and their localization in root tissue by MALDI imaging. **Scientific Reports**, v. 6, Mar. 2016. doi:10.1038/srep22627
- 247 WENDT, K. U. Enzyme mechanisms for triterpene cyclization: new pieces of the puzzle. **Angewandte Chemie International Edition**, v. 44, n. 26, p. 3966-3971, June 2005.
- 248 PHILLIPS, D. R. et al. Biosynthetic diversity in plant triterpene cyclization. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 9, n. 3, p. 305-314, June 2006.
- 249 ABE, I. Enzymatic synthesis of cyclic triterpenes. **Natural Product Reports**, v. 24, n. 6, p. 1311-1331, Aug. 2007.
- 250 WANG, Z. et al. Cloning and characterization of oxidosqualene cyclases from *Kalanchoe daigremontiana*: enzymes catalyzing up to 10 rearrangement steps yielding friedelin and other triterpenoids. **Journal of Biological Chemistry**, v. 285, n. 39, p. 29703-29712, Sept. 2010.
- 251 CHAMPAGNE, A. et al. In-depth proteome mining of cultured *Catharanthus roseus* cells identifies candidate proteins involved in the synthesis and transport of secondary metabolites. **Proteomics**, v. 12, n. 23/24, p. 3536-3547, Dec. 2012.

- 252 HERRMANN, K. M.; WEAVER, L. M. The shikimate pathway. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, v. 50, n. 1, p. 473-503, June 1999.
- 253 GUO, J. et al. Molecular characterization of quinate and shikimate metabolism in *Populus trichocarpa*. **Journal of Biological Chemistry**, v. 289, n. 34, p. 23846-23858, Aug. 2014.
- 254 WEAVER, L. M.; HERRMANN, K. M. Dynamics of the shikimate pathway in plants. **Trends in Plant Science**, v. 2, n. 9, p. 346-351, Sept. 1997.
- 255 DEWICK, P. M. The biosynthesis of shikimate metabolites. **Natural Product Reports**, v. 12, n. 6, p. 579-607, Dec. 1995.
- 256 WILDERMUTH, M. C. et al. Isochorismate synthase is required to synthesize salicylic acid for plant defence. **Nature**, v. 414, n. 6863, p. 562-565, Nov. 2001.
- 257 YAMAZAKI, M. et al. Coupling deep transcriptome analysis with untargeted metabolic profiling in *Ophiorrhiza pumila* to further the understanding of the biosynthesis of the anti-cancer alkaloid camptothecin and anthraquinones. **Plant & Cell Physiology**, v. 54, n. 5, p. 686-696, May 2013.
- 258 VOGT, T. Phenylpropanoid biosynthesis. **Molecular Plant**, v. 3, n. 1, p. 2-20, Jan. 2010.
- 259 HARAOKA, R. Genes encoding enzymes of the lignin biosynthesis pathway in *Eucalyptus*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 3, p. 601-607, Mar. 2005. Suppl.
- 260 KUTSUKI, H.; SHIMADA, M.; HIGUCHI, T. Regulatory role of cinnamyl alcohol dehydrogenase in the formation of guaiacyl and syringyl lignins. **Phytochemistry**, v. 21, n. 1, p. 19-23, Dec. 1982.
- 261 DENG, W.-W. et al. Molecular cloning, functional analysis of three cinnamyl alcohol dehydrogenase (CAD) genes in the leaves of tea plant, *Camellia sinensis*. **Journal of Plant Physiology**, v. 170, n. 3, p. 272-282, Feb. 2013.
- 262 RALPH, J. et al. Lignins: natural polymers from oxidative coupling of 4-hydroxyphenylpropanoids. **Phytochemistry Reviews**, v. 3, n. 1/2, p. 29-60, Jan. 2004.
- 263 KOUTANIEMI, S. et al. Characterization of basic p-coumaryl and coniferyl alcohol oxidizing peroxidases from a lignin-forming *Picea abies* suspension culture. **Plant Molecular Biology**, v. 58, n. 2, p. 141-157, May 2005.
- 264 SASAKI, S. et al. The cationic cell-wall-peroxidase having oxidation ability for polymeric substrate participates in the late stage of lignification of *Populus alba* L. **Plant Molecular Biology**, v. 62, n. 6, p. 797-807, Dec. 2006.
- 265 MESSNER, B.; BOLL, M. Elicitor-mediated induction of enzymes of lignin biosynthesis and formation of lignin-like material in a cell suspension culture of spruce (*Picea abies*). **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 34, n. 3, p. 261-269, Mar. 1993.
- 266 NEGREL, J.; JAVELLE, F. Induction of phenylpropanoid and tyramine metabolism in pectinase- or pronase-elicited cell suspension cultures of tobacco (*Nicotiana tabacum*). **Physiologia Plantarum**, v. 95, n. 4, p. 569-574, Dec. 1995.

- 267 WENG, J.-K.; CHAPPLE, C. The origin and evolution of lignin biosynthesis. **New Phytologist**, v. 187, n. 2, p. 273-285, July 2010.
- 268 BARROS, J. et al. The cell biology of lignification in higher plants. **Annals of Botany**, v. 115, n. 7, p. 1053-1074, Apr. 2015.
- 269 LIU, M.-H. et al. Transcriptome analysis of leaves, roots and flowers of *Panax notoginseng* identifies genes involved in ginsenoside and alkaloid biosynthesis. **BMC Genomics**, v. 16, n. 1, Apr. 2015. doi:10.1186/s12864-015-1477-5.
- 270 GEORGIEV, V. et al. Plant in vitro systems as sources of tropane alkaloids. In: RAMAWAT, G. K.; MÉRILLON, J.-M. (Ed.). **Natural products: phytochemistry, botany and metabolism of alkaloids, phenolics and terpenes**. Berlin: Springer Berlin, 2013. p. 173-211.
- 271 DIEBOLD, R. et al. The branched-chain amino acid transaminase gene family in *Arabidopsis* encodes plastid and mitochondrial proteins. **Plant Physiology**, v. 129, n. 2, p. 540-550, June 2002.
- 272 RIZHSKY, L. et al. When defense pathways collide. The response of *Arabidopsis* to a combination of drought and heat stress. **Plant Physiology**, v. 134, n. 4, p. 1683-1696, Apr. 2004.
- 273 MALATRASI, M. et al. A branched-chain amino acid aminotransferase gene isolated from *Hordeum vulgare* is differentially regulated by drought stress. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, n. 6, p. 965-976, Oct. 2006.
- 274 PLAXTON, W. C. The regulation and organization of plant glycolysis. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, v. 47, p. 185-214, June 1996.
- 275 BLAKELEY, S. D. et al. Isolation of a full-length cDNA encoding cytosolic enolase from *Ricinus communis*. **Plant Physiology**, v. 105, n. 1, p. 455-456, May 1994.
- 276 FORSTHOEFEL, N. R.; CUSHMAN, M. A.; CUSHMAN, J. C. Posttranscriptional and posttranslational control of enolase expression in the facultative crassulacean acid metabolism plant *Mesembryanthemum crystallinum* L. **Plant Physiology**, v. 108, n. 3, p. 1185-1195, July 1995.
- 277 LAL, S. K.; LEE, C.; SACHS, M. M. Differential regulation of enolase during anaerobiosis in maize. **Plant Physiology**, v. 118, n. 4, p. 1285-1293, Dec. 1998.
- 278 FOX, T. C. et al. Identification and gene expression of anaerobically induced enolase in *Echinochloa phyllopogon* and *Echinochloa crus-galli*. **Plant Physiology**, v. 109, n. 2, p. 433-443, Oct. 1995.
- 279 VOLL, L. M. et al. Antisense inhibition of enolase strongly limits the metabolism of aromatic amino acids, but has only minor effects on respiration in leaves of transgenic tobacco plants. **The New Phytologist**, v. 184, n. 3, p. 607-618, Nov. 2009.
- 280 RADAKOVITS, R. et al. Genetic engineering of algae for enhanced biofuel production. **Eukaryotic Cell**, v. 9, n. 4, p. 486-501, Apr. 2010.

281 CAHOON, E. B. et al. Redesign of soluble fatty acid desaturases from plants for altered substrate specificity and double bond position. **Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States of America**, v. 94, n. 10, p. 4872-4877, May 1997.

282 YANG, Q.-S. et al. Comparative transcriptomics analysis reveals difference of key gene expression between banana and plantain in response to cold stress. **BMC Genomics**, v. 16, n. 1, 2015. doi:10.1186/s12864-015-1551-z.

283 REN, L. et al. A transcriptomic analysis of *Chrysanthemum nankingense* provides insights into the basis of low temperature tolerance. **BMC Genomics**, v. 15, n. 1, Oct. 2014. doi:10.1186/1471-2164-15-844.

284 HUANG, C. et al. CIPK7 is involved in cold response by interacting with CBL1 in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Science**, v. 181, n. 1, p. 57-64, July 2011.

285 DEMIDCHIK, V. Mechanisms of oxidative stress in plants: from classical chemistry to cell biology. **Environmental and Experimental Botany**, v. 109, p. 212-228, Jan. 2015.

APÊNDICE A - Proteínas detectadas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia*.

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continua)

Nº	Código de acesso	Proteína	Espécie	Nº Seq.	Protein Score	Peptídeos (ion score)	#GOs	GOs ⁴	Nº EC
1 ¹	Q7X9R8	chitinase	<i>Euonymus europaeus</i>	312	79	K.GQNPQVEDR.I (40) K.AYPAFGTTGDDA TR.K (39)	5	P: resposta ao estresse ; P: processo catabólico; F: ligação; P: processo celular; F: atividade hidrolase	EC:3.2.1.14
	Q43051	peroxidase	<i>Populus kitakamiensis</i>	314	44	R.IGASLIR.L (44)	4	F: atividade catalítica; P: processo metabólico; F: ligação; P: resposta ao estresse	EC:1.11.1.7
3	Q41324	cationic peroxidase	<i>Stylosanthes humilis</i>	320	44	R.LGASLLR.L (44)	5	F: atividade catalítica; P: processo metabólico; C: região extracelular; F: ligação; P: resposta ao estresse	EC:1.11.1.7
4	Q9XGV6	bacterial-induced peroxidase precursor	<i>Gossypium hirsutum</i>	316	44	R.IGASILR.L (44)	5	F: atividade catalítica; P: processo metabólico; C: região extracelular; F: ligação; P: resposta ao estresse	EC:1.11.1.7
5	B3V2Z3	lignin biosynthetic peroxidase	<i>Leucaena leucocephala</i>	316	44	R.LGASILR.L (44)	5	F: atividade catalítica; P: processo metabólico; C: região extracelular; F: ligação; P: resposta ao estresse	EC:1.11.1.7
6	B5U1R2	peroxidase 2	<i>Litchi chinensis</i>	353	44	R.IGASLLR.L (44)	4	F: atividade catalítica; P: processo metabólico; F: ligação; P: resposta ao estresse	EC:1.11.1.7

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

7 ¹	P17784	Fructose-bisphosphate aldolase citoplasmic isozyme	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	358	42	K.GILAADESTGTIG KR.F (42)	9	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo biológico; P:geração de metabólitos precursores e energia; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	EC:4.1.2.13
8	A0A0C3 UVP9	hypothetical protein MTR_2g005930	<i>Medicago truncatula</i>	451	42	K.LGAEAIR.K (42)	0	-	
9	M1CBT 5	PREDICTED: uncharacterized protein At5g49945-like	<i>Solanum tuberosum</i>	500	42	K.LGAEALR.K (42)	0	-	
10	XP_008 390841	PREDICTED: NEDD8-activating enzyme E1 catalytic subunit-like	<i>Malus domestica</i>	450	40	M.APPSTAEDSR.S (40)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo celular de modificação de proteínas	-
11 ¹	K9MXB 3	class II chitinase	<i>Acacia koa</i>	257	39	R.SFPAFGTTGDDA TR.K (39)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.14
12	K7WBV 8	hypothetical protein ZEAMMB73_401194	<i>Zea mays</i>	346	39	K.IGAISLR.G (39)	0	-	
13	Q6XEB8	cytosolic malate dehydrogenase	<i>Triticum aestivum</i>	227	38	R.ALGQISER.L (18) K.TPSGEKPVR.E (20)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; P:processo	EC:1.1.1.37

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								metabólico; P:processo celular	
14	D8UD92	hypothetical protein VOLCADRAFT_1073 23	<i>Volvox carteri</i>	2378	36	R.DLAAAPK.A (36)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-
15	A0A078 HAX9	<i>BnaA01g32580D</i> Recommended name: <i>Pe ctinesterase</i>	<i>Brassica napus</i>	559	33	K.ASEDVKHK.A (12) -.MTLDGDKKK.K (21)	8	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; C:cell wall; P:processo metabólico; P:organização do componente celular; F:atividade de Regulação enzimática; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.1.1.11; EC:3.1.1.1
16	XP_009 597745	PREDICTED: protein downstream neighbor of Son-like	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	279	33	K.IAESSEPDGGLRS K.I (33)	0	-	
17	V7BR55	hypothetical protein PHAVU_006G130200 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	697	33	R.HFQGCAK.M (14) R.TTDRNDR.Y (19)	1	F:ligação	-
18	M5WB W1	hypothetical protein PRUPE_ppa017731m g, partial	<i>Prunus persica</i>	385	31	K.FNGANSLR.V (31)	1	F:ligação de proteína	-
19	G8J1P2	vacuolar glutathione S-conjugate (chloroplast)	<i>Pinus halepensis</i>	1766	30	K.GSSRRDK.G (13) R.IFIININQDISR.I (22)	1	C:plastídeo	-
20	A8HN48	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin- type	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	377	30	R.ALCTGEK.G (12) R.VIPDFMIQGGDFT NGDGR.G (18)	7	P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; F:atividade catalítica; P:desenvolvimento pós-embrionário; P:processo celular de modificação de	EC:5.2.1.8

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								proteínas; C:citosol; P:processo celular F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no RNA; F:ligação de proteína; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases; F:atividade hidrolase	EC:3.1.30; EC:3.6.1; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.3; EC:3.6.1.15
21 ¹	C5XFK3	hypothetical protein SORBIDRAFT_03g04 3355	<i>Sorghum bicolor</i>	1651	30	K.CENRGDK.T (30)	6		
22 ¹	D7MI87	predicted protein	<i>Arabidopsis lyrata</i>	82	30	K.MMGRIDR.I (30)	0	-	
23 ¹	M5VW X6	hypothetical protein PRUPE_ppa011319m g	<i>Prunus persica</i>	215	30	R.CEKAAGSR.R (30)	0	-	
24 ¹	A0A072 VUK4	pre-rRNA processing protein Rrp5	<i>Medicago truncatula</i>	1911	30	K.DSSRNGSR.W (30)	4	F:ligação a ácido nucleico; C:núcleo; F:ligação de proteína; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
25	XP_008 382584	PREDICTED: acidic endochitinase-like	<i>Malus domestica</i>	297	30	R.LLNGHNGQAK.T (30)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
26	Q7XW2 8	OSJNBb0062H02.6	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	2001	30	R.SMAIRGSR.S (30)	5	F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease; P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	EC:3.1.30; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.4
27	A0A0C3 VZL3	Tir-nbs-lrr resistance protein, partial	<i>Medicago truncatula</i>	1196	30	R.ECLGVGSR.I (30)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
28	A0A067 K1Z2	hypothetical protein JCGZ_22541	<i>Jatropha curcas</i>	834	30	K.ECRLGDK.Q (30)	5	F:ligação de proteína; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								celular; C:membrana plasmática	
29	XP_008803274	PREDICTED: BAG family molecular chaperone regulator 1-like isoform X2	<i>Phoenix dactylifera</i>	277	30	R.KCRNGSR.R (30)	1	F:ligação de proteína	-
30	A0A087GKZ6	hypothetical protein AALP_AA7G276400	<i>Arabis alpina</i>	175	30	-.MASRLGSR.V (30)	5	F:ligação no nucleotídeo; P:processo biológico; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
31	XP_008372532	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103435880 isoform X2	<i>Malus domestica</i>	75	30	M.DMGSTEISGVML R.V (32)	0	-	-
32	Q10RA2	retrotransposon protein, putative, unclassified	<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	1217	30	K.VSLIQAGLEK.C (32)	3	F:ligação a ácido nucleico; P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
33	V7AEI8	hypothetical protein PHAVU_011G054700 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	667	29	K.GISALVSSMDPTI RENLLR.R (29)	6	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:tradução	EC:6.1.1
34 ¹	A0A087GAM5	hypothetical protein AALP_AA8G311000	<i>Arabis alpina</i>	467	29	K.TTSAAKGSR.L (29)	0	-	-
35	M5XQV5	hypothetical protein PRUPE_ppa025672m g	<i>Prunus persica</i>	343	29	-.MDGVLGGGR.G (29)	3	F:Ligação no DNA; F:ligação a cromatina; C:intracelular	-
36	K8EDB9	predicted protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	528	29	R.GGEEICAK.F (19) K.MRAAFNRLAVK.K (12)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

37	D8UH43	hypothetical protein VOLCADRAFT_9915 1	<i>Volvox carteri</i>	570	29	R.GCAAAAGGSR.V (29)	3	F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:ligação	-
38	A0A061 EJ21	Zinc ion ligação, ligação a ácido nucleico, hydrolases, putative isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	953	28	K.KCNRGSR.K (30)	5	F:Ligação no DNA; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	-
39	M8A0H 9	DEAD-box ATP- dependent RNA helicase 40	<i>Triticum urartu</i>	959	28	R.GKDDYGGR.G (28)	4	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
40	Q94I00	Conserved Unknown protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. Japonica	1446	28	K.RLIMTSR.L (28)	0	-	
41	Q9SCK7	Putative F-box protein At3g49520	<i>Arabidopsis thaliana</i>	388	28	K.VAVLFDTK.V (28)	2	F:ligação de proteína; C:citoplasma	-
42	Q6EQW 0	Putative uncharacterized protein OSJNBa0086N11.28	<i>Oryza sativa</i> subsp. Japonica	202	28	R.RILMGMR.C (28)	0	-	
43	A5C9X9	hypothetical protein VITISV_027568	<i>Vitis vinifera</i>	1226	28	K.RLIMDTK.M (28)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação; P:processo metabólico de DNA	-
44	A8J1F0	predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	379	28	R.GVLIMESK.N (28)	0	-	
45	A9SNI7	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	299	28	R.RLIFSEK.Q (28)	3	F:Ligação no RNA; C:núcléolo; C:intracelular	-
46	B9SY36	retinoblastoma- ligação protein, putative	<i>Ricinus communis</i>	484	28	K.RIIFESK.Y (28)	3	F:ligação a ácido nucleico; C:núcleo; F:ligação	-
47	R0HI96	hypothetical protein CARUB_v10016737m g	<i>Capsella rubella</i>	729	28	K.RLLMDTK.H (28)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

48	XP_008779140	PREDICTED: F-box protein At5g49610-like	<i>Phoenix dactylifera</i>	394	28	R.LRIFSTR.T (28)	1	F:ligação de proteína	-
49	A0A078FWW2	<i>BnaC09g40300D</i>	<i>Brassica napus</i>	90	28	K.LRIMMGR.R (28)	0	-	
50	A0A059LJE2	hypothetical protein H632_c1475p0, partial	<i>Helicosporidium</i> sp. ATCC 50920	120	28	K.GPAVVDK.R (28)	1	F:ligação	-
51	Q9SRW9	cellulose synthase-like protein D5	<i>Arabidopsis thaliana</i>	1181	28	R.RPKAMMK.K (28)	16	P:processo_biológico; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; C:Complexo de Golgi; P:morfogênese; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:resposta ao estresse; P:ciclo celular; P:processo celular; P:processo metabólico de carboidrato ; P:resposta a estímulos abióticos; C:citoplasma; C:membrana; P:organização do componente celular; F:atividade transferase	EC:2.4.1.12; EC:2.4.1
52	D7KUG5	pentatricopeptide repeat-containing protein	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	466	28	K.AYFAMMK.S (28)	1	F:ligação de proteína	-
53	XP_009420199	PREDICTED: glycine-rich cell wall	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	115	28	R.GHSAASR.H (28)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

structural protein 1.0-like									
54	A0A078GF52	<i>BnaC04g43800D</i>	<i>Brassica napus</i>	135	28	R.FNSGGGFK.S (28)	0	-	
55	A0A078EUE3	<i>BnaA07g14080D</i>	<i>Brassica napus</i>	150	28	K.HRGGGSSR.S (28)	1	F:ligação	-
56	K4BYJ8	PREDICTED: histone H2A-beta, sperm-like	<i>Solanum lycopersicum</i>	135	28	R.SSKAGLK.F (28)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína; C:intracelular	-
57	V4SJ90	hypothetical protein CICLE_v10000567mg	<i>Citrus clementina</i>	637	28	K.SSKAAVK.I (28)	4	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
58	P52577	Isoflavone reductase homolog P3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	310	28	R.DKVTILGDGNAK.A (28)	6	P:processo biológico; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; C:membrana plasmática; P:resposta ao estresse	-
59 ¹	B9SBM3	conserved hypothetical protein	<i>Ricinus communis</i>	265	27	K.HKSVLDKR.I (27)	0	-	
60	XP_008388960	PREDICTED: DNA polymerase zeta catalytic subunit-like	<i>Malus domestica</i>	2068	27	K.NKAGAPK.T (19) -.MAASYAFSVR.I (11)	8	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA; C:intracelular	EC:3.1; EC:2.7.7.7
61	U5G4L1	hypothetical protein POPTR_0008s00880g	<i>Populus trichocarpa</i>	83	27	R.YMASDMK.E (27)	1	C:núcleo	-
62	A0A068TNX3	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	651	27	K.FADSNLFARWAE MMKK.R (27)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

63	XP_006468000	PREDICTED: beta-glucosidase 47-like isoform X1	<i>Citrus sinensis</i>	519	26	R.YGPWLSR.E (26)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
64	A8IRB5	hypothetical protein CHLREDRAFT_189041	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	545	26	K.NIFDVDFTGGM.- (26)	4	P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; C:membrana plasmática	-
65	B8AFS2	hypothetical protein OsI_08177	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i>	184	26	R.TEATTRCR.R (26)	1	C:plastídeo	-
66	W1P468	hypothetical protein AMTR_s00085p00125280	<i>Amborella trichopoda</i>	1349	26	K.VLDHTQSR.K (26)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
67	S8C822	hypothetical protein M569_14257, partial	<i>Genlisea aurea</i>	87	26	K.VKNTGIESSK.K (26)	0	-	-
68	K8EHI2	nicotinate phosphoribosyltransferase, putative	<i>Bathycoccus prasinos</i>	582	26	K.ITASNDINETVLR.E (26)	3	P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:2.4.2.19; EC:2.4.2.11
69	A0A078IF31	BnaA09g01730D	<i>Brassica napus</i>	282	26	R.LCTIDILENVQK.V (26)	1	F:ligação de proteína	-
70	XP_009141930	PREDICTED: WRKY transcription factor 55-like	<i>Brassica rapa</i>	284	26	R.SENSDDDEDK.- (26)	5	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
71	XP_004514046	PREDICTED: traB domain-containing protein-like	<i>Cicer arietinum</i>	353	26	M.THLLTRSK.L (26)	0	-	-
72 ¹	N1R5S6	hypothetical protein F775_32999	<i>Aegilops tauschii</i>	391	26	K.KHSVLDQR.F (27)	0	-	-
73	K7VUE1	hypothetical protein ZEAMMB73_626093	<i>Zea mays</i>	253	26	R.FFLGSDK.T (26)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

74	XP_008373377	PREDICTED: putative DNA-ligação protein ESCAROLA isoform X1	<i>Malus domestica</i>	375	26	R.GRPPGSDK.K (26)	0	-	
75	M0ZWZ9	PREDICTED: sugar transporter ERD6-like 7-like	<i>Solanum tuberosum</i>	480	26	R.WLAKIGNQK.E (26)	6	C:membrana; C:vacúolo; P:transporte; C:plastídeo; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
76	XP_008775640	PREDICTED: protein YLS9-like	<i>Phoenix dactylifera</i>	212	26	R.CDMLLGAKK.G (26)	0	-	
77	D7LIB2	transcriptional factor B3 family protein	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	1609	26	K.IVLRDGGERSWEL DLK.F (26)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
78	R7W2K5	Putative protein ywbG	<i>Aegilops tauschii</i>	556	25	-.MMGISALR.S (25)	7	P:homeostase celular; C:membrana; P:organização do componente celular; P:transporte; C:plastídeo; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
79	XP_006573945	PREDICTED: uncharacterized abhydrolase domain-containing protein DDB_G0269086-like	<i>Glycine max</i>	510	25	K.SSKEQGDK.Q (25)	0	-	
80	G3EN32	RNA polymerase beta chain, partial	<i>Curtisia dentata</i>	436	25	K.RNDSSGSR.L (25)	1	C:plastídeo	-
81	A8J0K0	predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	1279	25	R.ASPRDGAAAAAG MSPASLLQQSMPPP PAR.L (25)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

82	U5D1U5	hypothetical protein AMTR_s00036p00178 030	Amborella trichopoda	393	25	R.ISDDPQTAAARR R.R (25)	5	F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; F:ligação de proteína; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
83	M0SHK 6	PREDICTED: probable protein phosphatase 2C 35	Musa acuminata subsp. malaccensis	375	25	R.DFGLALSR.S (25)	4	C:célula; P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41
84	XP_008 789429	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103706930	Phoenix dactylifera	1035	25	R.SVGGLRVLEK.C (25)	1	F:ligação de proteína	-
85	Q9FKF0	Ribonuclease 3-like protein 3	Arabidopsis thaliana	957	25	K.TLLHSTKR.R (25)	4	F:Ligação no RNA; C:citoplasma; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.30; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.3
86	XP_009 797875	PREDICTED: protein notum homolog isoform X1	Nicotiana sylvestris	390	25	K.TIIHSAVSK.G (25)	1	F:atividade hidrolase	EC:3.1.1.1
87	XP_0049 51807	PREDICTED: DNA- directed RNA polymerase E subunit 1-like	Setaria italica	2038	25	R.LSTTVK M VAK.G (25)	7	F:Ligação no DNA; P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; C:nucléolo; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:2.7.7.6
88	A9T5W8	predicted protein	Physcomitrella patens	609	24	K.MKHVLT M LE.- (24)	12	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:resposta a estímulos	EC:2.7.11

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								endógenos; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade receptora; C:componente celular; F:atividade de transdução de sinal; F:atividade quinase; C:membrana plasmática; P:processo celular	
89	A0A059 BVX5	hypothetical protein EUGRSUZ_F03155, partial	<i>Eucalyptus grandis</i>	1174	24	R.STAHGKEPYK.T (24)	0	-	
90	Q9STF3	protein CHLORORESPIRATORY REDUCTION 2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	657	24	R.IHGNNVELAER.A (24)	6	-	F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo; P:regulação de expressão gênica, epigenética F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase
91 ¹	E6Y0T2	MDR-like ABC transporter	<i>Ginkgo biloba</i>	1279	24	R.NSAISSGSR.T (24)	7	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15	
92 ¹	A4S7V1	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	888	24	R.ARASSSGSR.K (24)	0	-	
93	W9RW2 8	hypothetical protein L484_012163	<i>Morus notabilis</i>	86	24	R.DIAAPAK.R (24)	0	-	
94	XP_004 512926	PREDICTED: kinesin-5-like isoform X1	<i>Cicer arietinum</i>	1097	24	K.NSEKLED.- (24)	5	F:ligação no nucleotídeo; C:citoequeleto; F:ligação	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

95	A0A075 IYQ7	phosphoenolpyruvate carboxylase, partial	Anacampseros albissima	401	24	K.EVTASNKPAAEL VK.L (24)	5	de proteína; P:processo celular; F:atividade motora P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo biossintético	EC:4.1.1; EC:4.1.1.31
96	XP_002 280136	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100258561	Vitis vinifera	244	24	K.GKMKDQGPK.R (24)	0	-	
97	B9GZY7	hypothetical protein POPTR_0003s17140g	Populus trichocarpa	661	24	R.AESRFSR.D (24)	0	-	
98	A0A096 RBE2	hypothetical protein ZEAMMB73_037276	Zea mays	355	24	R.YTSNSTSDR.S (24)	0	-	
99	I0Z3U0	peptide chain release factor 1	Coccomyxa subellipsoidea C- 169	364	24	K.TYNFKDSR.V (24)	7	P:processo metabólico proteico; C:citoplasma; P:organização do componente celular; F:atividade de fator de tradução, ligação no RNA; C:ribossomo; P:processo celular; P:tradução	-
100	E1ZTY8	hypothetical protein CHLNCDRAFT_1425 89	Chlorella variabilis	1681	24	R.EADQMSR.N (24)	0	-	
101	R0G9C0	hypothetical protein CARUB_v10015511m g	Capsella rubella	258	24	K.EARSFDK.M (24)	0	-	
102	W1PUA 1	hypothetical protein AMTR_s00049p00061 930	Amborella trichopoda	474	24	R.EAENMDK.I (24)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								modificação de proteínas; F:atividade quinase	
103	V7AZ91	hypothetical protein PHAVU_009G245400 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	411	24	R.EAEGGFDK.G (24)	3	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora	-
104	A0A022 QFC9	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00365 7mg	<i>Erythranthe guttata</i>	571	24	R.EAEGGFDK.G (24)	0	-	-
105	K8F0M2	predicted protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	1077	24	R.ISNEFSR.F (24)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
106	A0A068 V9C6	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	760	24	K.ISKDM <u>MSR</u> .S (24)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína	-
107	XP_008 812287	PREDICTED: interferon-related developmental regulator 2-like isoform X2	<i>Phoenix dactylifera</i>	435	24	K.ISRSM <u>MDK</u> .K (24)	1	F:ligação	-
108	A0A078 JID8	<i>BnaCnng50080D</i>	<i>Brassica napus</i>	354	24	R.ISRSM <u>MSR</u> .R (24)	0	-	-
109	C4J3E9	uncharacterized protein <i>LOC100501466</i>	<i>Zea mays</i>	224	24	K.SFVRGPLDASSPS SPPSRGR.V (24)	0	-	-
110	A0A061 GLQ4	<i>ALF domain class transcription factor isoform 1</i>	<i>Theobroma cacao</i>	252	24	- .MDGGTQYNLRTV EEVFRDFK.G (24)	4	F:ligação de proteína; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
111	Q15J21	<i>RlsA</i>	<i>Volvox carteri</i>	430	23	R.TPGLQLSNAPR.S (23)	1	F:Ligação no DNA	-
112	R0I690	hypothetical protein <i>CARUB_v10019643m g</i>	<i>Capsella rubella</i>	5333	23	K.TEHKNLQRK.V (23)	5	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; P:processo metabólico; P:organização	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								do componente celular; F:atividade hidrolase F:Ligação no DNA; P:processo_biológico; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:desenvolvimento pós- embrionário; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	
113	W1NJ55	hypothetical protein AMTR_s00009p002687 60	Amborella trichopoda	571	23	R.TRRMLGMEK.K (23)	11	-	
114	A0A087 G2W0	hypothetical protein AALP_AAs46848U000 100, partial	Arabidopsis alpina	80	23	R.TRRMLDAMK.R (23)	0	-	
115	Q0WV5 1	katanin p80 subunit - like protein	Arabidopsis thaliana	839	23	R.DSSPTESR.K	4	C:citoesqueleto; F:ligação de proteína; C:citoplasma; P:processo celular	-
116	B9GPV7	COP9 signalosome complex subunit 1 family protein	Populus trichocarpa	436	23	K.TTVASLEK.E (23)	1	F:ligação de proteína	-
117	S8D VW 8	hypothetical protein M569_10712, partial	Genlisea aurea	440	23	K.TTVTGLEK.E (23)	1	F:ligação de proteína	-
118	M5WG4 0	hypothetical protein PRUPE_ppa007651m g	Prunus persica	360	23	- .MAAAAESAGEK.K (23)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
119	F2CTF0	predicted protein	Hordeum vulgare subsp. vulgare	500	23	K.QQPDAGGMAR.S (23)	1	F:ligação de proteína	-
120	V4LAY 4	hypothetical protein EUTSA_v10002806mg	Eutrema salsugineum	279	23	K.ALPA LTSSDR.A (23)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

121	XP_009592277	PREDICTED: protein IQ-DOMAIN 14-like	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	493	23	K.AKPGSGRSDR.V (23)	1	F:ligação de proteína	-
122	U5CY04	hypothetical protein AMTR_s00032p00238680	<i>Amborella trichopoda</i>	644	23	K.ALYALQCR.G (23)	0	-	-
123	A8J7S0	hypothetical protein CHLREDRAFT_151105	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	172	23	K.ATSALVATR.A (23)	0	-	-
124	M7ZYF0	hypothetical protein TRIUR3_13449	<i>Triticum urartu</i>	934	23	R.ATSAVLAEK.Q (23)	0	-	-
125	B9MZN1	hypothetical protein POPTR_0005s04490g	<i>Populus trichocarpa</i>	518	23	R.LIIFDIDLERAK.S (23)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo celular	EC:1.1.1.25; EC:4.2.1.10; EC:1.1.1.282
126	M5W7X3	hypothetical protein PRUPE_ppa004074mg	<i>Prunus persica</i>	531	23	R.ITSVSDILKVNEK.I (23)	1	F:ligação a ácido nucleico	-
127	XP_009346440	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103938172	<i>Pyrus x bretschneideri</i>	703	23	K.LITCNLNQGDAV K.S (23)	6	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:organização do componente celular; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
128	XP_006647356	PREDICTED: myosin-6-like	<i>Oryza brachyantha</i>	1508	23	K.LINMEAEENQVLR.Q (23)	4	F:ligação no nucleotídeo; C:citoesqueleto; F:ligação de proteína; F:atividade motora	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
129	Q69VQ5	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>		23	R.SMPENPLGRER.E (23)	0	-	-
130	Q6Z228	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>		23	R.AQGPAASASDR.A (23)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

131	Q2R8R1	hypothetical protein LOC_Os11g11310	Oryza sativa subsp. Japonica	23	K.QPAGGGEGAMR. G (23)	0	-		
132	A0A078 DFV3	BnaA06g29050D	Brassica napus	23	K.KGTVSSGSR.K (23)	3	P:processo metabólico; F:ligação; F:atividade hidrolase	-	
133	I1J3T1	PREDICTED: DDB1- and CUL4-associated factor homolog 1	Brachypodium distachyon	23	K.TMIATDQAGK.G (23)	15	P:desenvolvimento embrionário; P:processo_biológico; P:transdução de sinal; P:desenvolvimento pós- embrionário; P:morfogênese; C:intracelular; P:ciclo celular; P:reprodução; P:resposta ao estresse; P:processo celular; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:desenvolvimento de flor; P:organização do componente celular; P:diferenciação celular	-	
134	M8CBP 1	Anthranilate N- benzoyltransferase protein 3	Aegilops tauschii	348	23	R.LEFPVNFRR.S (23)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
135	K3Z5C3	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101780502	Setaria italica	527	23	R.LNFLAAASDAGK .L (23)	0	-	
136	F2CS39	predicted protein	Hordeum vulgare subsp. vulgare	544	23	R.KVMTDIDHLK.R (23)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

137	XP_003566889.1	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100845382 isoform X1	<i>Brachypodium distachyon</i>	870	23	R.ARFTLKAPPSK.T (23)	0	-	
138	Q9LYW6	conserved peptide upstream open reading frame 47	<i>Arabidopsis thaliana</i>	451	23	K.LNIFRGSTNR.H (23)	3	C:mitocôndria; P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
139	XP_009801876	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104247534	<i>Nicotiana glauca</i>	807	23	K.LMNKVNSMPK.E (23)	1	F:ligação de proteína	-
140	Q6JBR1	chitinase	<i>Zea mays</i> subsp. <i>parviglumis</i>	281	22	-.MAKAGAPR.V (22)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.14
141	A3AUF8	hypothetical protein OsJ_15026	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	193	22	R.GACLGAPR.L (22)	2	F:ligação de proteína; C:citoplasma	-
142	B7E8M5	cDNA clone:001-116- A11, full insert sequence	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	404	22	R.ASRSGAPR.L (22)	5	P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.5.4.26
143	A0A087SGI1	Beta-1,3- galactosyltransferase 6	<i>Auxenochlorella protothecoides</i>	1021	22	R.SGWAGPAR.H (22)	6	P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; F:atividade transferase	EC:2.4.1
144	B2XCI4	cytochrome P450- dependent monooxygenase	<i>Selaginella moellendorffii</i>	521	22	K.ICTLELFTHRR.M (22)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

145	C1MUP 1	glycoside hydrolase family 3 protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	387	22	R.VMISEARK.L (22)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
146	M5XZX 1	hypothetical protein PRUPE_ppa018551m g	<i>Prunus persica</i>	1484	22	R.VMAEAQER.L (22)	0	-	-
147	B2LWG 6	LOC100170234	<i>Zea mays</i>	406	22	M.GSKSGVR.L (22)	3	C:membrana; P:transporte; P:processo celular	-
148	W9RW2 3	hypothetical protein L484_007030	<i>Morus notabilis</i>	254	22	R.GSQSGVR.D (22)	1	F:ligação de proteína	-
149	R0GLX7	hypothetical protein CARUB_v10008080m g	<i>Capsella rubella</i>	1736	22	R.AETETLALK.H (22)	3	F:Ligação no DNA; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse	-
150	XP_008 775348	PREDICTED: probable lysine- specific demethylase ELF6	<i>Phoenix dactylifera</i>	1623	22	R.HQEIGSRR.T (22)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
151	A5AYS8	hypothetical protein VITISV_039838	<i>Vitis vinifera</i>	1849	22	R.NCPDGVAHR.V (22)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína	-
152	C5XWP 9	hypothetical protein SORBIDRAFT_04g03 8210	<i>Sorghum bicolor</i>	771	22	K.LPKVAATISK.A (22)	2	F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína	-
153	D8QQA 3	ATP-ligação cassette transporter, subfamily C, member 13, SmABCC13	<i>Selaginella moellendorffii</i>	1428	22	K.TGMTVAVCGK.V (22)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
154	D8QTI4	hypothetical protein SELMODRAFT_7604 1	<i>Selaginella moellendorffii</i>	778	22	R.TEEHLKKIR.A (22)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
155	B9TCY9	Nickel and cobalt resistance protein	<i>Ricinus communis</i>	186	22	R.VKVGDSATIMSR. S (22)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

<i>cnrB</i> precursor, putative									
156	Q9S7N9	Polyadenylate-ligação protein-interacting protein 12	<i>Arabidopsis thaliana</i>	336	22	R.VSPSKTPVR.S (22)	3	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no RNA	-
157	Q5Z8B2	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	161	22	R.TGEGGGAPR.G (22)	0	-	-
158	B6SU06	F-box protein <i>GID2</i>	<i>Zea mays</i>	182	22	-.MGGVGGAPR.R (22)	1	F:ligação de proteína	-
159 ¹	D8UBL1	hypothetical protein VOLCADRAFT_1214 83	<i>Volvox carteri</i> f. <i>nagariensis</i>	1309	22	R.EGGGTGAPR.N (22)	3	C:célula; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41
160	Q69TJ3	putative cytochrome <i>P450</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	467	22	R.ATADGER.R (22)	4	F:atividade catalítica; C:mitocôndria; P:processo metabólico; F:ligação	-
161	C1E0M0	predicted protein	<i>Micromonas</i> sp. (strain RCC299/NOUM 17)	873	22	R.ATADADR.A (22)	5	F:Ligação no RNA; F:ligação de proteína; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:transporte; C:intracelular P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e energia; P:processo catabólico; C:citosol; P:processo biossintético; F:atividade quinase; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
162	DAA497 68.1	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_453652	<i>Zea mays</i>	312	22	K.KAPAAAGTTK.A (22)	7	EC:2.7.1; EC:2.7.1.11	-
163	M7ZMX 0	hypothetical protein TRIUR3_23433	<i>Triticum urartu</i>	859	22	K.IGFSAMNDMEVK . R (22)	1	F:ligação de proteína	-
164	V4TAS6	hypothetical protein CICLE_v10019999mg	<i>Citrus clementina</i>	473	22	R.LFSKRGPHIFR.D (22)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

165	A8SE86	DNA-directed RNA polymerase subunit beta	<i>Ceratophyllum demersum</i>	1070	24	K.GIISKILAR.Q (22) K.VGDKVAGR.H (2)	7	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; C:nucléolo; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	EC:2.7.7.6
166	A0A096 T742	hypothetical protein ZEAMMB73_817246	<i>Zea mays</i>	944	22	R.IIGSQPEAR.S (22)	6	F:ligação no nucleotídeo; C:citoesqueleto; F:ligação de proteína; P:processo metabólico; P:processo celular; F:atividade motora	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
167	DAA438 96	TPA: putative AP2/EREBP transcription factor superfamily protein	<i>Zea mays</i>	1185	21	K.ATAPMGR.V (21)	5	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
168	I0Z7U6	hypothetical protein COCSUDRAFT_5923 2	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i> C-169	798	21	R.QLAPGEELT.- (21)	1	F:ligação de proteína	-
169	C1N488	VSP and egf-like extracellular domain- containing protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	3484	21	K.IIFNAPQVSVGRR. L (21)	0	-	-
170	Q9SU18	putative protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	590	21	R.LQGMVASMSR.I (21)	0	-	-
171	Q9FLQ1	unnamed protein product	<i>Arabidopsis thaliana</i>	875	21	K.LADDGNSERR.S (21)	2	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
172	Q9LRY6	unnamed protein product	<i>Arabidopsis thaliana</i>	151	21	R.FGRSSDALAK.S (21)	3	C:núcleo; P:organização do componente celular; P:ciclo celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

173	A4RV70	<i>predicted protein</i>	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	1487	21	R.MDDTDAANAK.L (21)	2	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
174	XP_004299614	<i>PREDICTED: glucan 1,3-beta-glucosidase A-like</i>	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	508	21	K.MTQTSTRVK.A (21)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; F:ligação de proteína; P:organização do componente celular; F:atividade hidrolase	-
175	XP_009774577	<i>PREDICTED: adenylosuccinate lyase-like</i>	<i>Nicotiana glauca</i>	545	21	K.NCCKAIAK.G (21)	5	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	EC:4.3.2.2
176	XP_004137956	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101210504</i>	<i>Cucumis sativus</i>	542	21	K.QVMLTFDMSK.E (23)	1	F:ligação de proteína	-
177	A5B0N8	<i>hypothetical protein VITISV_032923</i>	<i>Vitis vinifera</i>	485	21	K.QVMLTFDMSK.E (23)	3	C:célula; P:homeostase celular; F:ligação de proteína	-
178	B9SAB6	<i>conserved hypothetical protein</i>	<i>Ricinus communis</i>	636	21	K.MDFASDK.A (21)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-
179 ¹	A0A022QJB7	<i>hypothetical protein MIMGU_mgv1a00006 1mg</i>	<i>Erythranthe guttata</i>	1970	21	K.IMPFGNGVR.S (21)	1	F:ligação	-
180	D8TSD4	<i>hypothetical protein VOLCADRAFT_1207 38</i>	<i>Volvox carterii</i>	1799	21	K.WQSGPAR.D (22)	5	F:atividade catalítica; C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
181	XP_008378203	<i>PREDICTED: F-box protein CPR30-like</i>	<i>Malus domestica</i>	487	21	R.ARSSGPAR.D (22)	1	F:ligação de proteína	-
182	W9QRH5	<i>Glutamyl-tRNA reductase 1</i>	<i>Morus notabilis</i>	546	21	R.IGGLFKNAITAGK R.V (22)	5	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica;	EC:1.2.1.70

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo celular	
183	XP_004972480	PREDICTED: uncharacterized acetyltransferase At3g50280-like	<i>Setaria italica</i>	501	21	R.SGAGDKR.D (21)	1	F:atividade transferase	-
184	A9TCU8	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	689	20	K.VLDLSAP.- (20)	6	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:nucleoplasm	EC:2.7.7.6
185	A0A059B3Q4	hypothetical protein EUGRSUZ_H030091, partial	<i>Eucalyptus grandis</i>	179	20	R.IKKAIEGVTEDSI R.S (20)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
186	A0A067GZS3	hypothetical protein CISIN_1g039544mg	<i>Citrus sinensis</i>	290	20	R.ASEMPPFIR.Y (20)	0	-	
187	F2DKR9	predicted protein	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	982	20	R.ATDAVSR.G (20)	0	-	
188	B9GEP8	hypothetical protein POPTR_0001s22140g	<i>Populus trichocarpa</i>	981	20	R.GVSGAPSGGRGR. G (20)	15	P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular; P:ciclo celular; P:reprodução; P:resposta ao estresse; P:regulação de expressão gênica, epigenética; F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:2.7.7.7; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								DNA; P:resposta a estímulos endógenos; P:organização do componente celular; F:atividade transferase; F:atividade hidrolase C:membrana; P:organização do componente celular	
189	D9CIZ3	ALB3_1f	<i>Volvox carteri</i>	474	20	R.RSGAPEAELK.L (20)	2		-
190	V4MBY1	hypothetical protein EUTSA_v10017695mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	96	20	K.KDGFYGGASR.I (20)	0	-	
191	A0A068UVK3	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	489	20	-.MPGPLRNTR.I (20)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
192 ³	XP_009353099	PREDICTED: putative uncharacterized protein DDB_G0292636	<i>Pyrus x bretschneideri</i>		20	K.KDGEHTDKK.G (20)			
193	W9SCP1	Poly(A) polymerase	<i>Morus notabilis</i>	768	20	R.VMSQGKRK.K (20)	3	F:Ligação no RNA; F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
194	W9QW7	Pre-rRNA-processing protein TSR1-like protein	<i>Morus notabilis</i>	800	20	R.TQKHVLSK.A (20)	2	C:núcleo; P:processo_biológico	-
195	A0A096U8L0	hypothetical protein ZEAMMB73_868358	<i>Zea mays</i>	333	20	R.GDLDLLKDDGSR.L (20)	0	-	
196	XP_009393291	PREDICTED: ABC transporter G family member 39-like isoform X1	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	1251	20	K.MKHQTIDDGSR.Y (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
197	A9RKP3	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	233	20	R.NGVGCSGALSAG K.A (20)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

198	DAA531 65	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_360969	<i>Zea mays</i>	2981	20	K.TADVVGAEK.H (20)	2	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
199	A5BV52	hypothetical protein VITISV_014292	<i>Vitis vinifera</i>	303	20	R.VSLRSQDPR.S (20)	0	-	-
200	Q7XCE8	expressed protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	354	20	R.APAVDAARR.G (20)	1	C:mitocôndria	-
201	P27923	ubiquitin-40S ribosomal protein S27a	<i>Zea mays</i>	155	20	R.GGAKKPK.K (20)	7	C:núcleo; P:processo biológico; F:ligação de proteína; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; F:ligação; P:tradução F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	-
202	C4J9Z6	unknown	<i>Zea mays</i>	480	20	K.GGAQKPK.A (20)	6	EC:6.3.4.2	-
203	A9SF34	predicted protein	<i>Physcomitrella</i> <i>patens</i>	353	20	R.VNIAVKYF.- (20)	0	-	-
204	E1Z4R3	expressed protein	<i>Chlorella</i> <i>variabilis</i>	560	20	R.VVLPGVQEADPR. G (20)	0	-	-
205	XP_008 239626	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103338221	<i>Prunus mume</i>	391	20	R.ALVSKSPIR.K (20)	0	-	-
206	O65794	histone H1	<i>Triticum</i> <i>aestivum</i>	284	20	K.AKAPAKTTK.A (20)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:organização do componente celular; C:intracelular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

207	M8C7G6	Putative disease resistance protein RGA3	<i>Aegilops tauschii</i>	1052	20	K.KYLLLGTASK.S (20)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
208	D8UKQ8	hypothetical protein VOLCADRAFT_70603	<i>Volvox carteri</i>	294	20	R.NAQGAPK.G (20)	0	-	-
209	M7Z9M3	LON peptidase N-terminal domain and RING finger protein 1	<i>Triticum urartu</i>	567	20	R.TEAAVKPVR.N (20)	7	P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
210	M5W678	hypothetical protein PRUPE_ppa003306m9	<i>Prunus persica</i>	586	20	R.TQLEQPVR.N (20)	1	F:ligação de proteína	-
211	XP_008223918	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At1g62680, mitochondrial-like	<i>Prunus mume</i>	317	20	R.TKLEQPVR.N (20)	1	F:ligação de proteína	-
212	I1I990	PREDICTED: cytochrome P450 76M5-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	519	20	K.EKFAIVMKK.A (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
213	A8J6Y3	hypothetical protein CHLREDRAFT_185022	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	347	20	R.LMVSGVLPPHK.V (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
214	D7L3T0	hypothetical protein ARALYDRAFT_896606	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	481	20	R.LAMRLVSPMK.S (20)	0	-	-
215	M1K1J5	RNA polymerase beta' subunit	<i>Bismarckia nobilis</i>	1383	20	R.IYNPDPCGNK.I (20)	6	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase;	EC:2.7.7.6

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								C:nucléolo; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	
216	A0A061 FH22	Uncharacterized protein TCM_032390	Theobroma cacao	117	20	K.NLLFVLRMR.S (20)	0	-	
217	Q94CW 5	Os01g0862200	Oryza sativa subsp. Japonica	186	20	R.AAAGKDEIVR.A (20)	9	P:processo metabólico de carboidrato ; C:mitocôndria; C:membrana; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo; P:processo celular; C:tilacóide	-
218	XP_003 610941	hypothetical protein MTR_5g008730	Medicago truncatula	137	20	K.LTVYWWFKSK.I (20)	0	-	
219	I1IU8	PREDICTED: PP2A regulatory subunit TAP46	Brachypodium distachyon	419	20	K.DENPRGAGNK.K (20)	7	P:processos do metabolismo secundário; P:processo catabólico; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; C:citosol; F:atividade de Regulação enzimática; P:processo celular	-
220	S8E2S6	hypothetical protein M569_04784, partial	Genlisea aurea	154	20	R.EFNQLVQGNMK.V (20)	0	-	
221	K8EZ54	hypoxia-responsive family protein	Bathycoccus prasinos	119	20	R.YNNKGRGDVER.T (20)	1	C:membrana	-
222	A9TTV2	predicted protein	Physcomitrella patens	110	20	R.NVALPALKK.T (20)	1	C:membrana	-
223	A0A067 K3Z9	hypothetical protein JCGZ_18673	Jatropha curcas	374	20	R.THMLASAKLKR.A (20)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

224	A3R791	P1B-type ATPase 4, partial	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>petraea</i>	427	20	K.TEGEVGEK.T (20)	0	-	
225	A0A0A0LHI0	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101208860	<i>Cucumis sativus</i>	600	20	K.TENDIEK.L (20)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico; F:ligação a cromatina; C:intracelular	-
226 ²	S8CMR9	hypothetical protein M569_06761, partial	<i>Genlisea aurea</i>		20	K.TEDGIGEK.V (20)			
227	R0ILZ2	hypothetical protein CARUB_v10009517mg	<i>Capsella rubella</i>	365	20	K.TEAAAEK.S (20)	2	C:núcleo; F:Ligação no DNA	-
228	M5W099	hypothetical protein PRUPE_ppa017714mg	<i>Prunus persica</i>	364	20	K.KLSSIPFLRSR.I (20)	0	-	
229	A0A059CCN3	hypothetical protein EUGRSUZ_D00349, partial	<i>Eucalyptus grandis</i>	1228	20	R.TELDNEK.R (20)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
230	A0A067KNP0	hypothetical protein JCGZ_07005	<i>Jatropha curcas</i>	180	20	K.TENVEEK.D (20)	3	C:célula; P:homeostase celular; F:ligação	-
231	XP_009803926	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104249244	<i>Nicotiana glauca</i>	371	20	K.TELTKEK.E (20)	0	-	
232	XP_008786545	PREDICTED: peroxidase 43	<i>Phoenix dactylifera</i>	334	50	K.MGKIGVLTGTEG EIR.Q (50)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação; P:resposta ao estresse	EC:1.11.1.7

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

233 ¹	Q39783	alcohol dehydrogenase 2b	<i>Gossypium hirsutum</i>	379	26	R.IIGIDLNPSR.F (26)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
234 ¹	Q8VZ49	very similar to alcohol dehydrogenase	<i>Arabidopsis thaliana</i>	380	26	K.IIGIDINPDK.F (26)	6	C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:transdução de sinal; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo metabólico; F:ligação	-
235 ¹	V4L485	hypothetical protein EUTSA_v10007878mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	389	26	K.IIGIDLNPDK.F (26)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
236	K7TIT2	hypothetical protein ZEAMMB73_421578	<i>Zea mays</i>	460	24	R.GQSDSYK.G (24)	0	-	-
237	XP_008345261	PREDICTED: putative ribonuclease H protein At1g65750	<i>Malus domestica</i>	477	24	K.LCFFMWKAGRR.A (24)	0	-	-
238	XP_008377369	PREDICTED: ribosomal RNA small subunit methyltransferase NEP1-like	<i>Malus domestica</i>	288	20	R.VLNPDHHEDFMR KK.K (23)	1	F:atividade transferase	-
239	XP_008346314	PREDICTED: coiled-coil domain-containing protein 115-like	<i>Malus domestica</i>	219	20	R.KLGTHPK.S (20)	0	-	-
240	XP_003082796	unnamed protein product	<i>Ostreococcus tauri</i>	244	32	R.DQSAVKALR.D (32)	2	P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	-
241	U5G425	hypothetical protein POPTR_0009s11570g	<i>Populus trichocarpa</i>	375	31	K.AVREYIECK.S (31)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
242	A9SGE7	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	729	29	K.QGYVQRCIWQTR .G (29)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

243	Q00ZE4	<i>RNA pseudouridylate synthases (ISS)</i>	<i>Ostreococcus tauri</i>	441	27	R.TCAPYDFDFVCG VK.A (27)	3	F:Ligação no RNA; F:atividade catalítica; P:processo metabólico que envolve nucleobases P:processo_biológico; P:homeostase celular; P:transdução de sinal; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; P:transporte; C:membrana plasmática; P:resposta ao estresse; F:ligação no nucleotídeo; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:morte celular; P:organização do componente celular; F:atividade quinase P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo celular	EC:5.4.99.12
244	Q9XIW0	<i>serine/threonine protein kinase</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	429	24	K.IHEV <u>M</u> ATK.S (24)	14	F:ligação no nucleotídeo; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:morte celular; P:organização do componente celular; F:atividade quinase P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo celular	-
245	D8UDW 0	<i>hypothetical protein VOLCADRAFT_83790</i>	<i>Volvox carteri</i>	461	24	K.HLK <u>M</u> NGTK.S (24)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase; P:processo celular	-
246	K4BDV 7	<i>PREDICTED: CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 7-like</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	428	24	K.LHEV <u>M</u> ATK.S (24)	6	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase; P:processo celular	EC:2.7.11

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

247	F2DD51	<i>predicted protein</i>	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	495	23	R.KGRLGHDS.- (23)	4	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no RNA; F:ligação	-
248	Q00X83	<i>unnamed protein product</i>	<i>Ostreococcus tauri</i>	625	23	K.QYILASLVGAGW K.L (23)	0	-	-
249	XP_010 241951	<i>PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At4g21705, mitochondrial</i>	<i>Nelumbo nucifera</i>	506	22	R.GKTPIPNSWVIVA VGYESGK.G (22)	1	F:ligação de proteína	-
250	V4LJS5	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa021306m g</i>	<i>Prunus persica</i>	430	22	K.FRKDVTGASSK. K (22)	4	C:célula; P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41
251	A5ALE4	<i>hypothetical protein VITISV_010313</i>	<i>Vitis vinifera</i>	322	21	K.GAMIVMK.G (23)	0	-	-
252	DAA610 48	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_722788</i>	<i>Zea mays</i>	323	21	R.HSPPAPREALR. A (21)	6	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; C:membrana; P:transporte; C:intracelular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
253	B6TY01	<i>zinc finger CCCH type domain-containing protein ZFN-like 6</i>	<i>Zea mays</i>	524	21	K.FNHPARKK.K (21)	1	F:ligação	-
254	D8UFB3	<i>hypothetical protein VOLCADRAFT_1076 32</i>	<i>Volvox carteri</i>	1316	21	K.AVIMASFSR.R (21)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
255	M7YFY 4	<i>hypothetical protein TRIUR3_25764</i>	<i>Triticum urartu</i>	138	21	M.GGFFSAQRK.G (21)	0	-	-
256	XP_006 357508	<i>PREDICTED: putative F-box protein At1g49610-like isoform X1</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	560	21	-.MNMSAKQR.S (21)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

257	B9IMJ4	hypothetical protein POPTR_0018s12150g	<i>Populus trichocarpa</i>	657	21	-.MNSFAHFK.I (21)	1	C:membrana	-
258	K8EL57	unknown protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	492	21	R.ALMDASF SR.R (21)	0	-	-
259	M0TMH 5	PREDICTED: probable protein phosphatase 2C 8	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	338	21	R.EVMAASF SR.V (21)	3	C:célula; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41
260	XP_009 606039	PREDICTED: linoleate 9S- lipoxygenase 5, chloroplastic-like	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	848	21	K.NGV CAYASR.T (21)	4	F:ligação de proteína; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	EC:1.13.11
261	A0A078 H2J2	<i>BnaA08g26030D</i>	<i>Brassica napus</i>	129	21	M.KGLGYWLMVV GSLR.L (21)	1	C:membrana	-
262	XP_008 807407	PREDICTED: transcription initiation factor TFIID subunit 4b-like isoform X1	<i>Phoenix dactylifera</i>	976	21	K.GSSAAAISGGMR K.L (23)	4	F:ligação de proteína; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:nucleoplasm	-
263	G7KFS7	Ubiquitin	<i>Medicago truncatula</i>	390	21	K.HGDSQIK.F (21)	10	C:núcleo; P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo celular	-
264	XP_008 448674	PREDICTED: glycine-rich cell wall	<i>Cucumis melo</i>	255	21	M.HSKASLLQMAIS R.T (21)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

<i>structural protein 1.8-like</i>									
265	XP_009781469	PREDICTED: early nodulin-like protein 2	Nicotiana sylvestris	180	21	K.HGDSKIK.L (21)	1	F:função_molecular	-
266	I1HZ02	PREDICTED: uclacyanin-3-like	Brachypodium distachyon	219	21	MATSTSELLIR.L (21)	2	C:membrana; F:função_molecular	-
267	A8JAU6	hypothetical protein CHLREDRAFT_177665	Chlamydomonas reinhardtii	874	21	K.ARSVLPAR.G (23)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no DNA	-
268	XP_009367500	PREDICTED: carotenoid 9,10(9',10')-cleavage dioxygenase 1-like	Pyrus x bretschneideri	615	21	R.LVMGGPLMKYE K.E (21)	0	-	-
269	XP_006584445	PREDICTED: F-box/LRR-repeat protein 4-like	Glycine max	339	21	R.LSDAGLSALGQD FPK.L (21)	0	-	-
270 ¹	D7PPH7	ADH1	Oryza rufipogon	379	21	R.IIGIDLNAIR.F (21)	4	C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	EC:1.1.1.1
271 ¹	B9S5D3	tradução initiation factor 2b, delta subunit, putative	Ricinus communis	638	21	K.IIVADKVIVK.H (22)	3	F:atividade de fator de tradução, ligação no RNA; C:ribossomo; P:tradução	-
272 ¹	A0A087GTN7	hypothetical protein AALP_AA6G348400	Arabidopsis thaliana	640	21	K.IIVADNLIVK.H (22)	2	P:processo metabólico; P:processo celular	-
273	D1GEB1	Disease resistance protein	Brassica rapa	1290	21	R.LSELSMSGCK.R (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
274	F2CZP9	predicted protein	Hordeum vulgare subsp. vulgare	582	20	K.KPMMNGA.- (21)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
275	F4KA24	uncharacterized protein	Arabidopsis thaliana	184	20	R.VSQLMTPELSQK EK.D (21)	1	C:núcleo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

276	V7C4M1	hypothetical protein PHAVU_004G111400g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	500	20	R.VQPTTVPK.K (21)	0	-	
277	Q94LT0	putative RNase	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	289	20	K.NQNMMELCK.E (21)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.30; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.4
278	A0A072UJC6	hypothetical protein MTR_4g052830	<i>Medicago truncatula</i>	153	20	K.VKKDFENCK.E (21)	0	-	
279	0	FAR1-related protein	<i>Medicago truncatula</i>	299	20	K.IPYCMTNVKGDK.K (21)	2	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
280	XP_006484592	PREDICTED: putative receptor-like protein kinase At3g47110-like	<i>Citrus sinensis</i>	1043	20	K.NLGGIDISENK.L (20)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
281	D8UFX2	Patatin	<i>Volvox carteri</i>	1840	20	R.IMADAAYS.R.W (21)	4	P:processo catabólico; P:processo metabólico de lipídios ; F:ligação; F:atividade hidrolase	-
282	XP_003553799	PREDICTED: NAC domain-containing protein 43	<i>Glycine max</i>	265	20	R.TNRAIIVGFWK.A (20)	3	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
283	XP_008368388	PREDICTED: uncharacterized protein At1g04910-like	<i>Malus domestica</i>	519	20	K.TIRPNMALLGK.L (20)	0	-	
284	Q9SAD9	pentatricopeptide repeat-containing protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	517	20	K.KLSAAYK.V (20)	7	F:ligação de proteína; C:mitocôndria; C:membrana; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético;	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								C:vacúolo; P:processo celular	
285	A0A068V1H8	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	1156	20	K.TEEAMFFLDCML R.G (20)	1	F:ligação de proteína	-
286	V4TTG1	hypothetical protein CICLE_v10020992mg	<i>Citrus clementina</i>	340	33	.APQPPCPIL.- (33)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
287	A0A061DR83	Ligação no RNA,abscisic acid ligação, putative isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	565	28	R.EMALAAIK.G (5) R.HRDRGER.L (23)	5	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no RNA; F:ligação de proteína; P:desenvolvimento de flor; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
288	XP_010320708	PREDICTED: putative late blight resistance protein homolog R1A-4	<i>Solanum lycopersicum</i>	866	25	R.TRSLIFMGGGR.S (25)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
289	U5GUJ0	hypothetical protein POPTR_0001s44770g	<i>Populus trichocarpa</i>	661	25	R.DLSLLKETIVFTT K.L (25)	0	-	
290 ¹	M5VHC5	hypothetical protein PRUPE_ppa021587mg	<i>Prunus persica</i>	1047	25	K.KLVGIEPR.L (25)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
291	E0CQR5	PREDICTED: DUF246 domain-containing protein At1g04910-like	<i>Vitis vinifera</i>	573	23	K.TGTPYTMR.V (23)	0	-	
292	A5BWU7	hypothetical protein VITISV_010429	<i>Vitis vinifera</i>	879	23	K.FFIITER.L (25)	0	-	
293	A9TWU6	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	633	23	R.MRRGDFK.I (23)	1	F:ligação de proteína	-
294	XP_004986364	PREDICTED: UDP-glycosyltransferase 91A1-like	<i>Setaria italica</i>	402	23	R.FFLTLE.C(23)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

295	A0A022 QIH4	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00044 3mg	<i>Erythranthe guttata</i>	1150	23	R.HRDVNER.G (23)	1	F:ligação	-
296	K8F3Y9	unknown protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	723	23	K.FMIVDER.E (23)	2	P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	EC:2.5.1
297	A0A068 V5F0	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	62	23	R.ESSDVNFK.D (23)	0	-	-
298	A0A087 HGD2	hypothetical protein AALP_AA2G096600	<i>Arabis alpina</i>	382	23	K.GFVNVDK.D (23)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
299	A0A0A0 LM96	hypothetical protein Csa_2G380080	<i>Cucumis sativus</i>	452	23	K.MMLVDER.I (23)	0	-	-
300	D7L353	hypothetical protein ARALYDRAFT_34158 3	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	346	23	K.TTKPLVR.D (23)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
301	E4Z8L6	putative polyprotein (retrotransposon protein)	<i>Malus domestica</i>	600	23	K.TDIPNVR.W (23)	2	F:ligação a ácido nucleico; P:Processo metabólico de DNA	-
302	A0A078 DME8	<i>BnaC06g38620D</i>	<i>Brassica napus</i>	321	23	R.TEVPNVR.M (23)	1	F:ligação de proteína	-
303	XP_004 172849	PREDICTED: putative transcription elongation factor SPT5 homolog 1-like, partial	<i>Cucumis sativus</i>	620	23	M.DMEDNLGTLPTF K.N (23)	0	-	-
304	B9H423	hypothetical protein POPTR_0004s14190g	<i>Populus trichocarpa</i>	870	23	K.VKEAHSYSIR.H (23)	6	P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; C:mitocôndria; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:resposta ao estresse	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

305	XP_010 034382	PREDICTED: TMV resistance protein N- like	<i>Eucalyptus grandis</i>	705	23	R.TPNFSDHK.N (25)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
306	P42734	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 9	<i>Arabidopsis thaliana</i>	360	23	K.MVGGSDVGGMK .E (23)	9	P:processos do metabolismo secundário; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo metabólico; P:processo biossintético; C:região extracelular; F:ligação; P:processo celular	EC:1.1.1.195
307	XP_008 364394	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103427770	<i>Malus domestica</i>	1203	23	K.LAYRQNPLSK.T (23)	2	P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse	-
308	XP_003 082588	putative MAP3K alpha 1 protein kinase (ISS)	<i>Ostreococcus tauri</i>	623	23	R.HVAWGDLE.- (23)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
309	A0A078 IW25	BnaA04g28150D	<i>Brassica napus</i>	474	23	R.HGINEKTK.M (23)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
310	XP_003 082382	putative ribonuclease HII (ISS)	<i>Ostreococcus tauri</i>	299	22	K.TTAKAKTTK.T (23)	3	F:Ligação no RNA; F:atividade nucleace; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.30; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.4
311	T2DP81	splicing factor arginine/serine-rich 13A	<i>Phaseolus vulgaris</i>	267	22	R.GYGGRGGGSR. R (22)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

312	B9T780	ring finger protein, putative	<i>Ricinus communis</i>	344	22	R.SASLDSSSAMAIYSSVGK.V (22)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-
313	XP_008798492	PREDICTED: F-box protein FBW2-like	<i>Phoenix dactylifera</i>	291	22	K.VDESEALSVANTMPR.L (22)	0	-	
314	A9SFH7	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	883	21	R.LNSKDDAAAER.S (21)	1	F:Ligação no DNA	-
315	C1FFW4	dynein alpha chain, flagellar outer arm	<i>Micromonas</i> sp. (strain RCC299/NOUM 17)	4434	21	K.MMNNVER.F (23)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:célula; C:citoesqueleto; F:ligação de proteína; P:processo metabólico; P:processo celular; F:atividade motora	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
316	F2CY42	predicted protein	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	923	21	R.DLKVEETRCMEE LR.C (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
317	XP_009588498	PREDICTED: serine/arginine repetitive matrix protein 1 isoform X1	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	980	21	K.TESRVPEDKMLG EK.D (21)	0	-	
318	A4S8L2	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	297	21	R.TTAAKKTTK.T (22)	5	P:processos do metabolismo secundário; P:processo biossintético; C:plastídeo; P:processo celular; F:atividade hidrolase	-
319	A8IRD9	hypothetical protein CHLREDRAFT_170375	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	526	21	K.NDAAPASALPLH MR.G (21)	0	-	
320	I0JTT6	cytochrome P450, putative, expressed	<i>Triticum aestivum</i>	524	21	K.GMAIVIPIMHR.D (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

321	A0A022RL15	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00153 5mg	<i>Erythranthe guttata</i>	800	21	K.FLHEEVFGDMQL K.L (21)	3	C:célula; P:transporte; P:processo celular	-
322	F2CVC1	predicted protein	<i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i>	235	20	- .MAGTGDDAGMDE VQR.R (20)	5	F:atividade catalítica; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:5.3.3.2
323	L7QNZ1	arginine/serine-rich 45 protein	<i>Nicotiana tabacum</i>	413	20	- .MAGTGDDAGMDE VQR.R (23)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-
324	V4MMY4	hypothetical protein EUTSA_v10024190mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	1938	20	K.QLQEGMATK.A (20)	0	-	-
325	G7IYP8	hypothetical protein MTR_3g013970	<i>Medicago truncatula</i>	110	20	R.IDPKPPPIKKWDE K.T (20)	0	-	-
326 ¹	XP_010268823	PREDICTED: cytochrome c-type biogenesis ccda-like chloroplastic protein	<i>Nelumbo nucifera</i>	358	20	R.DQRNGHGK.Y (20)	3	C:membrana; P:processo metabólico; P:organização do componente celular	-
327	C5WMJ9	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g037730	<i>Sorghum bicolor</i>	237	20	R.AMAAGKAAMK. K (20)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.113; EC:3.2.1.24; EC:3.2.1
328	Q9GHJ9	maturase K	<i>Lycium andersonii</i>	393	20	R.DFMRYLSSVR.L (20)	3	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	-
329	B6SKY7	ligação de proteína protein	<i>Zea mays</i>	631	20	M.GKMNCFSGLLSG KSK.A (20)	1	F:ligação de proteína	-
330	C6THH9	unknown	<i>Glycine max</i>	254	20	R.DDYRDRDYR.R (20)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

331	E1ZMV 4	hypothetical protein CHLNCRAFT_1383 56	<i>Chlorella variabilis</i>	152	20	R.DDYRRDDYR.R (20)	0	-	
332	E1ZMY 6	hypothetical protein CHLNCRAFT_1383 91	<i>Chlorella variabilis</i>	554	20	R.EGGPAVLLR.Q (20)	1	F:ligação de proteína	-
333	A0A078 JDU1	<i>BnaC07g50240D</i>	<i>Brassica napus</i>	264	20	K.NAAHGVYSEGIR. A (20)	0	-	
334	XP_009 798085	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104244371, partial	<i>Nicotiana sylvestris</i>	330	20	R.VIQGGGQPR.L (20)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
335	M0T4M 7	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103987107	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	124	20	- .MASASAVTMAMP GVGR.S (20)	4	C:membrana; P:fotossíntese; C:plastídeo; C:tilacóide	-
336	XP_009 419831	PREDICTED: paramyosin-like	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	953	20	K.VIEEGDNISRLQM EQLR.L (20)	0	-	
337	C6ZS20	<i>dhs2</i>	<i>Glycine max</i>	384	20	K.TRLSLFCGEK.K (20)	2	P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	-
338	A2Q3K0	AAA ATPase; ABC transporter, transmembrana region, type 1	<i>Medicago truncatula</i>	613	20	R.LGEFDDILDRSNS K.S (20)	7		EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
339	XP_004 158093	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101226286	<i>Cucumis sativus</i>	297	20	K.KITAPEPR.- (20)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

340	A0A067 L8K4	hypothetical protein JCGZ_01207	<i>Jatropha curcas</i>	778	20	R.FIIQACGLDGVCQ K.L (20)	3	C:citoplasma; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.96
341	A0A022 QXB3	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00007 6mg	<i>Erythranthe guttata</i>	1886	20	K.EIVAVPKR.S (20)	1	F:ligação de proteína	-
342	I1HKT4	PREDICTED: ER membrana protein complex subunit 1	<i>Brachypodium distachyon</i>	989	20	R.KLLIILTKAGK.V (20)	7	C:citoplasma; C:membrana; C:Complexo de Golgi; C:retículo endoplasmático; C:vacuolo; P:transporte; C:membrana plasmática	-
343	XP_009 417697	PREDICTED: transcription factor TT2	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	300	20	R.TTAVRCNK.V (20)	1	F:Ligação no DNA	-
344	A0A078 J6I4	<i>BnaA07g38030D</i>	<i>Brassica napus</i>	282	20	R.TTSSSSALVGK.E (20)	3	F:Ligação no DNA; F:ligação a cromatinacromatina; C:intracelular	-
345	B9N320	<i>Lysyl-tRNA synthetase family protein</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	603	20	K.YGGLSNGEHLED VSVSLAGRIMSK.R (20)	8	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular; P:tradução	EC:6.1.1.6; EC:6.1.1
346	XP_008 378403	PREDICTED: disease resistance protein RPM1-like	<i>Malus domestica</i>	863	20	K.LDELLPNMLSKF DPK.G (20)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
347	S8CXA1	hypothetical protein M569_02714	<i>Genlisea aurea</i>	965	20	R.VRASMTGK.G (20)	1	F:ligação de proteína	-
348	F2DQL5	predicted protein	<i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i>	547	38	K.TETSDDNMRR.Q (38)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

349	A0A022 RAM7	hypothetical protein MIMGU_mgv1a02421 6mg, partial	<i>Erythranthe guttata</i>	514	34	R.VRKT <u>M</u> STR.R (34)	1	F:ligação de proteína	-
350	XP_010 275096	PREDICTED: mitogen-activated protein kinase kinase 4-like	<i>Nelumbo nucifera</i>	510	27	R.QADPVSSHLNK.C (27)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
351	K4B2A0	PREDICTED: metacaspase-3-like isoform X1	<i>Solanum lycopersicum</i>	361	26	R.GHAKSLKGSIND ALSMR.Y (26)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.22; EC:3.4
352	XP_003 084040	unnamed protein product, partial	<i>Ostreococcus tauri</i>	818	25	-. <u>M</u> ATGESR.T (25)	1	P:transporte	-
353	V4TQ65	hypothetical protein CICLE_v10031335mg	<i>Citrus clementina</i>	494	24	R.ECKGTNDSGEK. N (24)	0	-	-
354	XP_008 360015	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: probable metal- nicotianamine transporter YSL7	<i>Malus domestica</i>	705	24	K.GSDTQSDNSDAK .Q (24)	2	P:transporte; P:processo celular	-
355	XP_006 577551	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100791086	<i>Glycine max</i>	850	24	K.ETIMTDDNASK.T (24)	0	-	-
356	B2BXY 8	non-LTR retrotransposon transposase	<i>Arabidopsis cebenensis</i>	799	24	R.VIM <u>L</u> GMRE.E (24)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.30; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.4
357 ¹	D8UA54	hypothetical protein VOLCADRAFT_9645 3	<i>Volvox carteri</i>	787	24	R.VMLLT <u>S</u> R.R (24)	0	-	-
358	A0A078 ES50	<i>BnaC05g18590D</i>	<i>Brassica napus</i>	349	24	K.VLM <u>I</u> DTK.G (24)	1	F:ligação de proteína	-
359	N0GU28	putative dymeclin, partial	<i>Schiedea sarmentosa</i>	95	24	K.LAEIQHDK <u>M</u> LIN K.V (24)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

360	W9R784	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 1	<i>Morus notabilis</i>	517	23	K.QEKVLVLPWMR.S (23)	4	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
361	A5AI76	hypothetical protein VITISV_035302	<i>Vitis vinifera</i>	734	23	K.ILISLGTLDSENK.C (23)	0	-	
362	XP_004487150	PREDICTED: DNA repair protein RAD51 homolog 2-like isoform X1	<i>Cicer arietinum</i>	367	23	K.GMAQEMAGRIR.I (23)	6	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	
363	XP_003081774	unnamed protein product, partial	<i>Ostreococcus tauri</i>	243	23	R.TRVKMSTR.G (23)	0	-	
364	F2E408	predicted protein	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	1368	23	R.TMNGNGASSLEK.Q (23)	5	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação; F:função_molecular	-
365	B9HVR5	hydroxyproline-rich glycoprotein	<i>Populus trichocarpa</i>	699	23	R.TFNGNSSENV.R.S (23)	0	-	
366	A0A059ATD3	hypothetical protein EUGRSUZ_102398	<i>Eucalyptus grandis</i>	531	23	K.TTSEDEMANVK.G (23)	3	P:transporte; C:intracelular; F:atividade transportadora	-
367	C5XX10	hypothetical protein SORBIDRAFT_04g006650	<i>Sorghum bicolor</i>	442	22	R.LGEMGQSTR.A (22)	1	P:processo_biológico	
368	A0A061E4Y5	Uncharacterized protein isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	144	22	R.GMLAGSMRGAL.R.V (23)	0	-	
369	XP_004512799	PREDICTED: CDT1-like protein b-like isoform X1	<i>Cicer arietinum</i>	779	22	R.SSIESPDMK.I (22)	0	-	
370	A0A022RBV3	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00152 4mg	<i>Erythranthe guttata</i>	803	22	R.VHASGLGENCK.W (22)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal;	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo metabólico; F:atividade de transdução de sinal; F:atividade hidrolase	
371	A0A022 QSU8	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00011 9mg	<i>Erythranthe guttata</i>	1734	22	R.LGVVDEQLRKR. K (22)	5	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
372	XP_008 811066	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103722329	<i>Phoenix dactylifera</i>	850	22	K.IRVEDLMHKR.D (22)	2	C:citoesqueleto; P:organização do componente celular	-
373	XP_009 617162	PREDICTED: desmoplakin-like CAC1H_MOUSE	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	566	22	K.IVRMNEGIPKR.G (22)	0	-	-
374	XP_003 074718	Voltage-dependent T- type calcium channel alpha-1H subunit (ISS)	<i>Ostreococcus tauri</i>	1790	21	R.SSMRIDDSASR.L (24)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
375	M7ZR17	hypothetical protein TRIUR3_18060	<i>Triticum urartu</i>	1296	21	R.RLASDGVDIISK.S (21)	0	-	-
376	B9IQD4	avirulence-responsive family protein	<i>Populus trichocarpa</i>	335	21	R.VTDMVEMKLK.E (21)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
377	XP_004 504217	PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB- 14-like	<i>Cicer arietinum</i>	847	21	K.VESMASDTILK.Q (21)	2	F:Ligação no DNA; F:interação com lipídios	-
378	Q9LJJ6	mitochondrial protein- like	<i>Arabidopsis thaliana</i>	475	21	K.EKNLMTSR.E (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana plasmática; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
379	B3H7G0	RNA recognition motif-containing protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	289	21	R.LQSRMGMR.K (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico; C:citoplasma	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

380	C1N9U0	<i>predicted protein, partial</i>	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	323	21	R.IHAYMTSR.G (21)	0	-	
381	XP_004300456	<i>PREDICTED: PH-interacting protein-like</i>	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	1550	21	R.LQRSMSTR.N (21)	1	F:ligação de proteína	-
382	R0FFG4	<i>hypothetical protein CARUB_v10000988mg</i>	<i>Capsella rubella</i>	437	21	K.KMPKMMGR.D (21)	0	-	
383	XP_009589790	<i>PREDICTED: glucan endo-1,3-beta-glucosidase 12-like</i>	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	258	21	R.NIRTMSTR.I (21)	0	-	
384	XP_010248882	<i>PREDICTED: transcription factor GTE10-like</i>	<i>Nelumbo nucifera</i>	784	21	R.KVSVAMMGR.T (21)	1	F:ligação de proteína	-
385	A0A078ER28	<i>BnaC01g15800D</i>	<i>Brassica napus</i>	600	21	K.AMNNKF SVGMR.F (21)	7	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
386	A5C1K1	<i>hypothetical protein VITISV_010483</i>	<i>Vitis vinifera</i>	990	20	R.IISQLALEVTIKLK.E (20)	1	F:ligação de proteína	-
387	FCBI20507	<i>unnamed protein product</i>	<i>Vitis vinifera</i>		20	K.IEANKERCCGGF K.N (20)			
388	XP_006654854	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC102718365 isoform X1</i>	<i>Oryza brachyantha</i>	263	20	K.IGAANKGKVPWT NGR.K (20)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

389	V7CLC1	hypothetical protein PHAVU_002G088100 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	270	20	K.IEANQQPPFFIHK. E (20)	0	-	
390	A0A022 QNN1	hypothetical protein MIMGU_mgv1a01877 0mg, partial	<i>Erythranthe guttata</i>	675	20	K.IISKITQREILVR.D (20)	1	F:ligação de proteína	-
391	A0A067 DEJ6	hypothetical protein CISIN_1g0464491mg, partial	<i>Citrus sinensis</i>	104	20	K.IEAQIAQVGTAK VLK.N (20)	0	-	
392	XP_009 770769	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104221404	<i>Nicotiana sylvestris</i>	229	20	K.IKAIEEITVVINVK .A (20)	0	-	
393	XP_004 237495	PREDICTED: serine/threonine- protein kinase At3g07070-like	<i>Solanum lycopersicum</i>	666	20	K.IISNQPCLRKSPR. S (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
394	XP_010 312922	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104644552	<i>Solanum lycopersicum</i>	290	20	R.IQAELGQDVVQI QK.E (20)	0	-	
395	S8C421	hypothetical protein M569_15629, partial	<i>Genlisea aurea</i>	367	20	R.VLSFGWRFARDI LPVK.A (20)	1	F:ligação a ácido nucleico	-
396	A0A058 ZZB0	PREDICTED: heat stress transcription factor B-2b	<i>Eucalyptus grandis</i>	286	20	R.LFGVPIGAKRGR. E (20)	8	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:resposta a estímulos abióticos; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:resposta ao estresse; C:intracelular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

397	A0A078JM69	<i>BnaA07g36270D</i>	<i>Brassica napus</i>	245	20	K.VLSGFPTSGGVQ KLVDATK.V (20)	2	C:membrana; P:transporte	-
398	XP_008786313	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103704691 isoform X1	<i>Phoenix dactylifera</i>	1686	20	K.ISEMDGGSIGTTS PR.K (20)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-
399	A5BAD3	hypothetical protein VITISV_024588	<i>Vitis vinifera</i>	1023	20	R.LASPDEAKAVIA K.G (20)	5	C:núcleo; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:resposta ao estresse	-
400	XP_009392850	PREDICTED: F- box/kelch-repeat protein At5g42350- like	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	539	20	K.TAPMKSAR.S (20)	1	F:ligação de proteína	-
401	A0A059BB36	hypothetical protein EUGRSUZ_G00714	<i>Eucalyptus grandis</i>	477	27	R.LPKLKCVWK.K (27)	0	-	-
402	A4RXR0	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	387	23	R.ATVTTTTKR.G (23)	4	F:atividade catalítica; C:citoplasma; P:processo biossintético; P:processo celular	EC:2.5.1.47
403	CBI26961	unnamed protein product	<i>Vitis vinifera</i>	500	23	K.GDAQTTER.E (23)	1	F:Ligação no DNA	-
404	XP_004498034	PREDICTED: vegetative cell wall protein gp1-like Plant calmodulin-	<i>Cicer arietinum</i>	158	23	R.TTTTTKPK.T (23)	0	-	-
405	A0A061EF20	ligação protein- related, putative isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	588	23	R.ATSLTTRK.N (23)	3	F:ligação de proteína; C:membrana; C:vacúolo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

406	V7CFP4	hypothetical protein PHAVU_003G224000 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	549	23	R.TATTVEKK.G (23)	2	P:processo metabólico de lipídios ; F:atividade hidrolase	-
407	A0A087 H3T3	hypothetical protein AALP_AA4G170500	<i>Arabis alpina</i>	337	22	-.MSSPSSSSLVK.F (22)	2	P:processo celular de modificação de proteínas; P:transporte	-
408	Q7XAP5	ABA inducible protein	<i>Triticum aestivum</i>	169	22	K.TAEATDAAK.Q (22)	0	-	-
409	XP_008 671710	PREDICTED: uncharacterized protein C713.09-like	<i>Zea mays</i>	181	22	R.QFEVAQAT.- (22)	0	-	-
410	M0RME 9	PREDICTED: F-box protein At4g18380- like	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	354	22	R.TQVPASNMKLK. Y (22)	1	F:ligação de proteína	-
411 ¹	XP_004 513192	PREDICTED: chloride channel protein CLC-b-like	<i>Cicer arietinum</i>	792	22	M.NLVESTTRNNK. M (22)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
412	XP_009 147817	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103871328	<i>Brassica rapa</i>	673	21	R.ATTTVTKR.R (23)	0	-	-
413	XP_010 026050	PREDICTED: TMV resistance protein N- like	<i>Eucalyptus grandis</i>	643	21	R.RTYGPFGNESGK. F (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
414	A0A022 RP60	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00640 5mg	<i>Erythranthe guttata</i>	445	21	K.FGDVRGSSVWPLG FLMRSCGMLR.N (21)	0	-	-
415	XP_003 613932	hypothetical protein MTR_5g042810	<i>Medicago truncatula</i>	250	21	K.VEVGSSVAGAVN K.I (21)	0	-	-
416	A0A068 UTM9	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	353	21	R.GWLSEHMYLYQ GFWCPTR.V (21)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
417	K8E9Z1	predicted protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	705	21	R.GWLSEHMYLYQ GFWCPTR.V (21)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

418	C5XR20	hypothetical protein SORBIDRAFT_03g02 7940	<i>Sorghum bicolor</i>	369	21	R.VDEAVEVYR.R (21)	0	-	
419	D0QEK 4	unknown protein	<i>Triticum aestivum</i>	111	20	M.TMATVGAAR.A (22)	0	-	
420	XP_010 230059	PREDICTED: zinc finger MYM-type protein 1-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	727	20	K.KRSVSSGDR.S (20)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação de proteína	-
421	A0A059 BX07	hypothetical protein EUGRSUZ_F03938	<i>Eucalyptus grandis</i>	128	20	K.REGAGLGLGPSE RIK.G (20)	0	-	
422	Q10M28	Homeobox domain containing protein, expressed	<i>Oryza sativa</i> subsp. Japonica	356	20	-.MEGSSNSPDR.Q (20)	2	C:núcleo; F:Ligação no DNA	-
423	E1ZT65	hypothetical protein CHLNCDRAFT_1416 19	<i>Chlorella variabilis</i>	456	20	R.TPVPLSYSR.H (20)	0	-	
424	K7ZTU6	maturase K (chloroplast)	<i>Crepidiorhopalon tenuis</i>	507	20	K.IDRLVNVFIK.V (20)	3	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	-
425	DAA451 85	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_313698	<i>Zea mays</i>	588	20	K.MQAHLIPVDTPR. S (20)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
426	G7LIL4	hypothetical protein MTR_8g085700	<i>Medicago truncatula</i>	120	20	-.MEGGSSNGRK.G (20)	1	C:membrana	-
427	A5ALP4	hypothetical protein VITISV_015615	<i>Vitis vinifera</i>	100	20	R.VKLGATYATJVSVE EVKEK.V (20)	0	-	
428	A0A078 FPK7	<i>BnaC04g48040D</i>	<i>Brassica napus</i>	366	20	R.VKIAYGAAKGM EFLHEK.V (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	EC:2.7.10
429	XP_008 378910	PREDICTED: CBL- interacting	<i>Malus domestica</i>	446	31	K.CSAAAIMTK.I (31)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; P:processo celular de	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

		serine/threonine-protein kinase 5						modificação de proteínas; F:atividade quinase F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	
430	W9RB2 5	Serine/threonine-protein kinase Nek5	<i>Morus notabilis</i>	965	30	K.TLIKGM <u>ML</u> R.K (22) K.KSHYEQ <u>R</u> .S (12)	3		-
431	A9SR68	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	1219	29	R.VVKSEPALDELN RK.V (29)	0	-	
432	Q8S3P0	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	353	28	R.IPFNPDS.- (11) R.RIPFNPDS.- (17)	1	F:ligação de proteína	-
433	C1N4U6	predicted protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	313	28	K.DAVGASGGT <u>MR</u> . R (28)	0	-	
434	D8U1T7	hypothetical protein VOLCADRAFT_1181 06	<i>Volvox carteri</i> f. <i>nagariensis</i>	713	28	R.GGNGDDGGDDDD EDDEDEAADGL <u>LM</u> GSDDSDK.V (28)	1	F:ligação de proteína	-
435	XP_008 447192	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At5g02830, chloroplastic isoform X1	<i>Cucumis melo</i>	850	27	R.IPIQHYAGVATK. L (27)	1	F:ligação de proteína	-
436	Q8L7N0	TCP-1 chaperonin-like protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	535	27	R.N <u>MR</u> KPTA.- (27)	9	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo catabólico; P:organização do componente celular; C:citosol; P:processo biossintético; P:processo celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

437	XP_004978915	PREDICTED: protein translocase subunit SECA2, chloroplastic-like isoform X2	<i>Setaria italica</i>	860	27	-.MRDAEWMGR.V (27)	3	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:transporte	-
438	Q9LKU4	Hypothetical protein T32B20.f	<i>Arabidopsis thaliana</i>	1504	27	R.RVSQYATK.A (27)	5	F:ligação a ácido nucleico; P:processo metabólico proteico; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA; F:atividade hidrolase	EC:3.4.23
439	A0A022RTQ4	hypothetical protein MIMGU_mgv1a01855 8mg	<i>Erythranthe guttata</i>	416	27	R.LIDYEATK.N (27)	0	-	
440	XP_004135098	PREDICTED: putative DNA repair protein RAD23-3-like	<i>Cucumis sativus</i>	407	26	K.VAENSFIVIMLT.K.N (26)	8	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo catabólico; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; P:processo celular	-
441	K4BNL9	PREDICTED: ubiquitin receptor RAD23c	<i>Solanum lycopersicum</i>	409	26	K.VAESNFIVIMLT.K.S (26)	8	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo catabólico; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; P:processo celular	-
442	E1Z4J2	hypothetical protein CHLNCDRAFT_1378 05	<i>Chlorella variabilis</i>	381	25	R.FHRSAPGGMGGT.K.C (25)	3	P:processo metabólico; F:atividade transferase; P:processo celular	EC:2.6.1.42
443	A0A068UH91	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	435	25	M.DVMTRSSVFGR.L (25)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

444	K4BXN4	PREDICTED: putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g68930	<i>Solanum lycopersicum</i>	743	25	K.GKIYFESMVK.E (6) K.IISKITQREILVR.D (20)	1	F:ligação de proteína	-
445	A5AHJ9	hypothetical protein VITISV_029998	<i>Vitis vinifera</i>	468	25	R.HTIHPGGTK.M (25)	0	-	-
446	XP_008375724	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103438960	<i>Malus domestica</i>	657	24	K.CSAFLVKK.V (24)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
447	A0A096PGG0	hypothetical protein ZEAMMB73_428788	<i>Zea mays</i>	151	24	R.TFRLSVAR.F (24)	0	-	-
448	Q84L46	phopholipase D	<i>Mirabilis jalapa</i>	578	24	K.VCMLVWDDR.T (24)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
449	V4S9U8	hypothetical protein CICLE_v10029121mg	<i>Citrus clementina</i>	252	24	- .MSMKSVLWEEDG SLVYFK.G (24)	0	-	-
450	XP_003080887	Predicted lipase/calmodulin- ligação heat-shock protein (ISS), partial	<i>Ostreococcus tauri</i>	810	24	R.YAIGAYGTGSAL VSDASLREK.W (24)	1	P:processo metabólico de lipídios	-
451	B9R8S9	conserved hypothetical protein	<i>Ricinus communis</i>	143	24	R.VPVIHVDG.- (24)	0	-	-
452	D7LJ20	hypothetical protein ARALYDRAFT_90177 0	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	783	24	K.VMLIESK.I (24)	1	F:ligação	-
453	V7AK25	hypothetical protein PHAVU_010G007200 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	674	24	K.VMLLESK.Q (24)	0	-	-
454	Q39472	Isopentenyl- diphosphate Delta- isomerase I	<i>Clarkia breweri</i>	287	24	R.IVSLPLLSSPPSR. V (24)	6	F:atividade catalítica; P:processo metabólico de lipídios ; P:fotossíntese; P:processo biossintético;	EC:5.3.3.2

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

455	W9QV7 4	putative S-acyltransferase	<i>Morus notabilis</i>	464	24	K.VPKDPSILPR.I (24)	6	P:processo celular; F:atividade hidrolase P:processo metabólico proteico; C:membrana; P:processo biossintético; F:ligação; F:atividade transferase; P:processo celular	EC:2.3.1.225; EC:2.3.1
456	XP_003 588652	Myosin-like protein	<i>Medicago truncatula</i>	2774	23	K.IDMPSHLRSMEM DDRIEWWVGR.A (24)	0	-	
457	B9RXH 5	WRKY transcription factor, putative	<i>Ricinus communis</i>	580	23	K.TTTISVKK.E (23)	5	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
458	A0A068 VIY7	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	897	23	K.GRQIGFEGCLK.N (23)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
459	XP_009 770497	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104221195	<i>Nicotiana glauca</i>	225	23	R.EATMRLK.F (23)	2	F:ligação a ácido nucleico; P:Processo metabólico de DNA	-
460	I3SPZ7	unknown	<i>Medicago truncatula</i>	346	23	R.VVTSGNAK.F (23)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
461	XP_004 163536	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: squalene monooxygenase-like	<i>Cucumis sativus</i>	524	23	K.TATVSNER.R (23)	7	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; C:membrana; P:processo metabólico; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; P:processo celular	EC:1.14.13.132; EC:1.14.13

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

462	A0A078 HZZ9	<i>BnaA09g16030D</i>	<i>Brassica napus</i>	245	23	K.TAEADSQR.T (23)	7	C:núcleo; P:processo metabólico proteico; C:citoplasma; P:processo catabólico; C:intracelular; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.4.25
463	C1E8I2	monovalent Cation:Proton antiporter-1 family	<i>Micromonas sp.</i> (strain RCC299/NOUM 17)	511	23	R.GPFCSLVMSVTV VK.D (23)	5	P:processo_biológico; C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
464	XP_009 611402	PREDICTED: ethylene-responsive transcription factor 2- like	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	242	23	K.KVAQLYN.- (23)	5		-
465	XP_010 042847	PREDICTED: ATP- dependent zinc metalloprotease FTSH 10, mitochondrial-like	<i>Eucalyptus grandis</i>	130	22	R.FFFSPWY.- (22)	0	-	
466	K4CMR 9	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101249748 isoform X1	<i>Solanum lycopersicum</i>	463	22	K.KGHLTVS.- (22)	1	F:ligação de proteína	-
467	Q84S47	<i>Os08g0163500</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	439	22	R.MDIGPEWR.D (22)	1	F:função_molecular	
468	A4S5S2	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	1007	22	K.KAALMENAR.E (22)	0	-	
469	A5CA12	hypothetical protein VITISV_040705	<i>Vitis vinifera</i>	1187	22	R.DMMHQDVK.V (22)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease;	EC:3.1.30; EC:3.1;

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.26; EC:3.1.26.4
470	XP_008463805	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC103501860	<i>Cucumis melo</i>	840	22	K.KAHEEHLR.I (22)	5	F:ligação a ácido nucleico; P:processo metabólico proteico; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA; F:atividade hidrolase	EC:3.4.23
471	A0A067L6M7	hypothetical protein JCGZ_23830	<i>Jatropha curcas</i>	1031	22	K.MEKASAAAAS.- (22)	3	F:ligação de proteína; P:transporte; C:intracelular	-
472	F6HNE0	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100265085	<i>Vitis vinifera</i>	400	22	R.KCNYVNVYMK.W (22)	4	F:Ligação no RNA; C:mitocôndria; P:organização do componente celular; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
473	V7BU70	hypothetical protein PHAVU_006G220400g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	291	22	R.MSAIYTAGMMA R.N (22)	0	-	-
474	K8F2K5	DNA topoisomerase VI subunit B	<i>Bathycoccus prasinos</i>	705	22	K.TLSGFFNK.E (22)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:organização do componente celular; P:Processo metabólico de DNA; C:intracelular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:5.99.1; EC:5.99.1.3; EC:3.6.1.15
475	K7K5T7	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At3g57430, chloroplastic-like	<i>Glycine max</i>	754	22	K.VNAHAIAAMLITF TR.Q (22)	0	-	-
476	A0A087GYS8	hypothetical protein AALP_AA5G225000	<i>Arabis alpina</i>	1177	22	R.VHVACKEIITME K.Q (22)	0	-	-
477	B9INU2	hypothetical protein POPTR_0019s14150g	<i>Populus trichocarpa</i>	278	22	R.CSAIISSSK.N (22)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

478	G7I8F5	hypothetical protein MTR_1g030330	<i>Medicago truncatula</i>	65	22	K.NLEVEMGQLVK. Q (22)	0	-	
479	XP_003 616029	Cell division protease ftsH-like protein	<i>Medicago truncatula</i>	689	22	K.LNSNDQM Y MK.L (22)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico proteico; C:membrana; F:atividade hidrolase	EC:3.4.24
480	G7K1H4	NHL repeat protein	<i>Medicago truncatula</i>	560	22	K.AIAGKSMM K .F (22)	1	F:ligação de proteína	-
481	XP_008 779336	PREDICTED: RAD50-interacting protein 1	<i>Phoenix dactylifera</i>	850	22	R.CSANIFLK.H (22)	2	C:retículo endoplasmático; P:transporte	-
482	A0A087 GUD3	hypothetical protein AALP_AA5G019300	<i>Arabis alpina</i>	459	22	K.NLTKFQKIQR.G (22)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.23
483	A0A078 GB58	BnaC05g24240D	<i>Brassica napus</i>	843	22	K.CSAGLWMK.E (22)	0	-	
484	R0G941	hypothetical protein CARUB_v10026060m g	<i>Capsella rubella</i>	625	22	K.CCLVGEKRR.H (22)	2	P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	-
485	C1EH19	histone acetyltransferase	<i>Micromonas sp.</i> (strain RCC299 / NOUM17)	512	22	K.DEDAIGPHDVSY YVRYAGMDKR.L (22)	8	P:processo metabólico proteico; P:organização do componente celular; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular; C:nucleoplasm	EC:2.3.1.48; EC:2.3.1
486	Q947C2	P450 monooxygenase	<i>Gossypium arboreum</i>	536	22	R.CPGDSSNVGGYS VPK.G (22)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

487	XP_004144451	PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 34-like	<i>Cucumis sativus</i>	237	22	R.VRSMEENSNK.A (22)	0	-	
488	D3IVS4	putative retrotransposon protein	<i>Phyllostachys edulis</i>	1429	22	K.TTTEAAKR.F (23)	4	F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease; P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.30; EC:3.1; EC:3.1.26; EC:3.1.26.4
489	K8F2L5	unknown protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	744	22	K.TTTTTPKK.K (23)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
490	XP_009101738	PREDICTED: G-box-ligação factor 4	<i>Brassica rapa</i>	266	22	K.VMHSPTSTNSDP SR.R (22)	7	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
491	A0A067L980	hypothetical protein JCGZ_01472	<i>Jatropha curcas</i>	503	22	R.TEPLAMNR.K (22)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
492	XP_008393178	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At4g39530	<i>Malus domestica</i>	844	22	K.MPERNSVTWSS MVSMYTK.H (22)	1	F:ligação de proteína	-
493	H8PF95	NADH dehydrogenase subunit F	<i>Anarthria prolifera</i>	678	21	K.NQNMLFMGGLT K.Y (21)	9	P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; C:membrana; P:processo biossintético; F:ligação;	EC:1.6.99.5; EC:1.6.99.3; EC:1.6.5.3

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:transporte; C:plastídeo; P:processo celular	
494	D8U0Y1	hypothetical protein VOLCADRAFT_75328	<i>Volvox carteri</i>	219	21	K.RGVLITSR.S (21)	4	P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.41
495	F2EH12	predicted protein	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	258	21	R.RRLDVSR.I (21)	6	P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação à carboidratos	EC:2.4.1
496	M5X5D4	hypothetical protein PRUPE_ppa022359mg	<i>Prunus persica</i>	514	21	K.RRDIVSR.L (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
497	K8F2Q9	predicted protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	375	21	R.RRGGVGGSR.V (21)	0	-	
498	XP_008340782	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103403724	<i>Malus domestica</i>	477	21	R.RRGAQASR.S (21)	1	F:Ligação no DNA	-
499	A0A078JSB9	<i>BnaAnng33920D</i>	<i>Brassica napus</i>	115	21	R.RGVVEVSR.T (21)	0	-	
500	A0A090M606	unnamed product	<i>Ostreococcus tauri</i>	229	21	R.RRLTLR.M (21)	0	-	
501	XP_009402420	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103986209	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	540	21	K.RRAQQSR.G (21)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

502	XP_009 405247	PREDICTED: floricaula/leafy homolog	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	435	21	R.RRLVDSR.L (21)	3	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
503	XP_008 370085	PREDICTED: cyclic nucleotídeo-gated ion channel 1-like RecName: Full=Aminopeptidase M1-D; AltName: Full=Alpha- aminoacylpeptide hydrolase	<i>Malus domestica</i>	773	21	K.BXKLQILXX.V (21)	0	-	
504	Q6K4E7		<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	873	21	R.NALQMKKLSLM DK.I (21)	5	P:processo metabólico proteico; C:membrana; C:retículo endoplasmático; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.4.11
505	C5Y512	hypothetical protein SORBIDRAFT_05g00 3420	<i>Sorghum bicolor</i>	364	21	K.VADLSSQENM K.K (21)	5	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
506	XP_008 458281	PREDICTED: protein TRIGALACTOSYLDIA CYLGLYCEROL 4, chloroplastic	<i>Cucumis melo</i>	468	21	R.TLDGSASPVPSPF HLLPLGLSR.G (21)	0	-	
507	XP_010 275324	PREDICTED: DNA replication ATP- dependent helicase/nuclease DNA2 isoform X1	<i>Nelumbo nucifera</i>	1351	21	K.QSPNSVGK.L	5	P:processo catabólico; F:atividade nuclease; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; F:atividade hidrolase	EC:3.1.30; EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.1.21; EC:3.1; EC:3.6.1.15
508	XP_009 783986	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104232469	<i>Nicotiana sylvestris</i>	159	21	K.VTTSAMCK.T (21)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

509 ¹	D7LR29	cytochrome P450	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	483	21	R.LDENKHAVNKEK.I (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
510	A9SQF4	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	763	21	R.VLLSSTWTPGGP LR.V (21)	0	-	-
511	XP_003619832	Disease resistance-like protein GS3-3	<i>Medicago truncatula</i>	962	21	R.VKWSNLMSEMD K.A (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
512	K4K513	<i>Rps14</i> , partial (chloroplast)	<i>Passiflora ciliata</i>	101	21	K.VLSLSDKSEAIHG K.L (21)	5	P:processo biológico; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; C:plastídeo; P:tradução	-
513	XP_004306608	PREDICTED: protein CCA1-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	778	21	R.VANAGSHCEEKG PK.R (21)	1	F:Ligação no DNA	-
514	A0A059A1K6	hypothetical protein EUGRSUZ_K01426, partial	<i>Eucalyptus grandis</i>	380	21	K.VLSLSLSKRVLLR .I (21)	6	C:núcleo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
515	A0A059CZX6	hypothetical protein EUGRSUZ_B00649, partial	<i>Eucalyptus grandis</i>	461	21	R.VLAESLRSDL PQ R.V (21)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
516	XP_008355695	PREDICTED: G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g11410	<i>Malus domestica</i>	425	21	K.VPDTSTARVNMH R.S (21)	2	F:ligação de proteína; P:interacção pólen-pistilo	-
517	A0A078ILD3	<i>BnaA01g26140D</i>	<i>Brassica napus</i>	440	21	R.VKANSPLSVKAL TR.G (21)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

518	XP_010260535	PREDICTED: protein FAR1-RELATED SEQUENCE 5-like	<i>Nelumbo nucifera</i>	257	21	K.TILTDQDPAMTN AIKQIFPK.T (21)	2	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
519	XP_008384051	PREDICTED: RNA pseudouridine synthase 6, chloroplastic	<i>Malus domestica</i>	479	21	R.LISDDFMERWSL CQLEV <u>M</u> ER.K (23)	3	F:Ligação no RNA; F:atividade catalítica; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:5.4.99.12
520	Q40772	Antiviral protein 2	<i>Phytolacca americana</i>	310	21	K.SYKGMESKGGAR.T (21)	5	P:resposta ao estímulo biótico; P:resposta ao estímulo externo; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase; P:tradução	EC:3.2.2.22
521	B6U9H6	60S ribosomal protein L30	<i>Zea mays</i>	113	21	K.HLKSTESINNKL (21)	4	P:processo biológico; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
522	B6TF11	AATL2	<i>Zea mays</i>	438	21	.MATPSSMTSTEK.E (21)	1	C:membrana	-
523	D7LIB3	predicted protein	<i>Arabidopsis lyrata subsp. lyrata</i>	208	21	R.RDVPPMSPPMK.Q (21)	0	-	-
524	A0A059LJM1	hypothetical protein H632_c1407p0, partial	<i>Helicosporidium</i> sp. ATCC 50920	572	21	R.WVPALESAELRL (21)	3	C:membrana; P:processo metabólico; F:atividade transferase	EC:2.4.1
525	XP_010260040	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: monofunctional riboflavin biosynthesis protein RIBA 3, chloroplastic	<i>Nelumbo nucifera</i>	528	21	R.LKLPLMSPELR.D (21)	4	F:atividade catalítica; P:processo biossintético; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.5.4; EC:3.5.4.25; EC:4.1.99.12
526	S8E6D4	hypothetical protein M569_03376, partial	<i>Genlisea aurea</i>	566	21	R.SMEKDHGLVPE <u>M</u> K.H (21)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

527	Q3B9T8	<i>prasinophyte specific LHC (IC), partial</i>	<i>Ostreococcus tauri</i>	233	21	.MSALLSSSFVGR.V (21)	7	P:geração de metabólitos precursores e energia; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; P:fotossíntese; F:ligação; C:plastídeo; C:tilacóide	-
528	XP_003565287	PREDICTED: transcription factor MYB24-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	276	21	R.KLGEWGSGLI.- (21)	1	F:Ligação no DNA	-
529	K3XJ35	PREDICTED: DIBOA-glucoside dioxygenase BX6-like	<i>Setaria italica</i>	371	21	R.LPSSDDPCI.- (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	EC:1.14.11
530	C5Y0E1	hypothetical protein SORBIDRAFT_04g030810	<i>Sorghum bicolor</i>	535	20	K.SAVPALGGGPPR.T (20)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
531	XP_004490444	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101502408	<i>Cicer arietinum</i>	338	20	R.TGPVSGPGPGPR.N (20)	0	-	-
532	K4BKK4	PREDICTED: probable beta-1,3-galactosyltransferase 19	<i>Solanum lycopersicum</i>	668	20	R.KAPIRPVDAPVR.V (22)	7	P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação à carboidratos	EC:2.4.1
533	Q9FVZ6	putative replication protein	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	867	20	R.REEGGRGVAPER.G (20)	0	-	-
534	Q570Q4	hypothetical protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	54	20	K.RIEELISALLR.F (20)	0	-	-
535	B0L630	3-hydroxyisobutyryl-coenzyme A hydrolase	<i>Cicer arietinum</i>	118	20	K.RSSPTALKIALR.S (20)	2	P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

536	C1DY36	hypothetical protein MICPUN_56076	Micromonas sp. RCC299	319	20	R.RTRNDAQPQAR.S (20)	1	F:ligação	-
537	S8DL94	hypothetical protein M569_11157, partial	Genlisea aurea	940	20	K.RSGQVVVDIPDK. Q (20)	2	C:núcleo; F:Ligação no DNA	-
538	A5AWF 4	hypothetical protein VITISV_003801	Vitis vinifera	394	20	R.LYM ¹ MFVVGVTNL K.D (20)	0	-	-
539	A0A022 QHG8	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00416 6mg	Erythranthe guttata	541	20	R.SSGMDSVMEGGS K.L (20)	2	P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade hidrolase	EC:3.4
540	A0A078 J236	BnaC05g51050D	Brassica napus	241	20	K.QAKVVVS ² VSSGL TKLSVPDSK.K (20)	0	-	-
541	G9FPD1	granule-bound starch synthase GBSS3	Malus domestica	610	20	R.SLSNLD ³ MLRM ⁴ K.I (20)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo biossintético; F:atividade transferase; C:plastídeo; P:processo celular	EC:2.4.1.21; EC:2.4.1.11; EC:2.4.1
542	DAA568 03	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_871805	Zea mays	389	20	R.THRQTSSSAPMA R.S (20)	0	-	-
543	Q39603	heat shock protein 70B	Chlamydomonas reinhardtii	679	20	R.DNKSLGTFR.L (20)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo celular	-
544	Q7Y1G0	putative phosphatidylinositol 3-kinase-related protein kinase	Oryza sativa subsp. Japonica	3454	20	R.DNKSLGTFR.L (20)	7	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade transferase; P:Processo metabólico de DNA; F:atividade quinase; P:resposta ao estresse; P:processo celular	-
545	XP_003 576447	PREDICTED: ABC transporter A family member 7-like	Brachypodium distachyon	945	20	R.VPRLVNAVSNTY LK.F (20)	5	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

546	M7ZZC6	Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial	<i>Triticum urartu</i>	4243	20	R.NIAASSLKDNSR.M (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade transferase; F:ligação; F:atividade quinase; P:processo celular	EC:2.1.2.1
547	A0A072UZ88	GDSL-like lipase/acylhydrolase superfamily protein	<i>Medicago truncatula</i>	229	20	K.NITKSQDDVKK.G (20)	2	P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	-
548	Q9ZS30	MADS-box protein, GAGA1	<i>Gerbera hybrida</i>	264	20	K.MGKGKIEIK.R (22)	7	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; F:ligação de proteína; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
549	O47057	ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	<i>Limonium caesium</i>	476	20	R.LEDLRIPPAMAK.T (20)	6	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:fotossíntese; F:ligação; C:plastídeo; P:processo celular	EC:4.1.1.39
550	A0A061DJ13	PHD finger transcription factor-like protein isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	952	20	R.RRILTSR.D (21)	6	P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo celular	EC:2.3.1
551	Q67UI1	Os06g0224200	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	711	20	R.KMRESITLK.D (20)	6	P:homeostase celular; F:atividade catalítica; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; C:intracelular; F:função_molecular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

552	A0A061 G5G4	<i>Transcription factor, putative</i>	<i>Theobroma cacao</i>	984	20	R.QEMRSLTIK.A (20)	1	F:ligação de proteína	-
553	A0A067 JMR7	<i>hypothetical protein JCGZ_20417</i>	<i>Jatropha curcas</i>	1010	20	R.QEMRSLTIK.A (20)	1	F:ligação de proteína	-
554	XP_009 766032	<i>PREDICTED: zeatin O-glucosyltransferase- like</i>	<i>Nicotiana sylvestris</i>	453	20	R.KLASTMNVNK.V (20)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
555	XP_009 389735	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC103976253</i>	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	1361	20	R.IKSTNGFFLQAK. S (21)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; F:ligação de proteína; P:organização do componente celular; F:atividade hidrolase P:resposta a estímulos abióticos; P:desenvolvimento de flor; P:desenvolvimento pós- embrionário; P:processo celular de modificação de proteínas; P:organização do componente celular; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:nucleoplasm	-
556	C5YH07	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g00 3820</i>	<i>Sorghum bicolor</i>	640	20	R.APATGSR.A (6) R.AVMKSFSVSGSD PTK.Q (15)	8	F:ligação no nucleotídeo; P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; F:ligação	-
557	A9T1S8	<i>predicted protein</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	352	20	K.VPNEVMDSIRRN K.V (20)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; F:ligação	EC:1.1.1.41; EC:1.1.1
558	C1FFT4	<i>predicted protein</i>	<i>Micromonas sp. (strain RCC299/NOUM 17)</i>	276	20	R.VRTMSEPALGNR VK.A (20)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

559	A0A078 DII8	<i>BnaA04g01700D</i>	<i>Brassica napus</i>	290	20	K.NLELSSEIQR.A (20)	0	-	
560	Q53M13	<i>Os11g0241000</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	349	20	R.GYVSSMR.V (20)	1	C:mitocôndria	-
561	C1E867	<i>p-type ATPase superfamily</i>	<i>Micromonas</i> sp. (strain RCC299 / NOUM17)	1533	20	K.GYDAAYR.R (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; F:ligação; P:transporte; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
562	B9RZ26	<i>GTP-ligação protein alpha subunit, gna, putative</i>	<i>Ricinus communis</i>	1203	20	K.GYVSDFK.M (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; F:atividade de transdução de sinal; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
563	K8EBC3	<i>glutathione- independent formaldehyde dehydrogenase</i>	<i>Bathycoccus prasinus</i>	484	20	R.GYADFDK.G (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
564	A0A067 DPR0	<i>hypothetical protein CISIN_1g039152mg, partial</i>	<i>Citrus sinensis</i>	259	20	K.VGSSQLKYL.- (20)	0	-	
565	G7JEE2	<i>Pentatricopeptide repeat-containing protein</i>	<i>Medicago truncatula</i>	688	20	K.ANLVFSAPVK SMTWTALIR.A (20)	2	F:função_molecular; P:processo_biológico	
566	K7VP33	<i>BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1- associated receptor kinase 1</i>	<i>Zea mays</i>	364	20	R.VQIPPPTDPAPSS MAGAGAK.A (20)	4	F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade quinase; P:processo celular	-
567	XP_008 372905	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC103436258</i>	<i>Malus domestica</i>	1222	17	-.MVRGGDRPELR.L (19)	1	F:ligação a ácido nucleico	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

568	XP_009774480	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104224508 isoform X1	<i>Nicotiana glauca</i>	256	19	R.FQEAIWMKK.M (19)	0	-	
569	A9T815	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	379	19	K.VGRFPNGK.V (19)	0	-	
570	Q9ATU7	putative cytochrome P450	<i>Lolium rigidum</i>	513	19	K.LMPFGGGRR.M (19)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
571	K7USF8	PREDICTED: cytochrome P450 89A2-like	<i>Zea mays</i>	536	19	K.MLPFGGGRR.M (19)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
572	W9RXX8	Protein CWC15-A-like protein	<i>Morus notabilis</i>	230	19	K.GSHLLLEGTK.R (19)	2	C:núcleo; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
573	M8C011	hypothetical protein F775_10083	<i>Aegilops tauschii</i>	785	19	R.AMDRAELVLR.Q (19)	1	F:ligação de proteína	-
574	B9RLN2	replication factor A 1, rfa1, putative	<i>Ricinus communis</i>	622	19	K.SPVVAIK.A (19)	5	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse	-
575	C5X2I3	hypothetical protein SORBIDRAFT_02g03 9720	<i>Sorghum bicolor</i>	209	19	M.APAVVSALAK.Y (19)	6	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; C:membrana; P:transporte; C:intracelular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
576	A0A078 FCJ4	<i>BnaC07g32930D</i>	<i>Brassica napus</i>	482	19	K.VMGDMEPHAAK. E (19)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
577	A0A0A0 L7Y1	PREDICTED: uncharacterized	<i>Cucumis sativus</i>	385	19	K.IASLPTAATSEKL KGK.C (19)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

protein LOC101205873									
578	R7VZ05	Putative ATP-dependent helicase	<i>Aegilops tauschii</i>	2267	19	-.MPGPGAR.D (19)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
579	A0A078 HUT8	<i>BnaC01g19890D</i>	<i>Brassica napus</i>	53	19	-.MPGGVPK.L (19)	0	-	
580	Q32RY4	30S ribosomal protein S4, chloroplastic	<i>Staurostrum punctulatum</i>	212	19	R.SRALVDK.N (19)	6	P:processo_biológico; F:Ligação no RNA; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; C:plastídeo; P:tradução	-
581	B8A8D9	hypothetical protein OsI_04947	<i>Oryza sativa</i> Indica Group	768	19	K.DKAIVDK.G (19)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
582	F2D906	predicted protein	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. vulgare	81	19	K.DQAIVDK.Y (19)	0	-	
583	XP_004 499420	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101491453	<i>Cicer arietinum</i>	500	19	R.KIARSLMPTNN K.D (19)	1	F:ligação	-
584	A0A059 CLB6	hypothetical protein EUGRSUZ_C00372	<i>Eucalyptus grandis</i>	258	19	M.RSSPVDK.V (19)	2	P:processo metabólico de lipídios ; F:atividade hidrolase	-
585	M7ZF68	CDK-activating kinase assembly factor MAT1	<i>Triticum urartu</i>	194	19	R.AGGWTAELGRR. R (19)	5	C:núcleo; P:processo metabólico; F:atividade quinase; P:ciclo celular; P:processo celular	-
586	A9TSI9	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	236	19	-.MDILSNLIVR.I (19)	0	-	
587	Q01GE8	unnamed protein product	<i>Ostreococcus tauri</i>	733	19	R.VGQSTAENVLR.E	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
588	XP_008 793762	PREDICTED: desmoplakin-like	<i>Phoenix dactylifera</i>	643	19	K.VLEMAENVLR.E (19)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

589	W9SBM5	<i>Pleckstrin homology domain-containing family A member 8</i>	<i>Morus notabilis</i>	205	19	K.FLASVGMDELKV S.- (19)	4	C:citoplasma; F:interação com lipídios; P:transporte; F:atividade transportadora	-
590	D8S9G5	<i>hypothetical protein SELMODRAFT_444379</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	2265	19	R.AWAALLEDATSR .G (20)	2	F:atividade hidrolase; P:tradução	EC:3.1.1.1
591	XP_003632102	<i>PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: NADP-dependent alkenal double bond reductase P2-like</i>	<i>Vitis vinifera</i>	345	18	K.VPQGSACILVK.N (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
592	B7T3F1	<i>RNA polymerase beta subunit</i>	<i>Geranium macrorrhizum</i>	984	18	K.GIISKISPR.Q (20)	7	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; C:nucléolo; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	EC:2.7.7.6
593	D8RRY3	<i>hypothetical protein SELMODRAFT_414190</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	341	18	R.FEQALAEASK.L (20)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
594 ²	A5AYH1	<i>hypothetical protein VITISV_010839</i>	<i>Vitis vinifera</i>		18	R.LEAYDAYQKEK.K (20)			
595	XP_009415089	<i>PREDICTED: plant intracellular Ras-group-related LRR protein 3-like</i>	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	531	18	K.GCRAEAEREK.A (20)	1	F:ligação de proteína	-
596	F2E527	<i>predicted protein</i>	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	655	18	K.TEKLTEK.E (20)	0	-	
597	A0A022QVB1	<i>hypothetical protein MIMGU_mgv1a001194mg</i>	<i>Erythranthe guttata</i>	869	17	R.SRSPVDK.H (19)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no RNA; F:ligação de proteína; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

598	A9SJA6	<i>predicted protein</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	642	17	K.DKIAVDK.N (19)	1	C:citosol	-
599	V6BQK5	<i>proteolytic subunit of the ATP-dependent Clp protease (chloroplast)</i>	<i>Schwalbea americana</i>	253	19	R.INNADLDGLEVS EMR.D (19)	3	P:processo metabólico proteico; C:plastídeo; F:atividade hidrolase	EC:3.4.21
600	Q6ZC63	<i>putative survival motor neuron domain containing 1; splicing factor 30, survival of motor neuron-related</i>	<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	297	19	R.IDPNDPEDVKAT K.R (19)	7	C:núcleo; P:processo metabólico de carboidrato ; F:Ligação no RNA; C:citoplasma; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	-
601	F2DTX2	<i>predicted protein</i>	<i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i>	299		K.IDPNDPEDVKTA K.R (19)	4	C:núcleo; F:Ligação no RNA; C:citoplasma; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
602	B9N401	<i>hypothetical protein POPTR_0005s00300g</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	728	19	K.RHLRWVFNKGK.V (19)	7	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; C:citoplasma; P:processo metabólico; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular; P:tradução	EC:6.1.1; EC:6.1.1.17
603	A0A078BZ02	<i>BnaA10g23050D</i>	<i>Brassica napus</i>	820	19	R.TSCYLTGLVKDG K.L (19)	1	F:ligação de proteína	-
604	XP_009392459	<i>PREDICTED: probable protein ABIL1</i>	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	302	19	R.SESGAMTFDEVS MER.S (19)	0	-	
605	M5X192	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa013882mg</i>	<i>Prunus persica</i>	98	19	K.LLLVGFRTIMHFE LPQPN.- (19)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

606	A5BR71	hypothetical protein VITISV_018448	<i>Vitis vinifera</i>	495	19	K.MIGLAHERIR.L (19)	0	-	
607	B9TCH1	conserved hypothetical protein	<i>Ricinus communis</i>	331	19	R.MAVLAPGDEHR. V (19)	0	-	
608	XP_006 658549	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At1g73710- like, partial	<i>Oryza brachyantha</i>	802	19	K.MGLSPDAVSRY.I (19)	3	P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; F:atividade hidrolase	EC:3.4.22; EC:3.4
609	A5AT91	hypothetical protein VITISV_025789	<i>Vitis vinifera</i>	544	19	R.TRNAKSSSPSNR. K (19)	0	-	
610 ²	A9RDQ 8	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>		19	M.VHPMSERVQGG GK.G (19)			
611	D8QNA 1	hypothetical protein SELMODRAFT_4028 61	<i>Selaginella moellendorffii</i>	1689	19	K.VMSYALRICLR.K (19)	3	P:processo metabólico proteico; F:ligação; F:atividade hidrolase	-
612	XP_008 354068	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103417687	<i>Malus domestica</i>	907	18	K.GDAITCKDCK.V (20)	0	-	
613	A0A022 RWQ3	hypothetical protein MIMGU_mgv1a01271 2mg	<i>Erythranthe guttata</i>	238	18	K.KLNDVKVK.K (19)	1	F:ligação de proteína	-
614	G7ID14	Otubain	<i>Medicago truncatula</i>	541	17	K.FSMALERWR.E (19)	3	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
615	D7MUQ 9	hypothetical protein ARALYDRAFT_49685 6	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	289	19	K.TPPLIKNGVVDSE KK.K (19)	1	C:nucleoplasm	-
616	U5CZ12	hypothetical protein AMTR_s00056p00180 950	<i>Amborella trichopoda</i>	500	19	R.THVALAFEVPGG WLK.E (19)	3	P:processo metabólico proteico; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.4.24

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

617	A2XZQ 0	hypothetical protein OsI_18209]	<i>Oryza sativa</i> Indica Group	405	19	R.VMVESGLDGD TGSWR.T (19)	0	-	
618	V7CMV 5	hypothetical protein PHAVU_002G135100 g	<i>Phaseolus</i> <i>vulgaris</i>	1101	19	R.LVYGDDEVK.A (19)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína	-
619	XP_008 778336	PREDICTED: callose synthase 5-like	<i>Phoenix</i> <i>dactylifera</i>	1266	19	R.FWEIILSMR.F (19)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo biossintético; F:atividade transferase; C:membrana plasmática; P:processo celular	EC:2.4.1.34; EC:2.4.1
620	A9REG1	predicted protein	<i>Physcomitrella</i> <i>patens</i>	714	19	R.MEVDDDLGK.K (19)	3	F:ligação de proteína; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1
621	Q5W6D 2	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> Japonica Group	285		R.GRAEAAAAM.- (19)	0	-	
622	K4BPW 4	PREDICTED: universal stress protein A-like protein	<i>Solanum</i> <i>lycopersicum</i>	162	19	K.EVIDMLEPVAK.L (19)	4	P:resposta ao estímulo biótico; P:resposta ao estímulo externo; C:membrana plasmática; P:resposta ao estresse	-
623	A0A022 QZC8	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00001 8mg	<i>Erythranthe</i> <i>guttata</i>	2593	19	R.KNWFLISMRE (19)	0	-	
624	A81406	hypothetical protein CHLREDRAFT_1868 44	<i>Chlamydomonas</i> <i>reinhardtii</i>	283	19	K.VGVVGSGRGMT EYGKK.S (19)	7	C:núcleo; P:processo metabólico de carboidrato ; F:Ligação no RNA; C:citoplasma; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

625	M7ZPC8	<i>Sugar transporter ERD6-like 4</i>	<i>Triticum urartu</i>	347	19	M.VGAIASGQMAE HIGRK.G (19)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
626	A0A061 GEZ3	<i>Flavonoid o-methyltransferase related</i>	<i>Theobroma cacao</i>	352	19	R.LLVHSGFFATTK VDR.D (20)	3	F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade transferase	EC:2.1.1
627	XP_008 393705	<i>PREDICTED: 70 kDa peptidyl-prolyl isomerase-like</i>	<i>Malus domestica</i>	553	19	K.LIVQPRYAFIEEG R.D (20)	3	P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; P:processo celular	-
628	A0A078 FZK9	<i>BnaA09g07810D</i>	<i>Brassica napus</i>	626	18	R.CQSGSKSRK.A (20)	0	-	-
629	M8ADB 3	<i>putative galacturonosyltransferase 14</i>	<i>Triticum urartu</i>	762	18	K.TSGYLVVLLSNP FSK.L (19)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	EC:2.4.1.43
630	XP_008 371828	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC103435216</i>	<i>Malus domestica</i>	181	17	K.VSTVINNKYRLSS K.I (19)	0	-	-
631	XP_008 354165	<i>PREDICTED: eukaryotic tradução initiation factor 2 subunit alpha-like</i>	<i>Malus domestica</i>	144	17	M.TPIPLKIRADIEM K.C (19)	4	C:citoplasma; F:atividade de fator de tradução, ligação no RNA; C:ribossomo; P:tradução	-
632	XP_004 306684	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101293517</i>	<i>Fragaria vesca subsp. vesca</i>	1343	19	R.MAASESR.A (19)	0	-	-
633	A7XDQ 9	<i>Probable beta-1,3- galactosyltransferase 20</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	684	19	R.VESILKQIDGVSP EK.S (19)	10	P:processo metabólico proteico; P:processo metabólico de carboidrato ; C:citoplasma; C:membrana; P:processo celular de	EC:2.4.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								modificação de proteínas; C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; F:ligação à carboidratos; F:atividade transferase; P:processo celular	
634	Q94IT2	nonspecific lipid transfer protein	<i>Pinus taeda</i>	39	19	K.VTDXNVPISXNV DCS.- (19)	0	-	
635	V7B489	hypothetical protein PHAVU_008G108500 0g, partial	<i>Phaseolus vulgaris</i>	480	19	K.VTDILVCLNGLPS LK.S (19)	1	F:ligação de proteína	-
636	O04576	mitochondrial transcription termination factor family protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	461	19	K.KIVPELMAIFTGD R.V (19)	4	F:Ligação no DNA; C:mitocôndria; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
637	V4UE52	hypothetical protein CICLE_v10027793mg	<i>Citrus clementina</i>	874	19	K.ELWADAPLEMT K.A (19)	0	-	
638	R0GG08	hypothetical protein CARUB_v10006399mg, partial	<i>Capsella rubella</i>	175	19	R.LIPSMEK.Y (19)	3	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:ligação	-
639	W9SID9	Polygalacturonase inhibitor	<i>Morus notabilis</i>	360	19	K.IPLSMEK.K (19)	1	F:ligação de proteína	-
640	W1PT58	hypothetical protein AMTR_s00024p00220 830	<i>Amborella trichopoda</i>	307	19	R.KWYGASDELPR.D (19)	3	C:membrana; C:plastídeo; C:tilacóide	-
641	A0A067 KEQ8	hypothetical protein JCGZ_11140	<i>Jatropha curcas</i>	529	18	R.IDRLTPLMKNK.S (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.1.1.158
642	A0A067 GF99	PREDICTED: probable tyrosine-protein phosphatase At1g05000-like	<i>Citrus sinensis</i>	198	18	R.LPMSFSCSAR.- (20)	4	P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.41

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

643	A0A061 GNH3	Multidrug/pheromone exporter, MDR family, ABC transporter family	<i>Theobroma cacao</i>	1239	17	-.MGSPKNETEK.G (19)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
644	XP_003 542152	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: 50S ribosomal protein L11, chloroplastic-like	<i>Glycine max</i>	222	25	K.NPPASVLLLK.A (25)	4	P:processo biológico; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
645	XP_010 268798	PREDICTED: receptor-like protein kinase THESEUS 1	<i>Nelumbo nucifera</i>	846	24	R.VFSAPASYK.F (24)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
646	B4FYZ2	Beta-hexosaminidase beta chain	<i>Zea mays</i>	599	23	R.YRMVARGIR.A (23)	6	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo metabólico; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.52; EC:3.2.1
647	K3YAK 6	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101763194	<i>Setaria italica</i>	149	23	R.DGVARVDVAPPL LQEQK.Q (23)	0	-	-
648	XP_003 546240	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100799098	<i>Glycine max</i>	76	23	-.MASISPPSSNTSPS AADLTK.Q (23)	4	P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; C:componente celular; P:processo celular	-
649	A0A078 FMR0	<i>BnaA08g13380D</i>	<i>Brassica napus</i>	305	22	R.SMQGIPGAPGMK .V (22)	0	-	-
650	A0A097 PST7	<i>AT4G29520-like protein, partial</i>	<i>Houttuynia cordata</i>	168	22	R.SMQGLPGAPGM K.M (22)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

651	XP_008380316	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103443276	<i>Malus domestica</i>	194	22	K.ENVVGTAAYVAY NKPSTSK.A (22)	0	-	
652	XP_008371959	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At3g46790, chloroplastic-like	<i>Malus domestica</i>	531	22	K.MGEYGVAKSWK .H (22)	1	F:ligação de proteína	-
653	B4G0W9	Putative WRKY DNA-ligação domain superfamily protein	<i>Zea mays</i>	566	21	K.TNSDDMKNSVL K.E (21)	5	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
654	A0A078HX14	<i>BnaC05g46850D</i>	<i>Brassica napus</i>	1191	21	R.DGMPRRYAR.V (21)	0	-	
655	A0A096U400	hypothetical protein ZEAMMB73_105986	<i>Zea mays</i>	96	20	.MALTAHATCPFRR. A (20)	0	-	
656	XP_004293093	PREDICTED: bifunctional monodehydroascorbate reductase and carbonic anhydrase nectarin-3-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	472	20	K.VIGMVDPKQIK.T (20)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação; P:processo celular	EC:4.2.1.1
657	Q9LDY2	branched chain alpha-keto acid dehydrogenase E1 beta	<i>Arabidopsis thaliana</i>	358		R.GSSFPVSGHGYR. M (20)	10	P:processo biológico; P:resposta a estímulos abióticos; F:atividade catalítica; P:comunicação celular; P:resposta ao estímulo extracelular;	EC:1.2.4.4

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo catabólico; P:processo metabólico; C:mitocôndria; P:resposta ao estresse; P:processo celular	
658	A9P063	Putative uncharacterized protein	<i>Picea sitchensis</i>	331	20	K.SLSMGNLGHYR. S (20)	4	F:Ligação no DNA; F:ligação a cromatinacromatina; F:ligação; C:intracelular	-
659	K4PB23	pentatricopeptide repeat-containing protein 81, partial	<i>Lippia aristata</i>	352	20	K.RVFDNSHGYR.D (20)	0	-	
660	M8AZ25	hypothetical protein TRIUR3_18575	<i>Triticum urartu</i>	181	20	K.VGRIVPPPPYR.A (20)	6	P:processo_biológico; P:resposta a estímulos abióticos; C:membrana; P:transporte; C:plastídeo; C:tilacóide	-
661	M8BVS 5	hypothetical protein F775_01782	<i>Aegilops tauschii</i>	178	20	R.GFSALSRHGYR.G (20)	0	-	
662	V5W4X 5	pentatricopeptide repeat-containing protein 81, partial	<i>Aloysia chiapensis</i>	337	20	K.RVFDNSHGYR.D (20)	0	-	
663	A0A078 I197	<i>BnaC09g33710D</i>	<i>Brassica napus</i>	717	20	R.THPKAPSPPYR.L (20)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
664	V7AP14	hypothetical protein PHAVU_010G007100 g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	201	20	K.MVTAFTGNMKR. A (20)	4	P:processo_biológico; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
665	A9TPQ1	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	1687	20	R.AMADRGLGFVS DER.R (20)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

666	A0A059CTU8	hypothetical protein EUGRSUZ_C02965	<i>Eucalyptus grandis</i>	84	19	R.MISPSHSCE.- (19)	0	-	
667	A0A059BCB4	hypothetical protein EUGRSUZ_G01325	<i>Eucalyptus grandis</i>	528	19	R.VMKSTFGK.S (19)	0	-	
668	XP_003083819	UbiE/COQ5 methyltransferase (ISS)	<i>Ostreococcus tauri</i>	944	19	R.RTPTHDVYRVSR.A (19)	0	-	
669	Q58FY4	RING-finger domain-containing protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	383	19	R.TPPRFVGR.I (19)	4	F:atividade catalítica; C:mitocôndria; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	-
670	XP_003075326	Protein containing adaptin N-terminal region (ISS)	<i>Ostreococcus tauri</i>	2002	19	K.TTLHASSGR.V (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
671	E0CVI4	PREDICTED: glutamate synthase 1 [NADH], chloroplastic-like	<i>Vitis vinifera</i>	2216	19	K.SIKHTVMT.- (21)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo celular	EC:1.4.1.14; EC:1.4; EC:1.4.1
672	W9QFJ3	hypothetical protein L484_011130	<i>Morus notabilis</i>	308	19	K.AYLDHSPLEACK.F (19)	0	-	
673	Q6Z632	Os08g0246300	<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	1247	19	R.NTALDVEDCIETI VYLDSPKPHWWRR.M (19)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
674 ²	CBI31098.3	unnamed protein product	<i>Vitis vinifera</i>		19	K.MQANRPAAV.K.- (19)			
675	U5DCF7	PREDICTED: cytochrome c oxidase assembly protein COX15	<i>Amborella trichopoda</i>	496	19	R.SGLSMTDWKFSG R.L (19)	5	F:atividade catalítica; C:membrana; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

676	C4IY96	uncharacterized protein LOC100533162	<i>Zea mays</i>	93	19	M.RHTDKHR.S (19)	0	-	
677	G7JB94	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase HSL2	<i>Medicago truncatula</i>	309	19	R.IMFLIYQYMK.K (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase P:processo_biológico; C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
678	XP_009334499	PREDICTED: cation/H(+) antiporter 18-like	<i>Pyrus x bretschneideri</i>	238	19	K.TNDEICMLK.A (19)	5		-
679	I1HS82	PREDICTED: ultraviolet-B receptor UVR8	<i>Brachypodium distachyon</i>	400	19	K.DNSIYGFGSAR.R (19)	1	P:processo_biológico	
680	Q93WV2	GPA2-like NBS-LRR protein	<i>Solanum nigrum</i>	477	19	R.VFGIPEDFR.N (19)	0	-	
681	A0A0C3W1X0	hypothetical protein MTR_7g012930	<i>Medicago truncatula</i>	116	19	K.KKGDVALGR.W (19)	0	-	
682	A0A059Q2W1	serine carboxypeptidase-like protein	<i>Saccharum hybrid</i> cultivar R570	481	19	- MPSSSSPSCSSPAA AALTSR.T (19)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.21; EC:3.4.16
683	M0RL85	PREDICTED: methionine aminopeptidase 1D, chloroplastic/mitochondrial	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	348	19	K.ESMRASGR.L (19)	8	P:processo metabólico proteico; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase F:atividade catalítica; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo	EC:3.4.11
684	B9IIH0	hypothetical protein POPTR_0016s06630g	<i>Populus trichocarpa</i>	613	19	R.TSVLDGYIVPR.N (22)	4		-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								biossintético; P:processo celular	
685	M0ZYE5	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102595412	<i>Solanum tuberosum</i>	100	19	K.VEGKSGTTTSFN KK.S (21)	0	-	
686	B9RZT3	Flowering time control protein FCA, putative	<i>Ricinus communis</i>	811	19	K.QSRGCGFVKYSS R.E (19)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no RNA; F:ligação de proteína; P:desenvolvimento de flor	-
687	V4U6S4	hypothetical protein CICLE_v10006518mg	<i>Citrus clementina</i>	778	19	K.DGKNCAFLNHVE K.D (19)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação de proteína	-
688	XP_002273894	PREDICTED: UPF0503 protein At3g09070, chloroplastic-like	<i>Vitis vinifera</i>	663	19	R.VSEEPNVVVNGV EDR.V (19)	0	-	
689	B9SME1	xyloglucan:xyloglucosyl transferase, putative	<i>Ricinus communis</i>	189	19	K.VHFMKEGR.A (19)	3	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade transferase; F:atividade hidrolase	EC:2.4.1.207
690	C6TD29	unknown	<i>Glycine max</i>	257	19	R.VLRPESYR.D (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.14.13.8; EC:1.14.13
691	A0A0C3XB55	hypothetical protein MTR_5g012250	<i>Medicago truncatula</i>	87	19	R.VLGMLEDVK.L (19)	0	-	
692	E1ZG78	hypothetical protein CHLNCRAFT_58007	<i>Chlorella variabilis</i>	981	19	R.IAPPPPPA.- (19)	1	P:processo_biológico	-
693	U6E7X2	ORW1943Ba0047B01.8	<i>Oryza rufipogon</i>	122	19	R.VMPWEGE.R (19)	1	F:ligação de proteína	-
694	R0F9W4	hypothetical protein CARUB_v10007007m9	<i>Capsella rubella</i>	751	19	R.VESILKQLDGVSP EK.S (19)	7	P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas;	EC:2.4.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação à carboidratos	
695	XP_009408244	PREDICTED: vacuolar-sorting receptor 7	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	626	19	R.VIRPEHIR.G (19)	1	F:ligação	-
696	D8QMN7	hypothetical protein SELMODRAFT_4026 72	<i>Selaginella</i> <i>moellendorffii</i>	581	19	R.KKATVATPK.S (19)	0	-	
697	Q1SKS5	SAM (and some other nucleotídeo) ligação motif	<i>Medicago</i> <i>truncatula</i>	1098	19	R.QPNQVKVIFEFLK .N (19)	4	P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação	-
698	B9FCL5	hypothetical protein OsJ_16225	<i>Oryza sativa</i> Japonica Group	242	19	R.QPNARTWASSSS AAR.D (19)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação; P:processo celular	EC:1.10.3; EC:1.10.3.1
699	K4BAE1	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101256829	<i>Solanum</i> <i>lycopersicum</i>	177	19	K.QLVQPFQKMLS WR.A (19)	1	P:organização do componente celular	-
700	R0GDP6	hypothetical protein CARUB_v10028153m g	<i>Capsella rubella</i>	1069	19	R.QPNQVKIIFDFLK. N (19)	4	P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação	-
701	V4TXF3	hypothetical protein CICLE_v10018438mg	<i>Citrus clementina</i>	1953	19	K.QMEQPQQQVSD QK.G (19)	8	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:organização do componente celular; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:regulação de expressão	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								gênica, epigenética; F:atividade hidrolase	
702	Q9XEC5	uncharacterized protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	398	19	R.NSAGFFSLLEET MK.S (19)	1	C:plastídeo	-
703	XP_008378748	PREDICTED: receptor-like protein kinase HAIKU2	<i>Malus domestica</i>	990	19	K.VIGVALDNK.S (19)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
704	XP_003082089	unnamed protein product	<i>Ostreococcus tauri</i>	470	19	K.TKKDAAHVLEES NEQDGVAVADR.F (19)	2	P:processo metabólico que envolve nucleobases; F:atividade hidrolase	EC:3.4.24
705	S8BVF2	hypothetical protein M569_16243, partial	<i>Genlisea aurea</i>	1196	18	K.NITKSTAKPSTK.R (20)	1	C:núcleo	-
706	V4P5S6	hypothetical protein EUTSA_v10024936mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	518	18	R.KLFPVMENK.K (20)	0	-	
707	I1KVG3	PREDICTED: putative pentatricopeptide repeat-containing protein At3g15930-like	<i>Glycine max</i>	738	18	R.KLMMERGIK.K (20)	1	F:ligação de proteína	-
708	XP_008233469	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103332507	<i>Prunus mume</i>	286	18	K.KLCMVTLLK.K (20)	0	-	
709	A0A078ITE9	<i>BnaA05g35920D</i>	<i>Brassica napus</i>	320	18	K.KKLITDVMSS.- (20)	0	-	
710	I0YQU8	<i>Mak10-domain-containing protein</i>	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i> C-169	744	19	K.ALLKGLQR.V (19)	0	-	
711	I0Z412	hypothetical protein COCSUDRAFT_61600	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i> C-169	1006	19	R.EEFPEEGMQVGP DVK.D (19)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

712	C1NAJ6	<i>predicted protein</i>	<i>Micromonas pusilla</i> CCMP1545	653	20	.MRSLWSANSMLSC RPR.S (20)	0	-	
713	Q9M1H3	<i>ABC transporter F family member 4</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	723	22	K.FTAAKEASK.S (22)	7	F:ligação no nucleotídeo; P:processo catabólico; P:transporte; C:membrana plasmática; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
714	Q6K4E7	<i>Aminopeptidase M1-D</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	873	21	R.NALQMKKLSLM DK.I (21)	5	P:processo metabólico proteico; C:membrana; C:retículo endoplasmático; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.4.11
715	F4IHR4	<i>Alpha carbonic anhydrase 2</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	245	24	-.MDKISIR.C (21) K.GEMQSPIDLMNK .R (3)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação; P:processo celular	EC:4.2.1.1
716	Q2QTY2	<i>Zinc finger CCCH domain-containing protein 65</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	529	21	K.FNHPARKK.K (21)	1	F:ligação	-
717	P37122	<i>Cytochrome P450 76A2</i>	<i>Solanum melongena</i>	505	21	K.FDLQSLR.K (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
718 ¹	Q05540	<i>Acidic 27 kDa endochitinase</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	247	40	K.GQNPQVEDR.I (40)	7	P:processo metabólico de carboidrato ; P:resposta ao estímulo biótico; C:espaço extracelular; P:processo catabólico; P:resposta ao estresse; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.14

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

719	Q9C8M0	<i>Polyadenylate-ligação protein-interacting protein 8</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	314	22	R.VSPSKTPVR.S (22)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no RNA; F:ligação de proteína; C:citoplasma; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:ciclo celular	-
720	Q9SUL7	<i>CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 4</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	426	24	K.IHEVMATK.S (24)	8	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; F:atividade quinase; C:membrana plasmática; P:processo celular	EC:2.7.11
721	O22932	<i>CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 11</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	435	24	K.LHEVMATK.S (24)	14	P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; C:membrana plasmática; P:resposta ao estresse; P:processo celular; F:ligação no nucleotídeo; P:resposta ao estímulo biótico; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:resposta ao estímulo externo; P:resposta a estímulos endógenos; F:atividade quinase	EC:2.7.11

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

722	O22971	<i>CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 13</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	502	19	K.LLGHGSFAK.V (19)	8	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase; C:membrana plasmática; P:processo celular	EC:2.7.11
723	A2XQV 4	<i>Electron transfer flavoprotein subunit beta, mitochondrial</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i>	253	20	K.VILNKEKATVER.E (20)	5	P:processo catabólico; C:mitocôndria; P:processo metabólico; F:função_molecular; P:processo celular	-
724	P0C2G6	<i>Putative F-box/LRR-repeat protein At4g00320</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	507	20	K.KCFDGSR.D (20)	3	C:núcleo; F:ligação de proteína; C:membrana	-
725	Q3EBQ3	<i>Protein FAR1-RELATED SEQUENCE 2</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	807	23	R.QETEQVSSR.A (23)	5	C:núcleo; P:resposta a estímulos abióticos; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
726	Q9LT45	<i>GATA transcription factor 29</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	208	21	R.NNSTVMTNSWK ENATPKR.I (21)	7	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	-
727	Q7XDC 8	<i>Malate dehydrogenase, citoplasmic</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	332	20	K.TPSGEKPVR.E (20)	6	P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e	EC:1.1.1.37

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								energia; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo celular	
728	A3AZ89	Putative protein phosphatase 2C 46	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	593	29	K.AVASLLR.A (29)	4	C:célula; P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41
729	P24101	Peroxidase 33	<i>Arabidopsis thaliana</i>	354	29	R.IAGSILR.L (29)	15	P:processo catabólico; P:processo metabólico; P:morfogênese; C:região extracelular; F:ligação; C:vacúolo; P:resposta ao estresse; P:processo celular; P:resposta ao estímulo biótico; P:resposta a estímulos abióticos; P:resposta ao estímulo externo; F:atividade catalítica; C:cell wall; P:organização do componente celular; P:crescimento celular	EC:1.11.1.7
730	P80679	Peroxidase A2	<i>Armoracia rusticana</i>	305	45	R.IGASLIR.L (45)	6	F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo metabólico; F:ligação; P:resposta ao estresse; P:processo celular	EC:1.11.1.7
731	Q9LFF1	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g53700, chloroplastic	<i>Arabidopsis thaliana</i>	754	20	K.ARFSEEEVSMVK GLLK.I (20)	8	P:desenvolvimento embrionário; F:ligação de proteína; P:desenvolvimento de flor; C:mitocôndria; P:desenvolvimento pós-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (Enzyme Commission), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								embrionário; P:organização do componente celular; P:processo biossintético; C:plastídeo	
732	Q9M2C8	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g61360	<i>Arabidopsis thaliana</i>	498	19	R.SLVPKTPTIVML MK.L (19)	1	C:mitocôndria	-
363	Q6DBN5	U-box domain-containing protein 62	<i>Arabidopsis thaliana</i>	363	19	R.TPPRFVGR.E (19)	4	C:núcleo; F:atividade catalítica; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	-
734	Q7Y175	UBA and UBX domain-containing protein At4g15410	<i>Arabidopsis thaliana</i>	421	26	R.GGAGENKETENP SGIRSSR.S (26)	2	C:núcleo; F:ligação de proteína	-
735	Q9SU29	E3 ubiquitin-protein ligase UPL5	<i>Arabidopsis thaliana</i>	873	19	K.TKIPALEQRVIYK .G (19)	12	C:núcleo; F:ligação de proteína; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:transdução de sinal; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:processo catabólico; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; F:ligação à carboidratos; P:resposta ao estresse	-
736	Q9FJD0	Vacuolar protein sorting-associated protein 26A	<i>Arabidopsis thaliana</i>	302	19	R.EIDVPGEIYER.K (19)	10	C:célula; C:endossomo; C:citoplasma; C:membrana; P:organização do componente celular;	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A1 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* não elicitadas (células controle, CCs), categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

737	Q9T091	<i>Vacuolar protein sorting-associated protein 26B</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	303	19	R.ELDVPGEIYER.K (19)	9	C:Complexo de Golgi; P:morfogênese; P:transporte; C:plastídeo; P:crescimento celular P:processo metabólico de carboidrato ; C:endossomo; C:citoplasma; C:membrana; C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; P:transporte; C:plastídeo; P:processo celular	-
738	A2XG77	<i>WUSCHEL-related homeobox 6</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i>	328	20	-.MEGSSNSPDR.Q (20)	5	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continua)

Nº	Código de acesso	Proteína	Espécie	Nº Seq	Protein Score	Peptídeos (ion score)	#GOs	GOs ⁴	Nº EC
1 ¹	Q7X9R8	chitinase	<i>Euonymus europaeus</i>	312	96	K.GQNPQVEDR.I (36) K.AYPAFGTTGDDA TR.K (59)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.14
11 ¹	K9MXB3	class II chitinase	<i>Acacia koa</i>	257	59	R.SFPAFGTTGDDAT R.K (59)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.14
739	S8E444	hypothetical protein M569_07717	<i>Genlisea aurea</i>	777	32	R.FMLKLMR.E (32)	1	F:ligação de proteína	-
740	U5D045	hypothetical protein AMTR_s00048p001544 40	<i>Amborella trichopoda</i>	520	32	R.GHGRQLMR.L (32)	0	-	-
741	A0A087 HSG6	hypothetical protein AALP_AA1G339300	<i>Arabis alpina</i>	458	32	R.KHAAKLMR.L (32)	0	-	-
742	XP_0096 28129	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104118564	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	146	32	K.EMMKIMR.D (32)	0	-	-
743	B4FVB5	uncharacterized protein LOC100273408	<i>Zea mays</i>	490	32	K.QALMEMVILPSK R.R (32)	7	F:ligação no nucleotídeo; P:processo catabólico; P:processo metabólico de lipídios ; P:organização do componente celular; P:transporte; C:intracelular; P:processo celular	-
744	V4LCQ2	hypothetical protein EUTSA_v10002672mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	197	32	K.AQLMTPILLKEM K.M (32)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
745	A0A067 LAE0	hypothetical protein JCGZ_05645	<i>Jatropha curcas</i>	465	32	R.IEEAKALLLEMKK .R (32)	1	F:ligação de proteína	-

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

746	A0A078 GYR5	<i>BnaAnng03500D</i>	<i>Brassica napus</i>	196	32	K.AQLMTPLLLKEM K.M (32)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
747	A0A096 PBD2	<i>Sfi1 spindle body</i>	<i>Ostreococcus tauri</i>	1269	31	R.FSARRDR.R (11) R.VVEEREMHREMI R.K (20)	0	-	-
21 ¹	C5XFK3	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g043 355</i>	<i>Sorghum bicolor</i>		30	K.CENRGDK.T (30)			
22 ¹	D7MI87	<i>predicted protein</i>	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>		30	K.MMGRIDR.I (30)			
23 ¹	M5VWX	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa011319mg</i>	<i>Prunus persica</i>		30	R.CEKAAGSR.R (30)			
24 ¹	A0A072 VUK4	<i>pre-rRNA processing protein Rrp5</i>	<i>Medicago truncatula</i>		30	K.DSSRNGSR.W (30)			
34 ¹	A0A087 GAM5	<i>hypothetical protein AALP_AA8G311000</i>	<i>Arabis alpina</i>		29	K.TTSAAKGSR.L (29)			
748	V4KQY 9	<i>hypothetical protein EUTSA_v10013754mg</i>	<i>Eutrema salsugineum</i>	393	27	K.VNTFKMPFYDPT K.E (27)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
749	Q10M46	<i>expressed protein</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	194	27	R.VDGDPSDRPPPR. V (27)	0	-	-
750	Q9LS53	<i>unnamed protein product</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	786	27	K.FEFEELAGEEYLK. V (27)	1	F:ligação de proteína	-
751	A0A067J DP0	<i>hypothetical protein JCGZ_21349</i>	<i>Jatropha curcas</i>	577	26	R.EGGIRALVHLEP K.I (26)	1	F:ligação de proteína	-
752	K8EC19	<i>predicted protein</i>	<i>Bathycoccus prasinos</i>	131	26	R.MSLKSSTSK.T (26)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
753	W1NF74	<i>hypothetical protein AMTR_s00010p001238 00</i>	<i>Amborella trichopoda</i>	97	25	K.VVAVGPGGR.D (25)	3	P:processo metabólico proteico; C:citoplasma; P:processo celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

92 ¹	A4S7V1	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	25	R.ARASSSGSR.K (25)				
754	B4FXJ4	uncharacterized protein LOC100273800	<i>Zea mays</i>	566	25	R.AFDQESSSR.S (25)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-
755	C6TD12	unknown	<i>Glycine max</i>	437	25	-.MSDSQESDK.N (25)	4	C:citoplasma; P:organização do componente celular; F:atividade de fator de tradução, ligação no RNA; P:tradução	-
756	B6TR87	hypothetical protein	<i>Zea mays</i>	89	25	R.SVSMGSR.L (25)	0	-	-
757	A8SEF1	ribosomal protein L32	<i>Ceratophyllum demersum</i>	57	25	K.GSSAALK.A (25)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
758	A0A067K0Z7	hypothetical protein JCGZ_18727	<i>Jatropha curcas</i>	693	25	K.GSSAAIK.N (25)	1	F:Ligação no RNA	-
759	Q9M2K3	putative protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	124	24	R.GVLYVRLLLIP.- (24)	0	-	-
760	V4LQW0	hypothetical protein EUTSA_v10010645mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	260	24	K.ASATDFMYEYM MK.K (24)	1	C:mitocôndria	-
761	A5ALX9	hypothetical protein VITISV_009135	<i>Vitis vinifera</i>	464	24	R.VAMN LA MVAHA R.Y (24)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade catalítica	-
59 ¹	B9SBM3	conserved hypothetical protein	<i>Ricinus communis</i>	23	K.HKSVLDKR.I (23)				
762	A0A087FZF7	hypothetical protein AALP_AAs54424U000 100, partial	<i>Arabis alpina</i>	289	23	R.SSGAALK.V (23)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
763	XP_004952450	PREDICTED: serine carboxypeptidase 1-like	<i>Setaria italica</i>	475	23	K.EFMEYDYGQMFK .R (23)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.21; EC:3.4.16

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

764	A3BTP6	hypothetical protein OsJ_27525	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	649	23	R.APALPLRR.R (23)	5	C:cell wall; P:processo metabólico; P:organização do componente celular; F:atividade de Regulação enzimática; F:atividade hidrolase	EC:3.1.1.11; EC:3.1.1.1
765	D8QXQ 9	hypothetical protein SELMODRAFT_40490 1	<i>Selaginella</i> <i>moellendorffii</i>	966	23	K.KKVQ <u>M</u> ELS.- (23)	0	-	
766	A9T3W3	predicted protein	<i>Physcomitrella</i> <i>patens</i>	220	23	K.VT <u>M</u> MAPIGTPK.V (23)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.21
767	M7Z3U3	hypothetical protein TRIUR3_26825	<i>Triticum urartu</i>	390	23	R.RSSRAPVPR.L (23)	1	F:ligação de proteína	-
768	K8EZY7	predicted protein (Partial), partial	<i>Bathycoccus</i> <i>prasinos</i>	212	23	R.GQGASSAHAHR.A (23)	0	-	
769	A5AIL4	hypothetical protein VITISV_002159	<i>Vitis vinifera</i>	1453	23	K.TPSQSNITK.G (23)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA	-
770	XP_0041 46417	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At3g23020-like	<i>Cucumis sativus</i>	858	22	R.FKEAVSIFQ <u>E</u> MMK .A (22)	1	F:ligação de proteína	-
771	XP_0096 15717	PREDICTED: E3 ubiquitin-protein ligase COP1-like, partial	<i>Nicotiana</i> <i>tomentosiformis</i>	190	22	K. <u>E</u> MMCPICMQIMK. D (22)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-
772	K7LZI8	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100794819 isoform X1	<i>Glycine max</i>	942	22	K.SRSLHSSIQN <u>K</u> MMK .I (22)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

773	W1PN99	hypothetical protein AMTR_s00029p001474 60	Amborella trichopoda	762	22	K.GRIAFFSR.S (22)	4	P:homeostase celular; F:atividade catalítica; P:transdução de sinal; F:função_molecular	-
774	A5ARK0	hypothetical protein VITISV_000539	Vitis vinifera	457	22	K.QDLVGEDLTEGE AR.V (22)	0	-	-
775	A0A061 DNB7	H0502G05.11 protein	Theobroma cacao	458	22	R.ENLRPRSDNFKR. R (22)	0	-	-
776	XP_0035 74973	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100839623	Brachypodium distachyon	284	22	K.RGPAAMVGAK.K (22)	0	-	-
777	XP_0087 85491	PREDICTED: BEL1- like homeodomain protein 9	Phoenix dactylifera	534	22	K.DTWRALPS.- (22)	3	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
778	XP_0082 44296	PREDICTED: ABC transporter G family member 15-like	Prunus mume	664	22	R.LPSTMTKDDKK.V (22)	3	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
779	A0A087 STW6	Superoxide-generating NADPH oxidase heavy chain subunit B	Auxenochlorella protothecoides	786	22	R.QPPSLPAK.C (22)	3	F:atividade catalítica; C:membrana; P:processo metabólico	-
780	D8R607	hypothetical protein SELMODRAFT_86324	Selaginella moellendorffii	533	22	R.ILPADALVPLR.C (22)	0	-	-
781	XP_0036 07687	Pentatricopeptide repeat-containing protein	Medicago truncatula	567	22	K.LPGAVTTTR.E (22)	0	-	-
782	Q5ZNF3	maturase K	Tragopogon floccosus	323	22	R.TPASGHNK.N (22)	1	C:plastídeo	-
783	A8J4R9	serine hydroxymethyltransfera se 3	Chlamydomonas reinhardtii	487	22	K.TPAPGKLK.E (22)	4	P:processo metabólico; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo celular	EC:2.1.2.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

784	XP_002268810	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100266392	<i>Vitis vinifera</i>	274	22	M.VVAPLGKK.E (22)	0	-	
946	XP_006590774	PREDICTED: cell wall protein AWA1-like	<i>Glycine max</i>	946	22	K.TPAPQIGK.E (22)	1	F:ligação de proteína	-
786	A0A022PZ74	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00337 8mg	<i>Erythranthe guttata</i>	589	22	K.TPAFTFK.S (22)	3	P:processo metabólico; F:atividade quinase; P:processo celular	-
787	A0A0A0KQU9	hypothetical protein Csa_5G264300	<i>Cucumis sativus</i>	140	22	K.TPAAKPVK.V (22)	0	-	
788	B9I688	hypothetical protein POPTR_0013s14200g	<i>Populus trichocarpa</i>	429	21	R.VNEIMDSLRLK.F (21)	3	P:processo metabólico; F:ligação; F:atividade transferase	-
789	A0A067JRS1	hypothetical protein JCGZ_02797	<i>Jatropha curcas</i>	332	21	R.GLSLKAEP.R.D (21)	0	-	
790	I1WZA7	Ycf1, partial	<i>Micromeria juliana</i>	1522	21	K.EKIKVTPR.I (21)	1	C:plastídeo	-
791	XP_004304744	PREDICTED: probable aldo-keto reductase 1-like	<i>Fragaria vesca subsp. vesca</i>	348	21	M.AADTLQVPR.V (21)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
792	U5DA01	hypothetical protein AMTR_s00044p001696 70	<i>Amborella trichopoda</i>	642	21	R.AGELQLALR.L (21)	1	F:ligação de proteína	-
793	A0A078I0J0	BnaA04g10450D	<i>Brassica napus</i>	267	21	R.EKLKALLR.Q (21)	0	-	
794	F2EKN8	predicted protein	<i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i>	144	21	R.TAGHGSR.S (21)	0	-	
795	K9LBZ3	NADH dehydrogenase subunit F, partial (chloroplast)	<i>Prunus serotina subsp. capuli</i>	651	21	R.SMVHPFMSHAR.F (21)	6	P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; C:membrana; F:ligação;	EC:1.6.99.5; EC:1.6.99.3; EC:1.6.5.3

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	
796	K8EDH1	unknown protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	537	21	K.SIRVCFFSATK.E (21)	0	-	
797	A0A068 UQW7	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	705	21	K.KQPYVFFSGDK.W (21)	1	F:ligação de proteína	-
798	Q5EP65	phenylalanine ammonia lyase	<i>Isoetes lacustris</i>	718	21	K.VYAAMSAGK.L (21)	6	P:processos do metabolismo secundário; F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo biossintético; P:processo celular	EC:4.3.1.24; EC:4.3.1.25
799	Q60D46	Ulp1 protease family, C-terminal catalytic domain containing protein	<i>Solanum demissum</i>	1104	21	R.VYDSSMVSRKK.V (21)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4
800	A2Q630	Phosphatidylinositol 4- kinase type 2-beta	<i>Medicago truncatula</i>	632	21	K.VTHTIFNVNDR.V (21)	4	P:processo metabólico; F:atividade transferase; F:atividade quinase; P:processo celular	-
801	H6WYS 2	sulfite reductase	<i>Solanum lycopersicum</i>	691	21	K.VLEPLFFHWK.R (21)	21	P:processos do metabolismo secundário; P:processo_biológico; P:geração de metabólitos precursores e energia; P:processo catabólico; P:processo metabólico; P:processo biossintético; C:região extracelular; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que	EC:1.8.7.1; EC:1.8.99.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								envolve nucleobases; P:transporte; C:plastídeo; P:resposta ao estresse; P:processo celular; F:Ligação no DNA; P:processo metabólico de carboidrato ; P:resposta a estímulos abióticos; F:atividade catalítica; C:membrana; P:processo metabólico de lipídios ; P:organização do componente celular	
802	A0A061 DME7	DNA/RNA polymerases superfamily protein	<i>Theobroma cacao</i>	811	21	R.VLQIVFVGERR.V (21)	2	F:ligação a ácido nucleico; P:Processo metabólico de DNA	-
803	XP_0065 85092	PREDICTED: cell wall protein AWA1-like	<i>Glycine max</i>	954	21	R.EDPIGDSQEMMSH SAGR.T (21)	2	C:núcleo; F:ligação	-
804	C1N074	predicted protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	609	21	R.GDAVAPR.G (21)	0	-	
805	B9GF55	GYF domain- containing family protein	<i>Populus trichocarpa</i>	1576	21	R.ILEMIRGQMLRR. M (22)	1	F:ligação de proteína	-
806 ²	XP_0049 60866	PREDICTED: FACT complex subunit SSRP1-B-like	<i>Setaria italica</i>		21	K.ADITSVVWMRIPK .S (22)			
807	B9GMH 0	hypothetical protein POPTR_0001s14210g	<i>Populus trichocarpa</i>	108	21	R.GTSTSSAAGSPR.A (21)	0	-	
808	D8TIW0	hypothetical protein VOLCADRAFT_10293 5	<i>Volvox carteri</i>	595	21	R.GRLAPQRR.R (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; C:intracelular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

809	A7Y1M0	<i>NADH dehydrogenase subunit F</i>	<i>Pachygone loyaltiensis</i>	678	21	R.GIVGLAELTHFV.- (21)	6	P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; C:membrana; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	EC:1.6.99.5; EC:1.6.99.3; EC:1.6.5.3
810	B4FP60	<i>uncharacterized protein LOC100272531</i>	<i>Zea mays</i>	239	21	K.GIVAERILASVK.E (21)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.1; EC:3.1.3.12; EC:3.1.3.41
811	F2DHJ3	<i>predicted protein</i>	<i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i>	142	21	K.GIVLEKIGVEAK.Q (21)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
812	XP_004987121	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101757850</i>	<i>Setaria italica</i>	549	21	R.GIVMWGAWHAK.G (21)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
813	M5Y417	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa001090mg</i>	<i>Prunus persica</i>	911	21	R.GIVQVGKRGSVR.K (21)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
814	A0A059C673	<i>hypothetical protein EUGRSUZ_E02317</i>	<i>Eucalyptus grandis</i>	674	21	K.GIVKQPGRSWK.L (21)	1	F:ligação de proteína	-
815	I1HVN9	<i>Uncharacterized protein</i>	<i>Brachypodium distachyon</i>	611	21	K.GIVTEVKLRIK.S (21)	2	F:Ligação no DNA; F:ligação a cromatinacromatina	-
816	D8R110	<i>hypothetical protein SELMODRAFT_406649</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	1002	21	R.AKPQYSLAIK.E (22)	1	F:ligação de proteína	-
817	P23980	<i>Membrana plasmática ATPase 2</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	704	20	K.NLVEVFAK.G (20)	10	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.3.6; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								envolve nucleobases; P:transporte; C:membrana plasmática; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	
818	A8J1Z4	Predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	969	20	R.NDPEMASR.R (20)	0	-	
819	D7KQU 2	hypothetical protein ARALYDRAFT_890144	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	302	20	R.NLVE <u>M</u> AAR.F (20)	2	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
820	G7KFX9	hypothetical protein MTR_5g077360	<i>Medicago truncatula</i>	147	20	R.NLVEVAM <u>K</u> .Q (20)	0	-	
411 ¹	XP_0045 13192	PREDICTED: chloride channel protein CLC- b-like	<i>Cicer arietinum</i>		20	M.NLVESTTR.N (20)			-
821	U5DFM 4	hypothetical protein AMTR_s00066p001643 80	<i>Amborella trichopoda</i>	500	20	R.NLVESSDR.E (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	500
822	A0A022 R3K1	hypothetical protein MIMGU_mgv1a02352 9mg	<i>Erythranthe guttata</i>	767	20	K.NLVEDAMK.L (20)	1	F:ligação de proteína	-
823	XP_0088 03426	PREDICTED: phospholipid- transporting ATPase 3	<i>Phoenix dactylifera</i>	1230	20	K.NDPEDSSR.I (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; F:ligação; P:transporte; F:atividade transportadora; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.3.1; EC:3.6.1.15
824	A0A078J CU9	<i>BnaCnng43810D</i>	<i>Brassica napus</i>	474	20	K.NIVEFVAK.I (20)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
825	XP_0103 21753	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104647766	<i>Solanum lycopersicum</i>	982	20	K.NLVQGSSSK.S (20)	1	F:ligação a ácido nucleico	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

826	XP_009410115	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103992219	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	368	20	K.NLVQGSSSK.S (20)	0	-	
827	A9SI35	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	233	20	K.VKPVVGPLEDSK EQMEEALK.E (20)	0	-	
828	M1CL03	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102605400	<i>Solanum tuberosum</i>	67	20	M.VSRVEEAMKIR.Q (20)	0	-	
829	I0YLF4	hypothetical protein COCSUDRAFT_59707	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i> C-169 (microalgae)	391	20	K.AVKEPVEDR.K (20)	0	-	
830	B9GCP2	expressed protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	660	20	K.DPSFIGSR.E (20)	0	-	
831	XP_008218314	PREDICTED: feruloyl CoA ortho-hydroxylase 1-like	<i>Prunus mume</i>	359	20	K.EGLLMGSR.R (20)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.14.11
832	XP_003599944	hypothetical protein MTR_3g049380	<i>Medicago truncatula</i>	58	20	R.FLASHIYR.E (20)	0	-	
833	C8TF69	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i>	104	20	R.TAEAARGHGSSW PDAHGTR.Q (20)	0	-	
834	D8R352	hypothetical protein SELMODRAFT_40685_2	<i>Selaginella moellendorffii</i>	481	20	R.GSSALAK.V (20)	1	F:ligação de proteína	-
835	XP_009335976	PREDICTED: shugoshin-1-like isoform X1	<i>Pyrus x bretschneideri</i>	293	20	R.QNSASQTQVSK.I (20)	5	C:núcleo; P:organização do componente celular; C:intracelular; P:ciclo celular; P:reprodução	-
836	A0A0A0L1U8	PREDICTED: 1-aminocyclopropane-1-	<i>Cucumis sativus</i>	309	20	K.VMAVMDENLGLP EGYIK.A (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	EC:1.14.11

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

carboxylate oxidase 5-like									
837	B8B052	hypothetical protein OsI_19176	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> (Rice)	495	20	K.CSTRSAAAPVAR.A (20)	0	-	
838	Q7XYU6	integrase	<i>Gossypium raimondii</i>	340	20	K.HGRDSIFVVVDR.F (20)	2	F:ligação a ácido nucleico; P:Processo metabólico de DNA	-
839	XP_008368112	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103431715	<i>Malus domestica</i>	429	38	K.MHSEFSSLR.G (18) R.LVNLIGSSCKCR.D (22)	1	F:ligação a ácido nucleico	-
233 ¹	Q39783	alcohol dehydrogenase 2b	<i>Gossypium hirsutum</i>		38	R.IIGIDLNP.SR.F (38)			
234 ¹	Q8VZ49	very similar to alcohol dehydrogenase	<i>Arabidopsis thaliana</i>		38	K.IIGIDINPDK.F (38)			
235 ¹	V4L485	hypothetical protein EUTSA_v10007878mg	<i>Eutrema salsugineum</i>		38	K.IIGIDLNPDK.F (38)			
270 ¹	D7PPH7	ADH1	<i>Oryza rufipogon</i>		33	R.IIGIDLNAIR.F (34)			
91 ¹	E6Y0T2	MDR-like ABC transporter	<i>Ginkgo biloba</i>		28	K.ANMLATEAVSNI R.T (28)			
840	A0A022RRH5	hypothetical protein MIMGU_mgv1a004927mg	<i>Erythranthe guttata</i>	504	27	K.VCTVLGRRPTIR.L (27)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
841	Q49M73	alcohol dehydrogenase C	<i>Gossypium harknessii</i>	103	24	R.IIGIDLDPNK.F (24)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
842	XP_008806643	PREDICTED: HBS1-like protein isoform X1	<i>Phoenix dactylifera</i>	662	24	K.SLASNLDHLK.L (24)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
843	C1N8B9	predicted protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	320	24	K.VGKLAPLAPSVNL GATMGK.R (24)	3	C:citoesqueleto; F:ligação de proteína; P:organização do componente celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

844	A0A061E3A1	Serine-threonine protein kinase, plant-type, putative	<i>Theobroma cacao</i>	365	23	K.GPVPKSISSAK.Y (23)	8	F:ligação no nucleotídeo; P:processo biológico; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade quinase; C:plastídeo; P:processo celular	-
845	A0A022PXH0	hypothetical protein MIMGU_mgv1a01502 1mg	<i>Erythranthe guttata</i>	170	23	K.SGKGKTPGK.G (23)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
846	I0Z566	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolase protein	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i> C-169	307	23	K.TTLLNTLAGKMG NGK.V (23)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
847	B9FMW0	hypothetical protein OsJ_17397	<i>Oryza sativa</i> subsp. Japonica (Rice)	889	22	R.NGGVMRVAWDVI R.L (22)	2	C:núcleo; F:Ligação no DNA	-
848	XP_004295851	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101311083	<i>Fragaria vesca</i> subsp. vesca	404	22	R.NLVSMADLKLK LK.S (22)	0	-	-
849	R7W1S1	Disease resistance protein RGA2	<i>Aegilops tauschii</i>	573	22	K.NRGRFHPITEFD.- (22)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
850	DAA43530	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_018853	<i>Zea mays</i>	77	22	K.GSSGGRGPGK.G (22)	0	-	-
851	S8EN49	hypothetical protein M569_00566, partial	<i>Genlisea aurea</i>	252	22	R.GSNAASAPGK.A (22)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	EC:2.7.10

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

7 ¹	P17784	Fructose-bisphosphate aldolase cytoplasmic isozyme	Oryza sativa Japonica Group	22	K.GILAADESTGTIG KR.F (22)			
852	C1E9P7	predicted protein	Micromonas sp. (strain RCC299/NOUM17)	716	22	R.TQPRVRSNAPSPG. - (24)	0	-
853	A5BT34	hypothetical protein VITISV_022182	Vitis vinifera	344	22	K.LNTVPFATRGIAH STR.G (22)	0	-
854	XP_010266304	PREDICTED: myosin-4	Nelumbo nucifera	1388	21	K.VEAIEVGKRPFHFL IK.V (21)	0	-
855	A9RJ20	predicted protein	Physcomitrella patens	654	21	R.EVVAECIEVIDAK. N (21)	7	P:processo metabólico proteico; C:citoplasma; P:processo catabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; C:intracelular; P:processo celular
856	B4FHS6	uncharacterized protein LOC100194193	Zea mays	201	21	R.LRAAAAASGR.L (21)	0	-
857	XP_004970858	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101784478	Setaria italica	954	21	R.AVLLDLNLAR.A (21)	3	F:ligação de proteína; P:ciclo celular; P:reprodução
858	XP_004502605	PREDICTED: probable inactive receptor kinase At4g23740-like isoform X1	Cicer arietinum	621	21	R.SEASTPTIDAT.- (21)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase
859	J3LZM9	PREDICTED: pentatricopeptide	Oryza brachyantha	461	21	K.FLQVMRTKGCFP GIK.F (21)	1	F:ligação de proteína

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

		<i>repeat-containing protein At1g77360, mitochondrial-like</i>							
860	XP_009617649	PREDICTED: cytokinin hydroxylase-like	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	340	21	-.MASLMAESAK.N (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
414	CBI23550	unnamed protein product	<i>Vitis vinifera</i>	414	21	K.EMMGDDKKGQM R.K (21)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
862	C1E460	membrana protein	<i>Micromonas sp.</i> (strain RCC299/NOUM17)	2293	20	R.VSMEPRSSVR.A (20)	0	-	-
863	XP_004290696	PREDICTED: probable indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.6-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	571	20	K.VFIEAREGSRL (20)	0	-	-
864	XP_004514777	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101493936 isoform X1	<i>Cicer arietinum</i>	470	20	K.VYHCRLCR.K (20)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
865	E1ZJF3	hypothetical protein CHLNCRAFT_135944	<i>Chlorella variabilis</i>	175	20	R.VLEMARCLR.S (20)	1	F:ligação de proteína	-
866	B9I8U9	nodulin 25 family protein	<i>Populus trichocarpa</i>	1058	20	K.VFKGKGVLCR.N (20)	10	F:ligação no nucleotídeo; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:desenvolvimento pós-embrionário; P:processo celular de modificação de proteínas; P:organização do componente celular; P:Processo metabólico de	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								DNA; F:atividade quinase; C:intracelular; P:resposta ao estresse	
867	XP_004147633	PREDICTED: late embryogenesis abundant protein D-29-like	<i>Cucumis sativus</i>	320	20	K.VTDFTSDSAK.K (20)	0	-	
868	A9RYA6	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	542	20	R.ISYHFGWGLK.S (20)	5	P:processos do metabolismo secundário; F:atividade catalítica; C:mitocôndria; P:processo metabólico; P:processo biossintético	-
869	K8ERE6	Uncharacterized protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	573	20	R.KSSVAGGALSAQI LPAK.A (20)	0	-	
870	A8ID25	predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	1459	20	R.GHAARSATAEVR.R (20)	1	F:ligação de proteína	-
871	XP_004303758	PREDICTED: pectinesterase/pectinesterase inhibitor U1-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	578	20	R.VSQSKSHK.K (20)	4	C:cell wall; P:organização do componente celular; F:atividade de Regulação enzimática; F:atividade hidrolase	EC:3.1.1.11; EC:3.1.1.1
872	C5X3U3	hypothetical protein SORBIDRAFT_02g028085	<i>Sorghum bicolor</i>	184	20	R.GVLAARGRESGR.G (20)	0	-	
873	C1N4Z5	predicted protein, partial	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	157	20	K.LQVANVRLCR.N (20)	2	C:núcleo; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
874	E1ZPG3	hypothetical protein CHLNCDRAFT_58959	<i>Chlorella variabilis</i>	595	30	-.MAAPGPARQK.S (30)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade transferase	EC:2.4.1.1
875	XP_008367252	PREDICTED: uncharacterized	<i>Malus domestica</i>	228	28	K.LPAPGFTYR.T (22) K.LLKLPPTPGFTYR.T (6)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

		protein LOC103430887							
876	XP_003566076	PREDICTED: serine/threonine- protein kinase At3g07070-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	481	27	K.EAAQETSTSETK. K (27)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
877	A5B2I5	hypothetical protein VITISV_043910	<i>Vitis vinifera</i>	565	26	R.FLVGLNREIVNLV K.L (26)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA	-
878	K9LXN1	mutS-like protein 5	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	792	25	R.RMICDNLAADK.D (25)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no DNA; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse	-
159 ¹	D8UBL1	hypothetical protein VOLCADRAFT_12148 3	<i>Volvox carteri</i> f. <i>nagariensis</i>		25	R.LPAVSDTYR.E (25)			
879	A0A078JXZ8	BnaAnng33370D	<i>Brassica napus</i>	121	24	R.DDKIGEKLPAADK .K (24)	0	-	
880	B6TGB1	uncharacterized protein LOC100276675	<i>Zea mays</i>	420	23	R.TASGRPEK.A (23)	0	-	
881	M1B1I8	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102586075	<i>Solanum tuberosum</i>	504	23	R.TSKRPEK.V (23)	2	F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:2.1.1
882	A0A068UGW6	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	380	23	R.RLFLTPLLSDPDV K.S (23)	0	-	
883	A0A087SJ49	Breast carcinoma- amplified sequence 3	<i>Auxenochlorella protothecoides</i>	486	23	R.VVTPGTGR.A (23)	1	F:ligação de proteína	-
884	XP_008803725	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103717205	<i>Phoenix dactylifera</i>	1235	23	R.NGLSSTMR.N (23)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

885	XP_002276381	PREDICTED: nudix hydrolase 15, mitochondrial uncharacterized protein	<i>Vitis vinifera</i>	282	22	R.AAVLICLFEGDAG DLR.V (22)	1	F:atividade hidrolase	-
886	C6T6G0	LOC100785664	<i>Glycine max</i>	206	22	R.AAVLICIFEGDAG DLR.V (22)	2	P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	-
887	XP_008225196	PREDICTED: nudix hydrolase 15, mitochondrial isoform X1	<i>Prunus mume</i>	277	22	R.AAVLLCLFEGDA GDLR.V (22)	1	F:atividade hidrolase	-
888	XP_008379855	PREDICTED: rab geranylgeranyltransferase component A-like	<i>Malus domestica</i>	508	22	R.SGVVPFLCFK.G (22)	0	-	-
889	XP_009394527	PREDICTED: DNA-directed RNA polymerase I subunit rpa1-like	<i>Musa acuminata</i> subsp. <i>malaccensis</i>	1641	22	K.LQASQNMRSISR .K (22)	6	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:2.7.7.6
890	CBI20460	unnamed protein product	<i>Vitis vinifera</i>	657	22	R.NGSTVTFR.S (22)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; P:interacção pólen-pistilo; F:atividade quinase	EC:2.7.11
891	XP_002271997	PREDICTED: TVP38/TMEM64 family membrana protein slr0305-like	<i>Vitis vinifera</i>	373	22	K.DWLNLNVGR.L (22)	0	-	-
892	A9SA52	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	529	22	- .MLERYFAGDNGNV K.S (22)	4	P:processo metabólico; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.1; EC:3.1.3.41; EC:3.1.3.5; EC:3.1.3.31

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

893	B4FKF9	unknown	<i>Zea mays</i>	307	22	K.CYGTTLSEEIVDV K.H (22)	3	P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; P:processo celular	-
894	K7MME 1	PREDICTED: probable DNA-directed RNA polymerase I subunit RPA2-like isoform X1	<i>Glycine max</i>	1175	22	K.GSEAVYVDYVAV DV.K.N (22)	6	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:2.7.7.6
895	K4KSQ9	NB-LRR resistance-like protein RGC9, partial	<i>Gerbera hybrida</i>	163	22	K.ELQEKVISDV.LNV K.M (22)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
896	M8A831	hypothetical protein TRIUR3_09382	<i>Triticum urartu</i>	609	22	K.EYGFCPTGEIVDV K.N (22)	1	F:ligação de proteína	-
897	R0GSM8	hypothetical protein CARUB_v10011071mg	<i>Capsella rubella</i>	871	22	K.EAVVKALSDEDP NV.K.L (22)	6	C:citoplasma; C:membrana; C:Complexo de Golgi; F:ligação; P:transporte; F:atividade transportadora	-
898	XP_0096 00956	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104096305	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	854	22	K.ALALIDLKFGVIN VK.E (22)	0	-	-
899	XP_0096 01463	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104096755	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	139	22	- .MSGIKWPIPDGGV K.E (22)	0	-	-
900	XP_0087 75668	PREDICTED: protein PAIR1	<i>Phoenix dactylifera</i>	528	21	R.LPTSPAYR.A (21)	0	-	-
901	A9NWW 7	Starch synthase, chloroplastic/amylopla stic	<i>Picea sitchensis</i>	622	21	R.GSSNATCSPGQIA YYQGLR.S (21)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo biossintético; F:atividade	EC:2.4.1.21; EC:2.4.1.11; EC:2.4.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								transferase; C:plastídeo; P:processo celular
326 ¹	XP_010268823	PREDICTED: cytochrome c-type biogenesis ccda-like chloroplastic protein	<i>Nelumbo nucifera</i>	20	R.DQRNGHGK.Y (20)			
902	S8D6I9	hypothetical protein M569_01712	<i>Genlisea aurea</i>	485	20	K.LEEMAASMKK.L (20)	0	-
290 ¹	M5VHC5	hypothetical protein PRUPE_ppa021587mg	<i>Prunus persica</i>	20	K.KLVGIEPR.L (20)			
903	A8J220	predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	166	20	.QHFCEGDVDKFKV. R (20)	0	-
904	A2ZV42	hypothetical protein OsJ_02495	<i>Oryza sativa</i> subsp. Japonica	650	20	K.KQNVQVWQLDM VYSK.T (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase EC:2.7.11
905	A9T735	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	460	20	K.QAATPEFKTYQQ QVVK.N (20)	4	P:processo metabólico; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo celular EC:2.1.2.1
906	D9CJ76	DHC1bm	<i>Volvox carteri</i>	4350	20	K.KEILNEVEIANKF YR.Y (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; C:citoesqueleto; P:processo metabólico; P:processo celular; F:atividade motora; F:atividade hidrolase EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
907	C1N791	predicted protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	315	20	K.GAIEILSDFKCVE AGEK.V (20)	2	P:processo_biológico; C:ribossomo -
908	M7YL00	hypothetical protein TRIUR3_15210	<i>Triticum urartu</i>	1042	20	R.KNELIHNWYGYCI R.V (20)	0	-
909	XP_004981943	PREDICTED: ATP- dependent DNA	<i>Setaria italica</i>	839	20	K.KEIIHYANMTELQ KR.I (20)	1	F:ligação no nucleotídeo -

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

<i>helicase DDM1-like isoform X1</i>									
910	XP_006341536	PREDICTED: ras-related protein RABA6a-like	<i>Solanum tuberosum</i>	225	20	K.KLEIINMMDNEVT ATK.Q (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; C:membrana; P:transporte; C:intracelular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
911	V7APT9	hypothetical protein PHAVU_010G063000g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	1244	20	K.KLENIEGERLPVS LIR.L (20)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína	-
912	A0A059CTK7	PREDICTED: myb-related protein 3R-1-like	<i>Eucalyptus grandis</i>	1044	20	K.KLENIEGERLPVS LIR.L (20)	2	F:Ligação no DNA; F:ligação a cromatina	-
913	C1KR43	ATP synthase CF0 subunit B (chloroplast)	<i>Micromonas sp.</i> (strain RCC299/NOUM17)	168	20	K.ILSSLRSADDRFK. Q (20)	9	C:membrana; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:transporte; C:plastídeo; C:intracelular; F:atividade transportadora; C:tilacóide; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
914	A0A067JQB6	hypothetical protein JCGZ_26011	<i>Jatropha curcas</i>	358	20	K.LNTANSNNGRKY R.G (20)	5	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
915	M8A273	hypothetical protein TRIUR3_34681	<i>Triticum urartu</i>	158	20	K.DVELVMAEAPVS R.S (20)	0	-	-
916	XP_004309967	PREDICTED: aspartate carbamoyltransferase 2, chloroplastic-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	443	20	R.AAYFRQTKNSLYI R.M (20)	6	P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo	EC:2.1.3.2

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	
917	F6HUP1	PREDICTED: major extracellular endoglucanase	Vitis vinifera	541	20	R.VVGELGR.R (20)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
918	A0A061 F5Y6	Uncharacterized protein TCM_025311	Theobroma cacao	1012	20	K.TPGNQGR.V (20)	0	-	
919	XP_0088 07663	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103719952	Phoenix dactylifera	315	20	R.VVGEIGR.M (20)	0	-	
920	B8AML 3	hypothetical protein OsI_12652	Oryza sativa subsp. indica (Rice)	280	20	R.IHAVNRLYFPGPK.Y (20)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
921	Q5DQ22	ribosomal protein small subunit 4, partial (chloroplast)	Asplenium petrarcae subsp. bivalens	92	20	K.TPGALDR.S (20)	3	F:Ligação no RNA; C:ribossomo; C:plastídeo	-
922	F2EJU0	predicted protein	Hordeum vulgare subsp. vulgare	192	20	K.VVGLADR.I (20)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
923	Q5ZBF2	hydroxyproline-rich glycoprotein-like	Oryza sativa subsp. Japonica	734	20	R.TSAHTGR.N (20)	0	-	
924	XP_0044 87794	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101496583	Cicer arietinum	933	35	K.RASTFSVMKFGER.S (35)	0	-	
925	K8EC49	Uncharacterized protein	Bathycoccus prasinos	935	34	R.GGGGGYSSRDGG GFER.R (34)	5	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:Ligação no RNA; P:processo	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								metabólico; F:atividade hidrolase	
926	A0A061F425	Kinase superfamily protein, putative	<i>Theobroma cacao</i>	345	28	R.CISFEEEEKRPTMIE VGK.E (28)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
927	D8UBQ2	hypothetical protein VOLCADRAFT_107054	<i>Volvox carteri</i>	779	27	R.SAGIMLAARHGFE R.L (27)	1	F:ligação	-
928	A4RT44	polyketide synthase	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	18193	26	K.NSMRSPR.A (26)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
929	A9SAP0	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	222	26	R.GGMSGWPR.D (26)	0	-	-
930	V4LUK2	hypothetical protein EUTSA_v10020049mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	855	26	R.DTDLMPR.N (26)	2	P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético	-
931	J3MAU4	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102700906	<i>Oryza brachyantha</i>	812	26	R.NSMSRPR.L (26)	0	-	-
932	A5B7F2	hypothetical protein VITISV_019519	<i>Vitis vinifera</i>	381	25	K.VPLRSSNTDLHIR.G (25)	0	-	-
933 ²	M8CB04	hypothetical protein F775_15158	<i>Aegilops tauschii</i>		25	R.NFAKDPR.S (26)			
934 ²	D7M1D4	predicted protein	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>		25	R.NNAAHMMATSLA QR.Y (26)			
935	A0A058ZVK6	hypothetical protein EUGRSUZ_L00840	<i>Eucalyptus grandis</i>	365	24	K.EMGSEKTK.K (24)	2	P:processo metabólico de lipídios ; F:atividade hidrolase	EC:3.1.1
936	XP_008461055	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN:	<i>Cucumis melo</i>	375	24	R.EMGSLCGR.L (24)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.14.11

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

937	XP_010278176	<i>gibberellin 3-beta-dioxygenase 2-like</i> PREDICTED: <i>pentatricopeptide repeat-containing protein At5g55840-like</i>	<i>Nelumbo nucifera</i>	1326	24	K.EMGSCGIR.C (24)	1	F:ligação de proteína	-
938	Q43315	<i>farnesyl diphosphate synthase 2</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	342	24	K.DLSKYSLQIHRR.I (24)	7	P:processo metabólico; P:processo metabólico de lipídios ; C:citosol; P:processo biossintético; F:atividade transferase; F:ligação; P:processo celular	EC:2.5.1; EC:2.5.1.10; EC:2.5.1.1
939	C0LSI7	<i>farnesyl diphosphate synthase</i>	<i>Euphorbia pekinensis</i>	342	24	K.DLNKYTLSLHRR.I (24)	4	P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo celular	-
940	R9QG12	<i>putative resistance protein TIR 25, partial</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	155	24	K.IDTPNGLPQYIER.R (24)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
941	J3MPZ5	PREDICTED: L-type lectin-domain containing receptor kinase IX.1-like	<i>Oryza brachyantha</i>	708	24	R.LDDDYDKAEMER.V (24)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação à carboidratos; F:atividade quinase	EC:2.7.11
942	W1NHV1	<i>hypothetical protein AMTR_s00011p00262370</i>	<i>Amborella trichopoda</i>	814	24	R.INVKVASSHEFER.F (24)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.1.3.20
943	W9S0V1	Putative disease resistance RPP13-like protein 1	<i>Morus notabilis</i>	1270	24	K.VVDDLLKLRCLR.V (25)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
944	Q6Z4W7	<i>Os08g0273300</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	193	23	R.FHIGDNLVFK.F (23)	2	C:citoplasma; F:função_molecular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

945	A0A072 U8T1	hypothetical protein MTR_6g047440	<i>Medicago truncatula</i>	159	23	- .MMNTSSMRGKLIK. T (23)	0	-	
946	XP_0094 10510	PREDICTED: uncharacterized protein At5g05190-like	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	540	23	R.TTMARLV.R.C (23)	0	-	
947	I1K7C3	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100783010 isoform X1	<i>Glycine max</i>	665	23	R.LGSNFPSQMK.M (23)	1	F:ligação de proteína	-
948	M0ZJH3	PREDICTED: probable acyl- acyl- carrier-protein --UDP- N-acetylglucosamine O-acyltransferase, mitochondrial-like	<i>Solanum tuberosum</i>	334	23	- .MSSLFFSSRRPLSV ALR.R (23)	4	P:processo metabólico de lipídios ; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo celular	-
949	XP_0030 79389	unnamed protein product	<i>Ostreococcus tauri</i>	353	22	R.TTMADGAGPK.I (22)	2	F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína	-
950	I1J290	PREDICTED: septin and tuftelin-interacting protein 1 homolog 1- like	<i>Brachypodium distachyon</i>	377	22	K.QTDCSFRWAMR. R (22)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
951	XP_0049 77938	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101765760	<i>Setaria italica</i>		22	R.VSPILHEKVIGIDFR .R (22)			
952	XP_0095 98033	PREDICTED: probable GTP-ligação protein OBGC2	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	331	22	K.KQMTSLTTNMMR .D (22)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

953	Q6ZFA9	putative receptor-type protein kinase LRK1	<i>Oryza sativa</i> subsp. Japonica (Rice)	541	22	R.LNDDYDVTEMER.V (24)	11	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal; P:resposta a estímulos endógenos; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade receptora; F:ligação à carboidratos; C:componente celular; F:atividade de transdução de sinal; F:atividade quinase; C:membrana plasmática	EC:2.7.11
954	B9RXI9	hepatocellular carcinoma-associated antigen, putative	<i>Ricinus communis</i>	652	22	K.FLMDVIAPKR.E (22)	3	C:núcleo; F:ligação de proteína; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
955	XP_004305162	PREDICTED: putative disease resistance protein RGA3-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. vesca	610	22	K.HLRYLNVMK.T (22)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
956	XP_008806407	PREDICTED: serine/arginine repetitive matrix protein 1-like	<i>Phoenix dactylifera</i>	527	22	K.HSPSPEKHGVGPK R.A (22)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-
957	A0A067KQE4	hypothetical protein JCGZ_04267	<i>Jatropha curcas</i>	501	22	K.IKSTTIKPKR.E (9) R.IEVPSFMNKMGR GMK.I (13)	5	P:processo metabólico de carboidrato ; C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo celular	EC:2.4.1.17
958	I1GR67	PREDICTED: peroxidase 70-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	320	22	R.GGVGGLVRRYAG SPAR.F (22)	5	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; C:região extracelular;	EC:1.11.1.7

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								F:ligação; P:resposta ao estresse	
959	XP_009599887	PREDICTED: ATP-dependent RNA helicase Dhx29 isoform X3	Nicotiana tomentosiformis	1274	21	K.GTIQQEVS.- (21)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
960	C5Y437	hypothetical protein SORBIDRAFT_05g002210	Sorghum bicolor	894	21	R.DIVAYNAMIK.G (23)	1	F:ligação de proteína	-
961	M5Y288	hypothetical protein PRUPE_ppa019264mg, partial	Prunus persica	404	21	R.SIGNAPSDLLK.F (21)	1	F:ligação de proteína	-
962	C7FAZ0	chloroplast carboxyltransferase alpha subunit	Brassica napus	769	21	R.EAEAEMAVVLK.S (21)	6	C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo celular	EC:6.4.1; EC:6.4.1.2
963	C1FDV2	axonemal inner arm I1 intermediate chain dynein IC138	Micromonas sp. (strain RCC299 / NOUM17)	490	21	K.ESGKTRTILGK.H (21)	1	F:ligação de proteína	-
964	XP_003077976	SAR DNA-ligação protein-1-garden pea (ISS)	Ostreococcus tauri	341	21	R.ERDGDSPKSAK.K (21)	0	-	-
965	E1ZFY1	hypothetical protein CHLNCRAFT_134414	Chlorella variabilis	854	21	R.EDRMKQAALK.A (21)	1	F:ligação de proteína	-
966	A0A078EQL0	BnaC06g25750D	Brassica napus	129	21	M.EAEAMEEPQR.Q (21)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
967	D8S6B5	hypothetical protein SELMODRAFT_110129 i	Selaginella moellendorffi	516	21	R.VIVTFSKFQER.H (21)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

968	I1HR22	PREDICTED: disease resistance protein RGA2-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	511	20	R.LYTSAVNHMSPG SK.I (22)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
969	P06381	50S ribosomal protein L14, chloroplastic	<i>Marchantia polymorpha</i>	122	20	R.VIGTSNR.K (20)	5	F:Ligação no RNA; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; C:plastídeo; P:tradução	-
970	B9HV08	ribosomal family protein	<i>Populus trichocarpa</i>	148	20	R.VIASNSR.G (20)	3	C:membrana; C:plastídeo; C:tilacóide	-
971	A0A0A0L7S1	PREDICTED: DNA replication ATP-dependent helicase/nuclease DNA2-like	<i>Cucumis sativus</i>	1379	20	R.VLANSSR.L (20)	4	F:atividade nuclease; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; F:atividade hidrolase	EC:3.1.30; EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.1.21; EC:3.1; EC:3.6.1.15
972	K3XWT2	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At4g14820-like	<i>Setaria italica</i>	459	20	R.VLAGACR.D (20)	1	F:ligação de proteína	-
973	V4SAA6	hypothetical protein CICLE_v10027767mg	<i>Citrus clementina</i>	937	20	K.VIGKSSR.D (20)	3	C:membrana; P:transporte; P:processo celular	-
974	A0A059C476	hypothetical protein EUGRSUZ_E01412	<i>Eucalyptus grandis</i>	321	20	K.VISNTGR.N (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo biossintético; P:processo celular	EC:4.3.3.7
975	A0A087SGU5	Branched-chain-amino-acid aminotransferase-like protein 3, chloroplastic	<i>Auxenochlorella protothecoides</i>	348	20	K.VIACAGR.D (20)	2	P:processo metabólico; F:atividade transferase	-
976	W9RFC1	Glutamate receptor 2.7	<i>Morus notabilis</i>	1239	20	R.VISNSAR.F (20)	6	P:transdução de sinal; C:membrana; F:atividade receptora; F:atividade de transdução de sinal;	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:transporte; F:atividade transportadora	
977	XP_010261286	PREDICTED: probable leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine-protein kinase At5g15730	<i>Nelumbo nucifera</i>	422	20	K.VLASNSR.Q (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
978	I3NM64	zf-RanBP domain-containing protein	<i>Aegilops tauschii</i>	1177	20	R.VSAGKGRETAVT EMK.K (20)	1	F:ligação	-
979	B9HJD6	clathrin assembly family protein	<i>Populus trichocarpa</i>	562	20	M.GTLQTWR.K (20)	5	F:ligação de proteína; C:citoplasma; P:organização do componente celular; F:interação com lipídios; P:transporte	-
980	K7KCY6	PREDICTED: gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase-like	<i>Glycine max</i>	233	20	K.GTIKEWK.E (20)	0	-	
981	R0GQF0	hypothetical protein CARUB_v10007777mg	<i>Capsella rubella</i>	175	20	K.GTIKIAMK.L (20)	0	-	
982	A0A059D681	hypothetical protein EUGRSUZ_B02940	<i>Eucalyptus grandis</i>	574	20	M.GTLKTWR.K (20)	5	F:ligação de proteína; C:citoplasma; P:organização do componente celular; F:interação com lipídios; P:transporte	-
983	XP_009768014	PREDICTED: serine carboxypeptidase-like 17	<i>Nicotiana sylvestris</i>	477	20	K.GTIGAW EK.C (20)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.21; EC:3.4.16
984	A0A059BB58	hypothetical protein EUGRSUZ_G00747, partial	<i>Eucalyptus grandis</i>	912	20	R.NMVLPIVVRIK.R (20)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

985	XP_004149950	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC101216349	<i>Cucumis sativus</i>	1830	20	K.GDILVGTK.M (20)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA	-
986	XP_006353582	PREDICTED: uncharacterized protein At2g40430-like	<i>Solanum tuberosum</i>	321	20	K.GDLVIKTK.K (20)	0	-	-
987	A5B902	hypothetical protein VITISV_032980	<i>Vitis vinifera</i>	1283	20	K.HECRTNMNK.Q (22)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação; P:Processo metabólico de DNA	-
988	K7LRX9	PREDICTED: probable acyl-activating enzyme 16, chloroplastic-like	<i>Glycine max</i>	720	20	R.VSLRYMECKR.I (20)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
989	H9NIE5	histone-lysine N-methyltransferase CLF-like protein, partial	<i>Beta vulgaris</i> subsp. <i>vulgaris</i>	486	20	R.TGFPALMSSK.S (22)	3	P:processo metabólico; F:ligação a cromatinacromatina; F:atividade transferase	-
990	A5C6J8	hypothetical protein VITISV_037698	<i>Vitis vinifera</i>	699	20	K.VMMIVMAFNVG QK.H (23)	3	C:citoplasma; P:transporte; P:processo celular	-
991	B9FBQ6	hypothetical protein OsJ_12505	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	149	20	R.HEHLRLRGPERR.H (20)	0	-	-
992	C3W5R6	HMW glutenin subunit 1ByX	<i>Triticum turgidum</i> subsp. <i>durum</i>	526	20	R.VLSNFSTAAR.T (20)	0	-	-
993	A8HPT7	predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	2324	20	R.SASATAALFAR.S (20)	0	-	-
994	XP_008227563	PREDICTED: TMV resistance protein N-like	<i>Prunus mume</i>	921	20	K.VSYDTLDDIVK.E (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:transdução de sinal	-
995	A0A061GP37	Uncharacterized protein TCM_037969	<i>Theobroma cacao</i>	533	20	K.SIAPSTNR.C (20)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

996	A0A087H947	hypothetical protein AALP_AA3G142400	<i>Arabis alpina</i>	428	41	R.SYNSRMR.G (20) R.YLPDLSTGK.K (21)	1	F:ligação de proteína	-
997	A2Y9P9	hypothetical protein OsI_21800	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> (Rice)	926	19	R.DDIISRLMEQK.Q (19)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
998	A5BMQ9	hypothetical protein VITISV_041859	<i>Vitis vinifera</i>	450	28	R.QASDMVM.- (28)	4	C:citoplasma; P:organização do componente celular; F:atividade de fator de tradução, ligação no RNA; P:tradução	-
999	A0A077RPV3	unnamed protein product	<i>Triticum aestivum</i>	761	32	K.DGHKSAIK.K (32)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1000	D8TWU4	hypothetical protein VOLCADRAFT_104891	<i>Volvox carteri f. nagariensis</i>	1361	32	K.IAQSMGYINNDR.D (32)	8	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:organização do componente celular; F:ligação; P:transporte; F:atividade transportadora; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.3.1; EC:3.6.1.15
1001	M8BE60	Wall-associated receptor kinase 2	<i>Aegilops tauschii</i>	769	31	R.KPTRGYICSCR.H (31)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação; F:ligação à carboidratos; F:atividade quinase	-
1002	Q9XIM2	CSL zinc finger domain-containing protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	367	30	K.VDEISLLSIDTSK.F (30)	2	C:núcleo; C:citoplasma	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1003	M1BKK8	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102587521	<i>Solanum tuberosum</i>	85	29	R.AWVTVVSLGVVE ALK.D (29)	0	-	
1004	Q4VZ79	glycosyltransferase	<i>Glycine max</i>	491	29	R.TAMLSTASRVVV GR.H (29)	3	C:membrana; P:processo metabólico; F:atividade transferase	EC:2.4.1.17; EC:2.4.1.13 5
1005	XP_0087 95204	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103711015 isoform X1	<i>Phoenix dactylifera</i>	209	28	K.ITWHDQVALKV.- (28)	0	-	
1006	XP_0042 47101	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101261359	<i>Solanum lycopersicum</i>	385	22	R.RSTGPLSR.R (22)	0	-	
1007	Q94I84	Putative dimethylaniline monooxygenase	<i>Oryza sativa</i>	469	27	K.EAAGLPKR.Q (27)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica	EC:1.14.13. 8; EC:1.14.13
1008	S8CS80	hypothetical protein M569_07046, partial	<i>Genlisea aurea</i>	649	27	K.EAAGIPRK.E (27)	3	P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1009	A0A022 R9N7	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00140 5mg	<i>Erythranthe guttata</i>	825	27	K.EAKLPKR.A (27)	0	-	
1010	A0A078 GDH9	<i>BnaC07g31150D</i>	<i>Brassica napus</i>	401	27	R.EAAGIPKR.N (27)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.14.13. 8; EC:1.14.13
1011	P30110	<i>Glutathione S- transferase 1</i>	<i>Triticum aestivum</i>	229	28	R.GVLGIYEAR.L (27) K.HMPTEFK.L (1)	3	F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade transferase	EC:2.5.1.18

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1012	XP_004148995	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101209802	<i>Cucumis sativus</i>	578	27	R.LLNQSMPTK.V. (27)	0	-	
1013	R7W7G4	hypothetical protein F775_20366	<i>Aegilops tauschii</i>	108	27	R.SARRSSPSAPR.S (27)	0	-	
1014	XP_008237097	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103335839	<i>Prunus mume</i>	500	26	R.NGRKHLDLESTG M.- (26)	2	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação	-
1015	C1FG87	predicted protein	<i>Micromonas</i> sp. (strain RCC299 / NOUM17)	1188	26	K.AGVDPAIRDILVA GWDHNR.A (26)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1016	A0A067JRP4	hypothetical protein JCGZ_26020	<i>Jatropha curcas</i>	296	26	K.FYDNGYSSSIKGS V.- (26)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
1017	Q7XIR8	Os07g0508000	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	1280	26	R.EAQLPKR.L (27)	4	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
1018	M5WE48	hypothetical protein PRUPE_ppa015780mg , partial	<i>Prunus persica</i>	292	25	K.IERLGTKWDIHR.I (25)	1	P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1019	Q9SCW1	beta galactosidase 1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	847	27	R.VGAQTSRMKMVR .V (25) R.FTTKIVNMMKAE R.L (2)	14	P:processo_biológico; P:processo catabólico; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:morfogênese; C:região extracelular; C:componente celular; P:processo celular; P:processo metabólico de	EC:3.2.1.23; EC:3.2.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								carboidrato ; C:cell wall; P:diferenciação celular; C:citosol; F:ligação à carboidratos; P:crescimento celular; F:atividade hidrolase	
1020	B9SWG 6	<i>Bipolar kinesin KRP- 130, putative</i>	<i>Ricinus communis</i>	1530	25	K.LVADISNLVSSHIR .R (25)	6	F:ligação no nucleotídeo; C:citoesqueleto; F:ligação de proteína; P:processo metabólico; P:processo celular; F:atividade motora P:organização do componente celular; P:transporte; C:intracelular; F:atividade transportadora	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
1021	A8IBQ8	<i>predicted protein</i>	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	208	25	R.AAMLDMAR.E (25)	4	P:organização do componente celular; P:transporte; C:intracelular; F:atividade transportadora	-
1022	A0A078 DZ00	<i>BnaC01g17480D</i>	<i>Brassica napus</i>	595	25	K.NMMLNVR.G (25)	1	F:ligação	-
1023	B9HIW4	<i>hypothetical protein POPTR_0008s11290g</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	149	25	K.ANSAASHDHVQS GTK.M (25)	0	-	
1024	Q7F8Q9	<i>putative extra sporogenous cells</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	1413	25	R.NLRQLMAK.S (25)	19	P:transdução de sinal; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:desenvolvimento pós- embrionário; P:processo celular de modificação de proteínas; P:morfogênese; F:atividade de transdução de sinal; C:membrana plasmática; C:plastídeo; P:ciclo celular; P:reprodução; F:ligação no nucleotídeo; P:resposta ao	EC:2.7.11

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								estímulo biótico; F:ligação de proteína; P:resposta ao estímulo externo; P:desenvolvimento de flor; C:membrana; P:diferenciação celular; F:atividade quinase	
1025	A0A078GB97	<i>BnaC08g42650D</i>	<i>Brassica napus</i>	833	25	R.EALQQPR.M (25)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade molecular estrutural; P:processo celular de modificação de proteínas; C:ribossomo; F:atividade quinase; P:tradução	-
1026	D8U185	<i>hypothetical protein VOLCADRAFT_118102</i>	<i>Volvox carteri f. nagariensis</i>	6348	19	K.TLADTYK.Q (19)	5	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:ligação; F:atividade hidrolase	-
1027	D7MQN9	<i>predicted protein</i>	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	503	25	K.IMGNDAMVR.V (25)	7	F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:resposta ao estresse	-
1028	XP_004308677	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101307642</i>	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	1047	25	R.EDGTAMKVR.A (25)	1	F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

357 ¹	D8UA54	hypothetical protein VOLCADRAFT_96453	<i>Volvox carteri</i>	787	25	R.VMLLTSR.R (25)	0	-	
1029	V4SL66	hypothetical protein CICLE_v10029868mg, partial	<i>Citrus clementina</i>	650	25	K.SGSEPGQPS.- (25)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
1030	K4BTV4	PREDICTED: putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g77010, mitochondrial	<i>Solanum lycopersicum</i>	685	25	K.IHKSSGRSWSDM.- (26)	1	F:ligação de proteína	-
1031	XP_0035 58063	PREDICTED: putative calmodulin-like protein 6	<i>Brachypodium distachyon</i>	216	24	R.GAAVGTR.G (24)	1	F:ligação	-
1032	XP_0064 94858	PREDICTED: TMV resistance protein N- like isoform X1	<i>Citrus sinensis</i>	1049	24	R.RWIFESNHFK.L (24)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína	-
1033	XP_0087 80331	PREDICTED: protein SPT2 homolog, partial	<i>Phoenix dactylifera</i>	404	24	R.ATPSTMK.A (24)	0	-	
1034	A0A0A0 LT30	hypothetical protein Csa_1G181530	<i>Cucumis sativus</i>	167	24	K.GSILASIVPGLNW LGK.R (24)	0	-	
1035	B9SL86	hypothetical protein RCOM_0092510	<i>Ricinus communis</i>	122	24	M.EALAGPGAR.S (24)	0	-	
1036	Q6RZU6	hypothetical protein	<i>Musa acuminata</i>	1382	24	R.IVRHDMDR.H (24)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-
1037	A0A087 SAS4	Charged multivesicular body protein 1	<i>Auxenochlorella protothecoides</i>	203	24	K.VAATMDQFEK.Q (24)	2	P:transporte; C:intracelular	-
1038	A0A078 CY05	<i>BnaC08g38760D</i>	<i>Brassica napus</i>	440	23	K.TPEISTLPPHSIGF GR.A (23)	0	-	
1039	D8TSV2	hypothetical protein VOLCADRAFT_11723 7	<i>Volvox carteri f. nagariensis</i>	210	23	R.VGTSGATLYEYE YELDSTR.G (23)	4	C:membrana; P:fotossíntese; F:ligação; C:tilacóide	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1040	B8AWE3	hypothetical protein OsI_19424	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> (Rice)	975	23	R.VDKAMD ¹ MFAK.M (23)	2	F:ligação de proteína; C:mitocôndria	-
1041	J3LE81	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102707464	<i>Oryza brachyantha</i>	84	23	K.VRSSDEDY ² GK.W (23)	0	-	-
1042	XP_0042 87798	PREDICTED: histidine kinase 1-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	1212	23	R.TMVNKMGGDIK. V (25)	7	P:transdução de sinal; C:membrana; P:processo metabólico; F:atividade receptora; F:atividade quinase; F:atividade de transdução de sinal; P:processo celular	EC:2.7.3; EC:2.7.13.3
1043	S8C2K7	hypothetical protein M569_13906	<i>Genlisea aurea</i>	238	23	R.GTLTGKER.E (23)	0	-	-
1044	U5NH23	secologanin synthase- like protein, partial	<i>Cinchona calisaya</i>	518	23	K.NIDSDVRGMIR.N (23)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1045	XP_0065 81567	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100777481 isoform X5	<i>Glycine max</i>	1419	23	R.TGACSQPM ³ SRAK. E (23)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-
1046	Q4KPB3	LEAFY-like protein	<i>Podocarpus matudae</i> var. <i>reichei</i>	342	23	K.KNMELFVDIDGK. R (23)	3	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1047	XP_0044 92700	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101494441	<i>Cicer arietinum</i>	277	23	K.AHGSHATS.- (23)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1048	A0A088 CN40	<i>LEAFY protein, partial</i>	<i>Dacrycarpus imbricatus</i>	386	23	K.KNMELFVDLDGK .R (23)	3	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1049	I3SQL6	<i>unknown</i>	<i>Lotus japonicus</i>	173	23	R.VFEK <u>M</u> GR.T (23)	4	P:processo metabólico; F:ligação; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.1; EC:3.1.3.41; EC:3.1.3.2
1050	A9SN75	<i>predicted protein</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	159	23	- .MGFSWNGAMAAR. Q (23)	0	-	-
1051	C5X4E7	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g009 970</i>	<i>Sorghum bicolor</i>	336	23	K.VLQQLQQMPQNNQ GLK.L (23)	6	P:geração de metabólitos precursores e energia; P:organização do componente celular; P:fotossíntese; P:processo biossintético; C:plastídeo; P:processo celular	-
1052	A0A059 AMA8	<i>hypothetical protein EUGRSUZ_I00472</i>	<i>Eucalyptus grandis</i>	499	23	R.TQSSVGLSMSLNG K.I (23)	0	-	-
1053	D8QVP1	<i>hypothetical protein SELMODRAFT_79322 , partial</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	364	23	R.LGMAAGILR.L (23)	0	-	-
				679					
1054	B9R6S1	<i>Poly(rC)-ligação protein, putative</i>	<i>Ricinus communis</i>		23	R.GTTYGAGPR.E (23)	1	F:Ligação no RNA	-
1055	XP_0022 82960	<i>PREDICTED: uncharacterized</i>	<i>Vitis vinifera</i>	695	23	K.EMKEKLMSGILR. H (23)	4	C:membrana; F:ligação; P:transporte; P:processo celular	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

protein LOC100241883									
1056	XP_009800812	PREDICTED: ammonium transporter 3 member 1-like	<i>Nicotiana sylvestris</i>	486	22	K.TTHGKLARGTTE MI.- (23)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
1057	D7LQK7	hypothetical protein ARALYDRAFT_904655	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	74	22	R.EVFESDPKGYFR. N (22)	0	-	-
1058	C1MYY9	predicted protein	<i>Micromonas pusilla</i> (strain CCMP1545)	462	22	R.MGTARESDGGSG AGR.L (22)	3	C:citoplasma; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:anatomical structure morphogenesis P:transdução de sinal; C:membrana; P:resposta a estímulos endógenos; F:atividade receptora; C:componente celular; F:atividade de transdução de sinal; P:transporte; C:intracelular; C:membrana plasmática; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
1059	G7IU02	Glutamate receptor 3.7	<i>Medicago truncatula</i>	914	22	R.GLSGQIRFSSDR.N (22)	11	P:transdução de sinal; P:processo metabólico; F:atividade de Regulação enzimática; P:processo celular	-
1060	E1ZJR4	hypothetical protein CHLNCRAFT_13610 0	<i>Chlorella variabilis</i>	300	22	- .MSGSKRPLGDMK. K (22)	4	F:Ligação no DNA; F:atividade nuclease; P:processo biossintético; F:atividade transferase;	-
1061	R0GEW9	hypothetical protein CARUB_v100278780m g, partial	<i>Capsella rubella</i>	845	22	K.KLVSVTSSMKVK. D (22)	6		EC:3.1; EC:2.7.7.7

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases	
1062	S8C5N2	hypothetical protein M569_12743, partial	Genlisea aurea	803	22	K.VVLPRVVMYAR.Y (22)	5	P:processo metabólico proteico; P:processo biológico; F:ligação de proteína; C:membrana; F:atividade hidrolase	EC:3.4.24
1063	XP_004499713	PREDICTED: dual specificity protein phosphatase PHS1-like isoform X1	Cicer arietinum	836	22	K.VDAESYK.E (22)	3	P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41; EC:3.1.3
1064	XP_008808245	PREDICTED: CSC1-like protein At4g02900 isoform X1	Phoenix dactylifera	759	22	K.RPITKTGFLGLWG K.T (22)	1	C:membrana	-
1065	Q6Z3P1	hypothetical protein	Oryza sativa Japonica Group	307	22	R.RSTGPTVR.I (22)	0	-	
1066	W1NHD7	hypothetical protein AMTR_s00009p00170950	Amborella trichopoda	1034	22	R.LRAYPGFR.A (22)	0	-	
1067	Q5VP72	hypothetical protein	Oryza sativa subsp. Japonica	200	22	R.THGHGGRR.R (22)	0	-	
1068	B9RRW1	conserved hypothetical protein	Ricinus communis	720	22	K.VVPHNRR.S (22)	0	-	
1069	I1GTA1	PREDICTED: remorin-like	Brachypodium distachyon	294	22	R.APQSYRR.S (22)	0	-	
1070	V4SU52	hypothetical protein CICLE_v10012894mg	Citrus clementina	182	22	K.KPAIHGVR.T (22)	0	-	
1071	Q84MD8	putative protein	Arabidopsis thaliana	379	22	-.MSMSNSLK.K (22)	14	P:comunicação celular; P:resposta ao estímulo extracelular; P:processo	EC:2.7.1.26; EC:2.7.7.2

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								metabólico; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo; P:processo celular; P:resposta ao estresse; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico de lipídios ; F:atividade transferase; F:atividade quinase; F:atividade hidrolase	
1072	XP_004513068	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At4g15720-like	<i>Cicer arietinum</i>	605	22	R.LGSGKITHGVVVR.L (22)	1	F:ligação de proteína	-
1073	XP_004144477	PREDICTED: AT-rich interactive domain-containing protein 4-like	<i>Cucumis sativus</i>	772	22	K.KLKVASMRPVPR.L (22)	1	F:Ligação no DNA	-
1074	Q8MBY5	maturase K	<i>Aichryson pachycaulon</i>	335	22	- .MGEVNGYLELEK.S (22)	1	C:plastídeo	-
1075	XP_008362563	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: DELLA protein GAI-like	<i>Malus domestica</i>	392	22	R.LVHTLMACAEAV QYGNLK.L (22)	2	C:núcleo; F:função_molecular	-
1076	S71183	RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49) (clone NING8) -	<i>Arabidopsis thaliana</i> retrotransposon Ta16 (fragment)	73	22	- .MAVKTDMSKAYD R.I (22)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1077	A8HRZ9	histone H2A variant	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	144	22	K.GLSGKGAKGTMG DK.L (22)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína; C:intracelular	-
1078	A0A068 V0V0	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	260	22	K.AASGFMLFIML.- (22)	0	-	-
1079	U5CZP6	hypothetical protein AMTR_s00036p002359 10	<i>Amborella trichopoda</i>	667	22	-.MAEELQFSSR.S (22)	1	F:Ligação no RNA	-
1080	XP_0102 49699	PREDICTED: myb-related protein 3R-1-like isoform X1	<i>Nelumbo nucifera</i>	1073	21	R.DGHSRKR.G (21)	1	F:Ligação no DNA	-
1081	K8FHT7	predicted protein	<i>Bathycoccus prasinos</i>	730	21	R.LADLVGMEVGVH VGK.N (21)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo metabólico; P:processo celular	EC:1.1.1.35
1082	U5G4X6	hypothetical protein POPTR_0007s10300g	<i>Populus trichocarpa</i>	184	21	R.TAHSRQR.Q (21)	4	P:organização do componente celular; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
1083	A0A067 GIL6	hypothetical protein CISIN_1g003568mg	<i>Citrus sinensis</i>	810	21	K.GDHSRRK.A (21)	1	F:ligação	-
1084	M7YX05	hypothetical protein TRIUR3_33200	<i>Triticum urartu</i>	489	21	R.INNYLECVLNEVK .S (21)	0	-	-
1085	XP_0022 67576	PREDICTED: U-box domain-containing protein 17	<i>Vitis vinifera</i>	714	21	R.EEMAVAGLLGM MR.C (21)	3	F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	-
1086	XP_0042 93976	PREDICTED: U-box domain-containing protein 17-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	722	21	K.EEMAVAGLIGMM R.C (21)	3	F:ligação de proteína; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1087	A0A061 GEA7	<i>Plant U-box 17</i>	<i>Theobroma cacao</i>	719	21	K.EEMAVAGLVAM MR.C (21)	7	P:resposta ao estímulo biótico; F:ligação de proteína; P:resposta ao estímulo externo; F:atividade catalítica; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; P:resposta ao estresse	-
1088	U5FXK1	<i>hypothetical protein POPTR_0010s04380g</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	878	21	R.GPEGNNIHK.S (21)	3	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; F:atividade hidrolase	EC:3.5.4.17; EC:3.5.4.6
1089	J3LGW8	<i>PREDICTED: endoglucanase 7-like</i>	<i>Oryza brachyantha</i>	555	21	R.ATGKAEYLDYVV DK.A (21)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo catabólico; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.4
1090	Q9SN99	<i>uncharacterized protein</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	117	21	K.VLVGKTVTMAVE IVV.- (21)	2	P:desenvolvimento de flor; P:anatomical structure morphogenesis	-
1091	B9RXT7	<i>kinase, putative</i>	<i>Ricinus communis</i>	643	21	K.RPTMASVVLMLS DR.S (21)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1092	V7CQM 9	<i>hypothetical protein PHAVU_002G2555001 g, partial</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	775	21	R.VAAMCKVL.- (21)	7	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
1093	C5WUY 1	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g002 900</i>	<i>Sorghum bicolor</i>	434	21	K.ASIALLRGLR.S (21)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								metabólico que envolve nucleobases	
1094	A9SFW1	<i>predicted protein</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	132	21	.MGRGGVQETARSR. W (21)	0	-	
1095	A0A068 UH59	<i>unnamed protein product</i>	<i>Coffea canephora</i>	941	21	K.VKLPPLAEQLFGK .G (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1096	A9NZY0	<i>unknown</i>	<i>Picea sitchensis</i>	250	21	-.MAVVISAAR.L (21)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	EC:4.4.1.5
1097	XP_0030 82807	<i>RLA0_MAIZE 60S acidic ribosomal protein P0 pir T03944 acidic ribosomal protein P0-maize (ISS)</i>	<i>Ostreococcus tauri</i>	321	21	K.GDLLEVRKK.V (21)	2	P:processo biológico; C:intracelular	-
1098	XP_0094 00278	<i>PREDICTED: probable beta-D- xylosidase 6</i>	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	778	21	R.GDLLERARK.E (21)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	-
1099	Q94BT3	<i>AT5g41810/K16L22_9</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	278	21	R.TMSMSHLPDRR.I (21)	0	-	
1100	M5WBY 6	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa017596mg</i>	<i>Prunus persica</i>	232	21	R.TMSMPHLSDRR.V (21)	0	-	
1101	V4TGC8	<i>hypothetical protein CICLE_v10030585mg</i>	<i>Citrus clementina</i>	1039	21	K.ILLDTSSKSRR.G (21)	1	F:ligação de proteína	-
1102	Q9FZ32	<i>F-box protein with LysM domain</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	221	21	K.REVAVLYLEGAP KR.E (21)	4	F:ligação de proteína; P:processo catabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo celular	-
1103	B6TGR5	<i>uncharacterized protein LOC100276701</i>	<i>Zea mays</i>	97	21	R.REGLIVDEGLSSA VR.V (21)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1104	D7L7H3	hypothetical protein ARALYDRAFT_899235	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	567	21	K.LNGGNLVEFDGY MR.A (21)	4	C:endossomo; C:citoplasma; P:organização do componente celular; C:Golgi apparatus	-
1105	XP_0043 01983	PREDICTED: mRNA- capping enzyme-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	678	21	K.RELGLVIDLTNTT R.Y (21)	5	C:núcleo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases; F:atividade hidrolase	EC:2.7.7.50; EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.33; EC:2.7.7; EC:3.1.3.41; EC:3.1.3
1106	A0A022 QAQ8	hypothetical protein MIMGU_mgv1a01346 8mg	<i>Erythranthe guttata</i>	219	21	R.FHDGMKEWSCCK .Q (21)	0	-	-
1107	XP_0091 17062	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103842192 isoform X1	<i>Brassica rapa</i>	1664	21	R.NNGNGSRKSDAH MGR.F (21)	3	F:ligação de proteína; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse	-
1108	XP_0102 56000	PREDICTED: F-box protein At1g55000	<i>Nelumbo nucifera</i>	282	21	K.REVAVLYLEGIPG GK.L (21)	1	F:ligação de proteína	-
1109	M8CLH 0	Disease resistance protein RPM1	<i>Aegilops tauschii</i>	984	21	K.IPPGIVKIEK.L (21)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1110	A0A059 D4E1	PREDICTED: tafazzin homolog isoform X1	<i>Eucalyptus grandis</i>	472	21	R.IGHRLQELK.M (21)	3	P:processo metabólico de lipídios ; F:atividade transferase; P:processo celular	-
1111	M5W499	hypothetical protein PRUPE_ppa016067mg	<i>Prunus persica</i>	360	21	K.YLPDTAEGK.S (21)	5	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; F:ligação a	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								cromatinacromatina; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade receptora; F:atividade quinase; F:atividade de transdução de sinal; C:intracelular	
1112	A0A059 UJF2	phototropin	Stangeria eriopus	1062	21	R.GTGKPGQGVGLR.T (21)	7		EC:2.7.3; EC:2.7.13.3
1113	A5BWD 7	hypothetical protein VITISV_043623	Vitis vinifera	815	21	K.DDTSASR.V (21)	0	-	
1114	B8LP09	unknown	Picea sitchensis	303	21	K.DDTSSAR.E (21)	4	F:atividade nuclease; P:Processo metabólico de DNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:resposta ao estresse	EC:3.1
1115	XP_0049 87068	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At5g59600-like	Setaria italica	469	21	R.MVSTGTR.V (21)	1	F:ligação de proteína	-
1116	A0A022 RUM5	hypothetical protein MIMGU_mgv1a02345 1mg, partial	Erythranthe guttata	102	21	-.MVSTSAR.S (21)	0	-	
1117	KEH418 58	transmembrana protein, putative	Medicago truncatula	163	21	K.DDGMASR.V (21)	1	F:ligação de proteína	-
1118	XP_0098 04126	PREDICTED: alpha- xylosidase 1-like	Nicotiana sylvestris	856	21	K.ETSTSAR.Y (21)	3	P:processo metabólico de carboidrato ; F:ligação à	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								carboidratos; F:atividade hidrolase	
1119	XP_010238286	PREDICTED: WAT1-related protein At5g47470-like isoform X1	<i>Brachypodium distachyon</i>	369	21	R.ETTSASR.- (21)	2	C:membrana; F:atividade transportadora	-
1120	A4S082	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	170	20	K.SVEAILLPK.L (20)	3	F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade de Regulação enzimática	-
1121	B9RQJ6	AMP dependent CoA ligase, putative	<i>Ricinus communis</i>	545	20	R.WEAITGHR.L (20)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:6.2.1.26
1122	D7TWC1	unnamed protein product	<i>Vitis vinifera</i>	524	20	M.ADKGEKPPK.R (20)	5	P:homeostase celular; C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
1123	I1GLA6	PREDICTED: protein transporte protein SEC13 homolog B-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	316	20	K.WEGKMMR.D (20)	1	F:ligação de proteína	-
1124	M8CNG5	hypothetical protein F775_26949	<i>Aegilops tauschii</i>	512	20	R.SVKDAQPPK.V (20)	0	-	-
1125	S8BYH5	hypothetical protein M569_17589	<i>Genlisea aurea</i>	228	20	R.WEPSPEPK.R (20)	0	-	-
1126	R0HGX6	hypothetical protein CARUB_v10003786mg	<i>Capsella rubella</i>	619	20	K.WKANHSAR.C (20)	5	C:núcleo; F:ligação de proteína; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	EC:3.1
1127	A0A068UWX0	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	1113	20	K.VDESNRLSEENK.H (20)	0	-	-
1128	XP_008813098	PREDICTED: ethylene-responsive	<i>Phoenix dactylifera</i>	263	20	R.NLLSHKKLGK.N (20)	4	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

transcription factor RAP2-11								DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	
1129	B9V0R4	<i>F-box family-2</i>	<i>Oryza officinalis</i>	f-box family-2	20	K.QRLQASASFFTG.- (20)	196	1	F:ligação de proteína
1130	V4UFQ9	<i>hypothetical protein CICLE_v10030157mg, partial</i>	<i>Citrus clementina</i>	646	20	K.KVCHDSHDHGMK. Q (20)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação à carboidratos; F:atividade quinase	EC:2.7.11
1131	A0A078 FEP8	<i>BnaA09g39950D</i>	<i>Brassica napus</i>	628	20	R.RTSGSLPR.R (20)	2	P:processo metabólico de lipídios ; F:atividade hidrolase	-
1132	XP_0084 50676	<i>PREDICTED: pto-interacting protein 1</i>	<i>Cucumis melo</i>	428	20	M.EVNNSTRTPPPPR.T (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1133	M5W851	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa002263mg</i>	<i>Prunus persica</i>	694	20	K.LRAYEISK.L (22)	6	C:núcleo; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:organização do componente celular; P:diferenciação celular; C:citosol; P:reprodução	-
1134	XP_0083 66628	<i>PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At2g20710, mitochondrial-like</i>	<i>Malus domestica</i>	501	20	R.DVVAACMCYMK. Q (20)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1135	C6TEY6	uncharacterized protein LOC100775304	<i>Glycine max</i>	364	20	R.LQAKQEIGGSSSY R.Y (20)	2	C:membrana; P:transporte	-
1136	A0A059 AC79	hypothetical protein EUGRSUZ_J00837	<i>Eucalyptus grandis</i>	84	20	R.LMGRARYR.G (20)	0	-	-
1137	A0A078 DQU5	<i>BnaC04g35520D</i>	<i>Brassica napus</i>	472	20	K.MIGRNIYR.E (20)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4.21; EC:3.4.16
1138	M5W231	hypothetical protein PRUPE_ppa007529mg	<i>Prunus persica</i>	364	20	R.STDLPPK.L (20)	0	-	-
1139	B6SUI0	<i>GRAB2 protein</i>	<i>Zea mays</i>	348	20	R.TEPIMAAAGAGEL ER.V (20)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1140	C5X1Q2	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g036 590	<i>Sorghum bicolor</i>	356	20	R.TEPMAAAVAGAE LER.V (20)	4	C:núcleo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1141	XP_0097 66725	PREDICTED: cell wall protein DAN4-like	<i>Nicotiana sylvestris</i>	358	20	R.SNYSFRR.S (20)	0	-	-
1142	V7BJA3	hypothetical protein PHAVU_007G211100g	<i>Phaseolus vulgaris</i>	324	20	R.TRCALVN.- (7) K.AVSLNPGIAAGLI R.M (13)	5	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; C:região extracelular; F:ligação; P:resposta ao estresse	EC:1.11.1.7
1143	XP_0096 06109	PREDICTED: QWRF motif-containing protein 2-like isoform X1	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	655	20	R.KIAAAAESVTPVR .G (20)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1144	B8A842	<i>hypothetical protein OsI_04882</i>	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> (Rice)	446	20	R.TIILDSAAFMEEFGLPLKTR.T (20)	1	P:processo_biológico	
1145	Q93X83	<i>Hsp70 interacting protein/thioredoxin chimera</i>	<i>Vitis labrusca</i>	385	20	- .MDDAKISELKQFVNSVK.S (20)	3	C:célula; P:homeostase celular; F:ligação de proteína	-
1146	N1R4J7	<i>hypothetical protein F775_00849</i>	<i>Aegilops tauschii</i>	634	20	K.KEGIDMSQWRLGTFQR.T (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no DNA; P:organização do componente celular; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
1147	XP_008359921	<i>PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: multiple RNA-ligação domain-containing protein 1-like</i>	<i>Malus domestica</i>	812	20	K.VDSDKSSTKLLVK.N (20)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-
1148	XP_009763028	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC104214990</i>	<i>Nicotiana glauca</i>	274	20	R.VDGSWSQQIQGSK.M (20)	0	-	
1149	M1B498	<i>PREDICTED: nuclear pore complex protein Nup98-Nup96-like</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	1033	20	R.IRVFELVAGNIHR.A (20)	14	P:transdução de sinal; P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; P:resposta ao	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								estresse; C:nuclear envelope; P:desenvolvimento de flor; C:membrana; P:resposta a estímulos endógenos; P:diferenciação celular P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; F:atividade hidrolase	
1150	XP_0102 59074	PREDICTED: heparanase-like protein 1	<i>Nelumbo nucifera</i>	539	20	K.ITQGGSFMHGLK K.T (20)	3		-
1151	XP_0049 64337	PREDICTED: F-box protein At2g26160-like isoform X1	<i>Setaria italica</i>	436	20	K.GEMFAMDLFGRL HR.I (20)	1	F:ligação de proteína	-
509 ¹	D7LR29	cytochrome P450	<i>Arabidopsis lyrata subsp. lyrata</i>	483	20	R.LDENKHVNKEK.I (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1152	D8U6K5	MAP kinase phosphatase 5	<i>Volvox carteri f. nagariensis</i>	471	20	K.DAAGGKVPVR.M (20)	4	F:ligação de proteína; P:processo metabólico; F:atividade quinase; P:processo celular	-
1153	M0ZUV 6	PREDICTED: cytochrome P450 82A3-like	<i>Solanum tuberosum</i>	511	20	K.NMNLNGVVKME MK.E (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1154	Q7XSG7	OSJNBa0085H03.6	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	835	20	K.YHHHLGSRMR.S (20)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4
1155	H9VK11	hypothetical protein 0_5015_01, partial	<i>Pinus taeda</i>	158	20	K.HILLSFCTYR.A (20)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1156	A0A078 CCV9	<i>BnaA04g07690D</i>	<i>Brassica napus</i>	436	20	K.MKNHMSDSEK.L (20)	0	-	
1157	A9NQD 9	unknown	<i>Picea sitchensis</i>	313	20	-.MAAPDMSGVK.F (20)	0	-	
1158	I1HS25	PREDICTED: F-box protein At4g18380-like	<i>Brachypodium distachyon</i>	396	20	R.VRPVLPsgNSHR. T (20)	1	F:ligação de proteína	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1159	A0A0A0L5S1	hypothetical protein <i>Csa_3G118200</i>	<i>Cucumis sativus</i>	124	20	R.GGDEEAGFP <u>M</u> ES AMK.E (20)	0	-	
1160	A4S5W4	predicted protein	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901)	334	20	K.KVTLAPGR.T (20)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA	-
1161	Q5W6W4	hypothetical protein	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	760	20	R.TFGSGLHFR.D (20)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação; C:plastídeo F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1162	A0A078JX80	<i>BnaAnng36910D</i>	<i>Brassica napus</i>	270	20	R.LHAGEAHAR.L (20)	4	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1163	A0A078CI25	<i>BnaC08g34520D</i>	<i>Brassica napus</i>	333	20	R.VDEFLQSLVGEK. R (20)	3		-
1164 ²	XP_003613421	Disease resistance protein	<i>Medicago truncatula</i>		20	K.LGQLVVELSMKH FK.Y (20)			
1165	XP_008462686	PREDICTED: uncharacterized protein <i>LOC103500989</i>	<i>Cucumis melo</i>	795	20	R.SMQITPKKEFEFK. K (20)	0	-	
1166	F2CWK6	predicted protein	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	542	20	R.GVLRNMREYTER. H (20)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1167	XP_009801073	PREDICTED: DUF21 domain-containing protein <i>At5g52790</i>	<i>Nicotiana sylvestris</i>	485	39	K.GHSALLR.R (21) K.MVKDAMTPMSR VFSLDLHSK.L (18)	0	-	
1168	G7J524	Argininosuccinate synthase	<i>Medicago truncatula</i>	477	28	R.FELSFALNPK.L (28)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade catalítica;	EC:6.3.4.5

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								P:processo biossintético; P:processo celular	
1169	XP_004289765	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101303863	<i>Fragaria vesca</i> subsp. vesca	216	27	R.GAGKFRPKVKPK. S (27)	0	-	
1170	E1ZHM1	hypothetical protein CHLNCDRAFT_13516 1	<i>Chlorella variabilis</i>	464	27	R.QLAALSEERAPK. D (27)	0	-	
1171	V4M1R0	hypothetical protein EUTSA_v10000114mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	543	27	K.QRLVQESDIPK.L (27)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1172	A0A078JH00	<i>BnaA07g37210D</i>	<i>Brassica napus</i>	379	27	K.KFGVSNAHEVPK. F (27)	5	F:ligação de proteína; C:citoplasma; P:organização do componente celular; F:interação com lipídios; P:transporte	-
1173	XP_010246645	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104589887	<i>Nelumbo nucifera</i>	454	27	K.KDITPDGNEVPK. R (27)	0	-	
1174	G7KLA5	Mitochondrial S1 ribosomal protein	<i>Medicago truncatula</i>	204	26	R.QDRAWMKLHK.I (26)	1	C:ribossomo	-
1175	A0A068UX23	unnamed protein product	<i>Coffea canephora</i>	81	26	R.HTNATQLVFGPK.I (26)	0	-	
1176	XP_003521081	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100305803	<i>Glycine max</i>	797	25	K.KTITLQRDLPK.R (27)	0	-	
1177	M1BFX4	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102597658	<i>Solanum tuberosum</i>	193	24	R.HGLPSSR.G (24)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1178	D8TXZ0	hypothetical protein VOLCADRAFT_91792	<i>Volvox carteri</i> f. <i>nagariensis</i>	835	23	R.HGSALLR.A (23)	0	-	
1179	R0GUC8	hypothetical protein CARUB_v10012512mg , partial <i>Capsella</i> <i>rubella</i>		249	23	R.QDFSAIYMIPK.E (23)	0	-	
1180	W9RN45	hypothetical protein L484_020331	<i>Morus notabilis</i>	797	22	K.LDVHLCHK.L (22)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-
1181	D7LU03	oxidoreductase/ transition metal ion ligação protein	<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i>	473	20	R.DWGNQGMEMK.E (20)	2	F:função_molecular; P:processo_biológico	
1182	XP_0083 65056	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103428707	<i>Malus domestica</i>	116	20	K.DDKLVPEQRK.K (20)	0	-	
1183	A0A067J XR9	hypothetical protein JCGZ_19618	<i>Jatropha curcas</i>	96	20	R.SANKASSSSSNVPK .G (20)	1	P:resposta a estímulos endógenos	-
1184	A0A078I L39	<i>BnaC05g50990D</i>	<i>Brassica napus</i>	60	20	R.QLTLISFSDARI.- (20)	0	-	
1185	XP_0087 88261	PREDICTED: probable thiol methyltransferase 2	<i>Phoenix dactylifera</i>	277	27	R.MGTGRGDRR.D (27)	1	F:atividade transferase	-
1186	XP_0042 41167	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At2g29760, chloroplastic	<i>Solanum lycopersicum</i>	744	25	R.VCADCHAVAKLLS K.L (25)	1	F:ligação de proteína	-
1187	XP_0043 03452	PREDICTED: serine/threonine-protein kinase At5g01020-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	408	23	R.LLVYEHIAR.G (23)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1188	A4GVT9	APETALA1-like	<i>Viola pubescens</i>	140	22	R.HYMGEDLESMSLK .E (22)	6	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								DNA específica; F:ligação de proteína; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	
1189	W1PKG0	hypothetical protein AMTR_s00018p0011690 0	Amborella trichopoda	125	22	R.VMSLAMTEMAQSI K.M (22)	0	-	
1190	A0A087 GSY7	hypothetical protein AALP_AA6G314900	Arabis alpina	443	22	K.ISGVHMEKVRTGIK .I (22)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; P:organização do componente celular; C:região extracelular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.15
1191	Q8L4C3	fatty acyl coA reductase	Triticum aestivum	507	22	K.ILRVQPDVKK.I (22)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
1192	XP_0042 91622	PREDICTED: fatty acyl- CoA reductase 3-like	Fragaria vesca subsp. vesca	489	22	K.ILRVQPDVQK.I (22)	1	F:atividade catalítica	-
1193	XP_0086 56947	PREDICTED: probable GPI-anchored adhesin- like protein PGA55 isoform X1	Zea mays	838	22	K.LLRNIPVNEK.A (22)	0	-	
1194	XP_0093 64296	PREDICTED: alcohol- forming fatty acyl-CoA reductase-like	Pyrus x bretschneideri	492	22	K.ILRVQPNVEK.V (22)	1	F:atividade catalítica	-
1195	E1ZSM6	hypothetical protein CHLNCDRAFT_37552, partial	Chlorella variabilis	305	22	R.HIMANGDLAR.L (22)	3	F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
1196	E1ZF24	hypothetical protein CHLNCDRAFT_52418	Chlorella variabilis	1012	21	R.GVGFEQHIAR.I (23)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1197	Q93XK9	vacuolar-type H ⁺ - pyrophosphatase	Solanum lycopersicum	356	21	R.TAKPDYATCVK.I (21)	6	C:membrana; P:processo metabólico; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1.1; EC:3.6.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1198	Q9M880	Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase 4, chloroplastic	<i>Arabidopsis thaliana</i>	403	20	- .MALLNSTMTVAM K.Q (20)	7	F:atividade catalítica; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:ligação; C:plastídeo; P:processo celular	EC:1.14.19.2 ; EC:1.14.19
1199	A8HWA8	pyridine ligação no nucleotídeo protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	749	20	K.KVDGDGTIALINK. A (20)	8	P:geração de metabólitos precursores e energia; C:membrana; P:desenvolvimento pós-embrionário; P:morfogênese; P:fotossíntese; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo; C:tilacóide	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1200	C0HFS0	<i>hypothetical protein</i>	<i>Zea mays</i>	734	20	R.SEASKNSQVTQMK. G (20)	2	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1201	R0IQ58	<i>hypothetical protein CARUB_v10012387mg</i>	<i>Capsella rubella</i>	273	20	R.VEIPTEERRR.Q (20)	7	P:geração de metabólitos precursores e energia; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; P:fotossíntese; F:ligação; C:plastídeo; C:tilacóide	-
1202	XP_0042 93652	<i>PREDICTED: transcription factor GTE8-like</i>	<i>Fragaria vesca subsp. vesca</i>	560	19	M.IATETTMFSGNK.L (21)	1	F:ligação de proteína	-
1203	A0A061F EK9	<i>Cox19-like CHCH family protein, putative, partial</i>	<i>Theobroma cacao</i>	147	19	R.SSGAALGA.- (19)	0	-	-
1204	A0A068 UGC1	<i>unnamed protein product</i>	<i>Coffea canephora</i>	784	19	K.NLILNNNAFAAAN GGVR.R (19)	0	-	-
1205	Q9ZPD7	<i>BnMAP4K alpha1</i>	<i>Brassica napus</i>	684	19	K.APAERPSAK.E (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1206	M0RJN0	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC103968693 isoform X1</i>	<i>Musa acuminata subsp. malaccensis</i>	576	19	K.MSDSDATGDK.N (19)	0	-	-
1207	C1MMW 1	<i>predicted protein</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	318	19	R.THEHGVRASASK.E (19)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	EC:1.14.11
1208	C1EE21	<i>hypothetical protein MICPUN_62471</i>	<i>Micromonas sp. RCC299</i>	157	19	K.VVAAMGAGKR.R (19)	0	-	-
1209	J7ER22	<i>maturase K</i>	<i>Myrocarpus fastigiatus</i>	506	19	K.SFIIESGMK.K (19)	3	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1210	M8BS24	hypothetical protein F775_09242	<i>Aegilops tauschii</i>	494	19	R.SIHGCMSEFVPHLF K.- (19)	1	F:ligação	-
1211	V4M0W9	hypothetical protein EUTSA_v10020515mg	<i>Eutrema salsugineum</i>	519	19	K.SIHEAFLSSSFVDDP R.R (19)	2	P:organização do componente celular; F:ligação	-
1212	A0A096 ZZW8	maturase K, partial (chloroplast)	<i>Hypertelis bowkeriana</i>	194	19	R.SIHSIFPFLEDKFA R.L (19)	1	C:plastídeo	-
1213	Q6ENK8	Os09g0281600	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>Japonica</i>	289	19	K.KGHHMGDFIPQE ELEK.F (19)	2	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1214	A5AGF1	hypothetical protein VITISV_036066	<i>Vitis vinifera</i>	1342	19	R.QHGMQLTYLQA WQMK.E (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase	EC:3.4
1215	Q6DUC4	tousled-like kinase 1	<i>Zea mays</i>	621	19	K.LTNKEPR.S (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1216	D8TTK9	hypothetical protein VOLCADRAFT_90142	<i>Volvox carteri</i>	369	19	R.RGGGEEPR.G (19)	3	P:processo metabólico proteico; C:intracelular; F:atividade hidrolase	EC:3.4.11
1217	I0YPF8	hypothetical protein COCSUDRAFT_67562	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i> C- 169	573	19	K.TLLEEPR.A (19)	0	-	-
1218	Q84ZB9	Os07g0549800	<i>Oryza sativa</i> <i>Japonica</i> Group	133	19	K.FGQVIEAR.V (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico; C:mitocôndria	-
1219	XP_0022 84293	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At4g18520-like	<i>Vitis vinifera</i>	595	19	R.FGKLVEAR.K (19)	1	F:ligação de proteína	-
1220	DAA526 43	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73_102228	<i>Zea mays</i>	418	19	-.MGKIVSLR.L (19)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

683	A0A078I514	<i>BnaC06g06430D</i>	<i>Brassica napus</i>	683	19	K.MGKLVEAR.R (19)	1	F:ligação de proteína	-
1222	XP_008385641	PREDICTED: F-box/WD-40 repeat-containing protein At5g21040 isoform X1	<i>Malus domestica</i>	567	19	- .MEFECQVTTEVSK.N (19)	1	F:ligação de proteína	-
1223	M7Z6Y6	hypothetical protein TRIUR3_24677	<i>Triticum urartu</i>	112	19	R.QSSMGGGAAMHDGR.A (19)	0	-	-
179 ¹	A0A022QJB7	hypothetical protein MIMGU_mgv1a00006 1mg	<i>Erythranthe guttata</i>	1970	19	K.IMPFNGVR.S (19)	1	F:ligação	-
1224	XP_004295097	PREDICTED: serine/threonine-protein phosphatase 4 regulatory subunit 3-like	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	877	19	K.GIVNVAENRKR.G (21)	1	F:ligação	-
1225	XP_008358652	PREDICTED: protein SCAR3-like isoform X1	<i>Malus domestica</i>	1240	18	R.ADIFIGSR.L (20)	2	C:citoesqueleto; P:organização do componente celular	-
72 ¹	N1R5S6	hypothetical protein F775_32999	<i>Aegilops tauschii</i>	391	18	K.KHSVLDQR.F (20)	0	-	-
1226	XP_008379058	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At3g26782, mitochondrial-like	<i>Malus domestica</i>	653	18	R.GIVHLFLVSDR.E (21)	1	F:ligação de proteína	-
1227	A0A067XR68	maturase K, partial (chloroplast)	<i>Chorizanthe diffusa</i>	437	18	R.SIHSLFPPLEDKMS R.L (19)	3	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	-
1228	B5D8A7	maturase K	<i>Conostylis bracteata</i>	314	17	R.SIHSIFPFLFDKLSR .L (19)	3	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								envolve nucleobases; C:plastídeo	
1229	XP_004959724	PREDICTED: cysteine-rich receptor-like protein kinase 10-like	<i>Setaria italica</i>	615	20	R.GDTAPGSDCAYR LK.E (20)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1230	XP_004505177	PREDICTED: protein SRG1-like	<i>Cicer arietinum</i>	348	20	K.SNIDNLQIYHFKL S.- (20)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	
1231	XP_006364594	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At3g47530-like	<i>Solanum tuberosum</i>	621	20	K.VINVRKMMK.D (20)	1	F:ligação de proteína	-
1232	B9GS90	hypothetical protein POPTR_0002s04800g	<i>Populus trichocarpa</i>	688	20	K.VVKGMDMVKK.I (20)	4	P:processo metabólico proteico; F:atividade catalítica; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo celular	EC:5.2.1.8
1233	U5G4E1	hypothetical protein POPTR_0007s09750g	<i>Populus trichocarpa</i>	197	20	R.VLIKQRHTR.V (20)	4	F:Ligação no RNA; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
271 ¹	B9S5D3	tradução initiation factor 2b, delta subunit, putative	<i>Ricinus communis</i>	638	20	K.IIVADKVIVK.H (21)	2	F:atividade de fator de tradução, ligação no RNA; P:tradução	-
272 ¹	A0A087GTN7	hypothetical protein AALP_AA6G348400	<i>Arabis alpina</i>		20	K.IIVADNLIVK.H (21)			
1235	XP_008393874	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103456028 isoform X1	<i>Malus domestica</i>		20	R.SQGDKHMWTEGI R.H (20)			

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1236	A0A061 DIA0	Uncharacterized protein isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	601	20	K.LLHLDNQIKNLEL QIKK.T (20)	5	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1237	XP_0042 52397	PREDICTED: nuclear pore complex protein Nup107	<i>Solanum lycopersicum</i>	1072	20	K.TINHLDFDAPTR.E (20)	3	C:nuclear envelope; C:membrana; P:transporte	-
1238	A0A072 UF95	hypothetical protein MTR_5g066325	<i>Medicago truncatula</i>	69	19	R.NSQSSGKSTLAK.S (19)	0	-	-
1239	A7U017	maturase K	<i>Silene scouleri</i>	503	19	K.SAMRAFLK.R (19)	3	F:Ligação no RNA; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	-
1240	A0A067 L467	hypothetical protein JCGZ_03532	<i>Jatropha curcas</i>	93	19	R.LRRTALLSALEAR .D (19)	0	-	-
1241	A0A022 Q7T9	hypothetical protein MIMGU_mgv1a02526 3mg	<i>Erythranthe guttata</i>	644	19	K.ILICGFQTKK.K (19)	0	-	-
1242	XP_0100 27459	PREDICTED: DDT domain-containing protein DDB_G0282237 isoform X1	<i>Eucalyptus grandis</i>	719	19	K.RKNGEEEMEGED ESGK.N (21)	0	-	-
1243	F2YHL1	CPD photolyase, partial	<i>Dunaliella tertiolecta</i>	236	19	R.EKLYSRDQLEQG R.T (19)	3	F:atividade catalítica; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse	EC:4.1.99.3; EC:4.1.99
1244	XP_0042 99085	PREDICTED: ethylene-responsive transcription factor ERF118-like isoform 1	<i>Fragaria vesca subsp. vesca</i>	346	19	R.EQLYPSEEPKMVR .K (19)	4	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								metabólico que envolve nucleobases	
1245	M7YUK7	hypothetical protein TRIUR3_18559	<i>Triticum urartu</i>	269	19	K.EQLYDLIAGAEAN SK.T (19)	0	-	
1246	N1QZF2	hypothetical protein F775_19393	<i>Aegilops tauschii</i>	671	19	R.AGGGQYINHLDA MFK.K (19)	0	-	
1247	J7LQ09	Trans-alpha-bergamotene synthase	<i>Phylla dulcis</i>	542	19	K.ELQYLEQYPGIIR.W (19)	6	F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo celular	-
1248	V5K779	serine/threonine-protein kinase PBS1, partial	<i>Chrysanthemum boreale</i>	371	19	R.KKNYNHHTVDPI R.S (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	EC:2.7.11
1249	M5WG70	hypothetical protein PRUPE_ppa005417mg	<i>Prunus persica</i>	462	19	K.EKIYKEFSMFQR.G (19)	1	F:ligação de proteína	-
1250	M5X1V5	hypothetical protein PRUPE_ppa004663mg	<i>Prunus persica</i>	497	19	R.EIKYFQHMEKIR.L (19)	3	C:citoplasma; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1
1251	A0A022RS33	hypothetical protein MIMGU_mgv1a0002792mg, partial	<i>Erythranthe guttata</i>	578	19	R.QQNYPPQYHQYR.Q (19)	4	F:ligação a ácido nucleico; F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.15
1252	A0A072V8K3	hypothetical protein MTR_3g467660	<i>Medicago truncatula</i>	318	19	K.ELKYIIEDDLENK.K (19)	0	-	
1253	E2CXH1	hypothetical protein	<i>Jatropha curcas</i>	81	19	K.DSISNHNFLNLTLK.A (19)	0	-	
1254	XP_004232685	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101245517	<i>Solanum lycopersicum</i>	174	19	K.NSLSDGDKFCAD LMR.E (19)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1255	U5GR08	pentatricopeptide repeat-containing family protein	<i>Populus trichocarpa</i>	512	19	R.DVTAMELFYHEM VK.R (19)	1	F:ligação de proteína	-
1256	XP_010278289	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104612549	<i>Nelumbo nucifera</i>	322	19	R.DSLSDSCSEENEN DK.L (19)	0	-	-
1257	A8HQ67	alpha-galactosidase	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	328	19	K.TPAMGWNSWNY FR.C (19)	2	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.22; EC:3.2.1
1258	XP_006487865	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102607982	<i>Citrus sinensis</i>	414	19	R.MKHVKIDR.D (19)	0	-	-
1259	A0A059AP34	hypothetical protein EUGRSUZ_I01472	<i>Eucalyptus grandis</i>	414	19	R.FKVHKLDR.E (19)	1	F:ligação de proteína	-
1260	XP_008460021	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103498960	<i>Cucumis melo</i>	474	19	R.FKHVQLDR.Y (19)	2	P:processo biológico; C:região extracelular	-
1261	K7K3L0	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100785362	<i>Glycine max</i>	385	19	R.IVKEQDSEMKEQR .N (19)	1	F:Ligação no DNA	-
1262	XP_009112702	PREDICTED: hsp70-Hsp90 organizing protein 2 isoform X1	<i>Brassica rapa</i>	553	17	R.NPMIMNK.I (19)	1	F:ligação de proteína	-
1263	Q6Z9C6	hypothetical protein	<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	239	19	R.TSLYVIKR.I (19)	1	C:mitocôndria	-
1264	C1N8A0	isochorismate synthase	<i>Micromonas pusilla</i> CCMP1545	2507	19	R.VYATAAATAAR.H (19)	5	F:atividade catalítica; P:processo biossintético; F:ligação; F:atividade	EC:2.2.1.9; EC:5.4.4.2

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 μ M de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								transferase; P:processo celular	
1265	A0A0C3XH94	<i>Disease resistance protein</i>	<i>Medicago truncatula</i>	1997	19	K.LGQLVVELSMKH FK.Y (19)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1266	G7KGB6	<i>Ubiquitin carrier protein</i>	<i>Medicago truncatula</i>	161	19	K.TLSKIACNRLQK.E (19)	2	F:atividade catalítica; P:processo metabólico	-
1267	G7JWQ1	<i>Sporulation protein RMD1</i>	<i>Medicago truncatula</i>	412	19	K.TLSSLLYNNNHR. H (19)	10	P:regulação do desenvolvimento do organismo multicelular; C:mitocôndria; P:diferenciação celular; P:morfogênese; P:processo biossintético; P:Processo metabólico de DNA; P:reprodução; P:growth; P:ciclo celular; P:processo celular	-
1268	F2EH94	<i>predicted protein</i>	<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i>	669	19	K.ISASVDSHDLK.K (19)	5	C:núcleo; F:ligação de proteína; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	EC:3.1
1269	K4CR21	<i>PREDICTED: FBD-associated F-box protein At2g26860-like</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	479	19	K.ISCPNLKVLK.Y (19)	1	F:ligação de proteína	-
1270	A0A078FY47	<i>BnaC04g02780D</i>	<i>Brassica napus</i>	325	18	K.TRMSMKR.L (20)	4	F:Ligação no RNA; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:intracelular	EC:3.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1271	XP_008376357	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103439574	<i>Malus domestica</i>	527	17	K.SYQEFIQKTGPVG QPVYK.A (19)	0	-	
1272	I1LJ28	PREDICTED: WEB family protein At5g16730, chloroplastic-like	<i>Glycine max</i>	851	19	K.EVEAEAIQLQEAL K.E (19)	0	-	
1273	XP_004956908	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101784111 isoform X1	<i>Setaria italica</i>	1747	19	R.DELLSALKIEVGR K.I (19)	1	C:membrana	-
1274	XP_006665027	PREDICTED: lysosomal alpha-mannosidase-like, partial	<i>Oryza brachyantha</i>	1008	19	R.CEGLVIEGKYLLK .I (19)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; F:ligação; F:ligação à carboidratos; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.24; EC:3.2.1
1275	K8E939	enolase	<i>Bathycoccus prasinos</i>	509	19	K.CQIVGDDLLVTNP K.R (19)	7	P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e energia; F:atividade catalítica; P:processo catabólico; C:citosol; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:4.2.1.11
1276	A0A087SPA6	60S ribosomal protein L23A	<i>Auxenochlorella protothecoides</i>	544	19	R.DPKYPRVSAPGQ QK.L (19)	4	F:ligação no nucleotídeo; F:atividade molecular estrutural; C:ribossomo; P:tradução	-
1277	XP_009592957	PREDICTED: putative late blight resistance protein homolog R1A-3	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	1191	19	K.EEADLIISKLTGGP K.M (19)	1	F:ligação no nucleotídeo	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1278	I3SS69	Uncharacterized protein	<i>Medicago truncatula</i>	127	19	R.IYSSGGFGHYTSK. T (19)	0	-	
1279	XP_008657384	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103636844	<i>Zea mays</i>	377	19	K.QPWPPPRVPPR. L (19)	2	P:processo biossintético; F:atividade transferase	-
1280	C1ML73	leucine rich repeat-containing protein	<i>Micromonas pusilla</i> CCMP1545	705	19	M.KNASLFR.Y (19)	0	-	
1281	M7ZAQ2	PAX-interacting protein 1	<i>Triticum urartu</i>	977	19	R.ELASLFR.S (19)	0	-	
1282	A0A061EDA7	Receptor-like protein kinase 2, putative isoform 1	<i>Theobroma cacao</i>	1015	19	K.EIASCKK.L (19)	5	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação de proteína; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	EC:2.7.11
1283	A5B1M6	hypothetical protein VITISV_033519	<i>Vitis vinifera</i>	1591	19	K.TLLDLGAKLKPTS ITLSPEDR.S (21)	2	F:ligação a ácido nucleico; P:Processo metabólico de DNA	-
1284	L0P3Z6	PH01B001E05.4	<i>Phyllostachys edulis</i>	513	19	R.LAVEESSMTTPR.R (19)	0	-	
1285	E1Z630	hypothetical protein CHLNCDRAFT_34199	<i>Chlorella variabilis</i>	573	19	R.VVDPGLILSRANL VFR.R (19)	8	P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e energia; P:processo catabólico; P:processo metabólico; F:ligação; F:atividade quinase; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:processo celular	EC:2.7.1.40

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1286	B9GM04	<i>glycoside hydrolase family 2 family protein</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	1110	19	K.VGGVPVPMNKGIF PCFWR.A (19)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; F:ligação à carboidratos; C:componente celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.23; EC:3.2.1
1287	XP_008245344	<i>PREDICTED: putative disease resistance protein At1g50180</i>	<i>Prunus mume</i>	730	19	K.VEKGAMPSLCK.L (19)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1288	V7CIA0	<i>hypothetical protein PHAVU_002G103400g</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	437	19	M.LGGGNGDGEAAP PSTAAR.S (19)	4	F:Ligação no DNA; F:atividade de fator de transcrição, sequência de DNA específica; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1289	A9SZ07	<i>predicted protein</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	533	19	R.NLNGAGIKATGR. Q (19)	3	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora	-
1290	M5VV79	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa003954mg</i>	<i>Prunus persica</i>	538	19	R.SKISESGALSSILK. L (19)	11	P:resposta ao estímulo biótico; P:resposta a estímulos abióticos; F:ligação de proteína; P:resposta ao estímulo externo; F:atividade catalítica; P:transdução de sinal; P:processo metabólico; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase; P:resposta ao estresse; P:processo celular	-
1291	A0A0A0LDD2	<i>PREDICTED: uncharacterized</i>	<i>Cucumis sativus</i>	572	19	K.TLSRRQNSTPGSK. E (19)	0	-	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

protein LOC101208207									
1292	U5DH56	hypothetical protein AMTR_s00064p000960 40	Amborella trichopoda	1044	19	R.TISSLLHPSPDK. S (19)	5	F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo metabólico; F:ligação; P:processo celular C:membrana; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:transporte; C:intracelular; F:atividade transportadora; F:atividade hidrolase	EC:1.4.4.2
1293	A0A090 LY52	ATPase, F1 complex, gamma subunit conserved site	Ostreococcus tauri	315	19	R.TISLQAVKIRM <u>R</u> .S (19)	7		EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
1294	A9TEG3	predicted protein	Physcomitrella patens	395	19	R.AQQFATFLHKNA R.T (19)	0	-	
1295	I7FHN4	MAP kinase	Nicotiana tabacum	610	19	K.VVGPVLAYDSGN K.E (19)	6	F:ligação no nucleotídeo; P:transdução de sinal; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade de transdução de sinal; F:atividade quinase; C:intracelular	EC:2.7.11; EC:2.7.11.2 4
1296	XP_0097 66682	PREDICTED: mediator of RNA polymerase II transcription subunit 23-like	Nicotiana sylvestris	114	19	K.TLMYDVTKMIST L.- (19)	0	-	
1297	A0A059 AEP8	hypothetical protein EUGRSUZ_J01313	Eucalyptus grandis	390	19	K.VLNLTRCKNLHR. T (19)	1	F:ligação no nucleotídeo	-
1298	XP_0093 91371	PREDICTED: kinetochore protein NDC80 homolog	Musa acuminata subsp. malaccensis	598	19	K.KFQAVVDSWGGK .V (19)	0	-	

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1299	S8E5G9	<i>hypothetical protein M569_07173, partial</i>	<i>Genlisea aurea</i>	425	19	K.RGMIAEGK.A (19)	5	F:ligação no nucleotídeo; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:tradução	EC:6.1.1; EC:6.1.1.18
1300	XP_010252940	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC104594363 isoform X1</i>	<i>Nelumbo nucifera</i>	1169	19	R.MGQTVLKFLSR.K (19)	0	-	
1301	A9XWA8	<i>RNA polymerase beta" subunit, partial (chloroplast)</i>	<i>Qualea parviflora</i>	1272	19	R.TGKTNYK.E (19)	5	F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo metabólico que envolve nucleobases; C:plastídeo	EC:2.7.7.6
1302	A0A068TQ89	<i>unnamed protein product</i>	<i>Coffea canephora</i>	161	19	R.ARMNGGAIVPPT VPK.Q (19)	3	C:núcleo; F:Ligação no DNA; F:ligação de proteína	-
1303	S8CY62	<i>hypothetical protein M569_02428</i>	<i>Genlisea aurea</i>	651	19	K.KLVMEMK.S (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo biológico; C:nucléolo	-
1304	XP_003082376	<i>putative tRNA intron endonuclease (ISS)</i>	<i>Ostreococcus tauri</i>	371	19	R.RIAHKHARPK.T (21)	3	F:ligação a ácido nucleico; F:atividade nuclease; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:3.1.27.9; EC:3.1.31; EC:3.1; EC:3.1.27
1305	A0A061F942	<i>Uncharacterized protein TCM_032154</i>	<i>Theobroma cacao</i>	1002	19	K.VFATVEEESKNR.A (19)	0	-	
1306	M5WQF7	<i>hypothetical protein PRUPE_ppa001944mg</i>	<i>Prunus persica</i>	738	19	K.GFLLSSSVDKTVR.L (19)	1	F:ligação de proteína	-
1307	A0A068V5T1	<i>Coffea canephora DH200=94 genomic scaffold, scaffold_96</i>	<i>Coffea canephora</i>	599	19	K.GNFKANLCEDIK.G (19)	3	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1308	XP_008802215	PREDICTED: putative pentatricopeptide repeat-containing protein At2g01510	<i>Phoenix dactylifera</i>	816	19	R.VMKNLR A CTDCH AAIK.V (19)	1	F:ligação de proteína	-
1309	A9RTX3	Nascent polypeptide-associated complex subunit beta	<i>Physcomitrella patens</i>	157	19	K.LMK M ASAVR.T (19)	2	P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases	-
1310	XP_004149225	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101210135	<i>Cucumis sativus</i>	952	19	K.KGAPPGASTSLDF R.N (19)	1	F:ligação de proteína	-
1311	A0A061GY16	Uncharacterized protein TCM_039421	<i>Theobroma cacao</i>	58	19	K.SWRT M VVK.R (19)	0	-	-
1312	XP_004514292	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101488721	<i>Cicer arietinum</i>	579	19	K.EMFVEAWINR.V (19)	0	-	-
1313	XP_009130470	PREDICTED: uncharacterized protein LOC103855254	<i>Brassica rapa</i>	416	19	K.VRGRPIHRQLK.L (19)	1	F:atividade hidrolase	-
1314	A8IY65	predicted protein	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	253	19	R.TFSTEGGPQYGGR .T (19)	0	-	-
1315	K8ERA5	unnamed protein product	<i>Bathycoccus prasinos</i>	828	19	K.DKMDEALKECAV AK.A (19)	0	-	-
1316	XP_008463971	PREDICTED: cation/H(+) antiporter 15-like	<i>Cucumis melo</i>	767	19	K.KALAVGILIFILSN ALAR.L (19)	4	C:membrana; P:transporte; F:atividade transportadora; P:processo celular	-
1317	A0A096TQQ8	hypothetical protein ZEAMMB73_079037	<i>Zea mays</i>	233	19	R.GTDREKR.R (19)	0	-	-
1318	D5AB67	Putative uncharacterized protein	<i>Picea sitchensis</i>	304	19	K.KTTS G TR.A (21)	2	F:ligação no nucleotídeo; F:ligação a ácido nucleico	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1319	XP_009152039	PREDICTED: DNA cross-link repair protein SNM1	<i>Brassica rapa</i>	494	19	K.KTSTASR.K (21)	0	-	
1320	A0A0C3W5K6	Tyrosyl-DNA phosphodiesterase	<i>Medicago truncatula</i>	849	19	K.WKANHTGR.T (20)	8	C:núcleo; P:resposta ao estímulo biótico; F:ligação de proteína; P:resposta ao estímulo externo; P:desenvolvimento pós-embriônico; P:Processo metabólico de DNA; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	EC:3.1
1321	XP_009628116	PREDICTED: ATP-dependent helicase BRM	<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	2238	19	K.NVLFSSGTGMDSSGAPESEKKR.G (20)	8	F:ligação no nucleotídeo; C:núcleo; F:ligação de proteína; P:organização do componente celular; P:processo biossintético; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:regulação de expressão gênica, epigenética; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
1322	A5ANH2	hypothetical protein VITISV_009386	<i>Vitis vinifera</i>	925	18	R.KLMVDFLFMEQK.K (22)	1	F:ligação a ácido nucleico	-
1323	B9REW8	conserved hypothetical protein	<i>Ricinus communis</i>	647	18	R.TGSAGMPNMK.K (20)	0	-	
1324	I1NA36	PREDICTED: probable protein phosphatase 2C 79-like isoform X2	<i>Glycine max</i>	370	18	K.LIDNSSLLASPLSI K.G (19)	3	P:processo celular de modificação de proteínas; F:ligação; F:atividade hidrolase	EC:3.1.3.16; EC:3.1; EC:3.1.3.41
1325	XP_008372861	PREDICTED: actin citoesqueleto-	<i>Malus domestica</i>	786	18	M.VISSANR.N (20)	2	F:ligação de proteína; F:ligação	-

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1326	D8SKK5	regulatory complex protein PAN1-like hypothetical protein SELMODRAFT_44570 1, partial	<i>Selaginella moellendorffii</i>	449	18	R.GYGMLGPVK.C (19)	0	-	
1327	C1MYC 3	ubiquitin-protein ligase	<i>Micromonas pusilla CCMP1545</i>	1127	18	R.THLTPGGNAFLTR RR.A (19)	3	F:atividade catalítica; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade transferase	-
1328	A9T8N3	predicted protein	<i>Physcomitrella patens</i>	790	17	R.RRLN <u>M</u> VK.K (19)	3	F:ligação no nucleotídeo; P:processo celular de modificação de proteínas; F:atividade quinase	-
1329	B1A992	hypothetical chloroplast RF1	<i>Carica papaya</i>	1859	17	K.VDIESWVDIDTK.S (19)	1	C:plastídeo	-
1330	XP_0030 81435	KIAA0324 protein (ISS)	<i>Ostreococcus tauri</i>	788	17	R.TSNTPNDRSQRR. T (19)	0	-	
1331	I1MEV5	PREDICTED: protein STICHEL-like 3-like	<i>Glycine max</i>	1191	16	R.SHGSGMNR.G (20)	6	F:ligação no nucleotídeo; F:Ligação no DNA; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:Processo metabólico de DNA; C:intracelular	EC:2.7.7.7
1332	XP_0065 93020	PREDICTED: ubiquitin fusion degradation protein 1 homolog	<i>Glycine max</i>	282	19	M.PPSALLR.L (19)	3	P:processo metabólico proteico; P:processo catabólico; P:processo celular	-
1333	Q08506	Chain A, The Structure Of Acc Oxidase		319	18	K.DGQWIDVPPHR.H (20)	6	F:atividade catalítica; P:processo metabólico; P:processo biossintético; F:ligação à carboidratos; F:ligação; P:processo celular	EC:1.14.11; EC:1.14.17. 4

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

1334	D8TTY4	RWP-RK domain transcription factor	<i>Volvox carteri</i>	1522	17	R.WPHRKLDSLNR.L (19)	0	-	
1335	B9GD37	Os12g0477050	<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	121	19	R.HIFFLPLVK.K (19)	0	-	
1336	D8TKN4	hypothetical protein VOLCADRAFT_86901	<i>Volvox carteri</i>	3675	18	R.DDTDGTDINAAC R.S (20)	1	F:ligação de proteína	-
1337	Q93YS4	ABC transporter G family member 22	<i>Arabidopsis thaliana</i>	751	19	K.ETLTYAARLRPK .T (19)	9	F:ligação no nucleotídeo; P:resposta a estímulos abióticos; C:mitocôndria; C:membrana; P:transporte; C:membrana plasmática; F:atividade transportadora; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
1338	P27598	Alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic	<i>Ipomoea batatas</i>	955	19	R.LSGITPRAR.D (19)	4	P:processo metabólico de carboidrato ; F:atividade transferase; F:ligação; C:plastídeo	EC:2.4.1.1
1339	Q0IWL9	Monothiol glutaredoxin-S11	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	491	19	R.EVGSKAELEAAA GGAR.A (19)	6	P:homeostase celular; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo metabólico; F:ligação; F:função_molecular	-
1340	Q43866	Beta-fructofuranosidase, insoluble isoenzyme CWINV1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	584	20	K.VLKSGSR.L (20)	11	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo_biológico; P:resposta a estímulos abióticos; C:cell wall; P:processo metabólico; P:resposta a estímulos endógenos; C:região extracelular; P:transporte;	EC:3.2.1.26; EC:3.2.1; EC:3.2.1.48

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								C:membrana plasmática; P:resposta ao estresse; F:atividade hidrolase	
1341	A2Y5T7	Probable acetyltransferase NSI	<i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i>	254	20	R.KQLIGMAR.A (20)	4	C:núcleo; P:processo metabólico; F:atividade transferase; C:plastídeo	EC:2.3.1
1342	P83970	Membrana plasmática ATPase	<i>Triticum aestivum</i>	951	36	M.GGLEEIR.N (16) K.NLVEVFAK.G (20)	10	F:ligação no nucleotídeo; C:membrana; P:processo biossintético; F:ligação; P:processo metabólico que envolve nucleobases; P:transporte; C:membrana plasmática; F:atividade transportadora; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.3.6; EC:3.6.1.15
1343	P22220	Arginine decarboxylase	<i>Avena sativa</i>	607	20	R.FPDVLRHRINSLH TAFANAIK.Y (20)	4	F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo biossintético; P:processo celular	EC:4.1.1.19
1344	Q9FX32	Sucrose synthase 6	<i>Arabidopsis thaliana</i>	942	20	R.EVREGLLAADASE R.V (20)	11	P:processo metabólico de carboidrato ; P:processo_biológico; P:resposta a estímulos abióticos; C:cell wall; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo biossintético; C:região extracelular; F:atividade transferase; C:plastídeo; P:resposta ao estresse; P:processo celular	EC:2.4.1.13; EC:2.4.1

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)								
640	Q0INW1	<i>Probable Ufm1-specific protease</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	640	20	K.DPSFIGSR.E (20)	2	P:processo metabólico proteico; F:atividade hidrolase EC:3.4
1346	Q84M24	<i>ABC transporter A family member 1</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	1882	20	K.INTLVRALSGGM KR.K (20)	9	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico de carboidrato ; C:membrana; P:processo celular de modificação de proteínas; P:processo biossintético; C:vacúolo; P:transporte; F:atividade transportadora; F:atividade hidrolase EC:3.6.1; EC:3.6.1.3; EC:3.6.1.15
1347	P46523	<i>ATP-dependent Clp protease ATP-ligação subunit clpA homolog, chloroplastic (Fragment)</i>	<i>Brassica napus</i>	874	25	K.LDPVVGRHPQIER .V (20) R.QAMNVPKGK.G (5)	4	F:ligação no nucleotídeo; P:processo metabólico proteico; F:ligação de proteína; C:plastídeo -
1348	Q7XHV0	<i>Probable mixed-linked glucan synthase 9</i>	<i>Oryza sativa subsp. Japonica</i>	884	20	K.ARLDALFTDIPQR.S (20)	8	P:processo metabólico de carboidrato ; C:citoplasma; C:membrana; P:organização do componente celular; C:Complexo de Golgi; P:processo biossintético; F:atividade transferase; P:processo celular EC:2.4.1.12; EC:2.4.1
1349	O81931	<i>Delta(12) fatty acid dehydrogenase</i>	<i>Crepis alpina</i>	375	20	K.IDRTPILKAMWR.E (20)	6	F:atividade catalítica; C:membrana; P:processo metabólico de lipídios ; P:processo metabólico; P:processo biossintético; P:processo celular EC:1.14.99.33
1350	A1EA06	<i>30S ribosomal protein S14, chloroplastic</i>	<i>Agrostis stolonifera</i>	103	21	R.EQLQSLPR.N (21)	5	F:Ligação no RNA; F:atividade molecular -

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolias* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs);²Sequências não analisadas no blast2GO;³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].

Tabela A2 - Proteínas encontradas nas células em suspensão de *Maytenus ilicifolia* elicitadas (CEs) com 100 µM de metil jasmonato por 48 h, categorizadas de acordo com o Gene Ontology (GO) seus números EC (*Enzyme Commission*), a partir da base de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes pathway database* (KEGG), utilizando o Blast2GO.

(continuação)

								estrutural; C:ribossomo; C:plastídeo; P:tradução	
1234	Q9T0E4	<i>Putative F-box/kelch-repeat protein At4g11770</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	396	23	K.GLVYEEK.L (23)	2	C:núcleo; F:ligação de proteína	-
718 ¹	Q05540	<i>Acidic 27 kDa endochitinase</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	247	36	K.GQNPQVEDR.I (36)	7	P:processo metabólico de carboidrato ; P:resposta ao estímulo biótico; C:espaço extracelular; P:processo catabólico; P:resposta ao estresse; P:processo celular; F:atividade hidrolase	EC:3.2.1.14
1351	O65735	<i>Fructose-bisphosphate aldolase, citoplasmic isozyme</i>	<i>Cicer arietinum</i>	359	22	K.GILAADESTGTIG KR.L (22)	6	P:processo metabólico de carboidrato ; P:geração de metabólitos precursores e energia; C:citoplasma; F:atividade catalítica; P:processo catabólico; P:processo metabólico que envolve nucleobases	EC:4.1.2.13

¹Proteínas igualmente expressas nas células de *Maytenus ilicifolia* elicitadas com 100 µM de metil jasmonato por 48 h (CEs) e não elicitadas (CCs); ²Sequências não analisadas no blast2GO; ³Proteína não encontrada nas bases de dados utilizadas pelo Blast2GO; ⁴Processo biológico [P], função molecular [F], componente celular [C].