

DESARROLLO DE UN MODELO DE MINERÍA DE DATOS PARA LA  
IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS CON  
TOLERANCIA A ESTRÉS HÍDRICO EN CAÑA DE AZÚCAR

HÉCTOR FABIO ESPITIA NAVARRO



UNIVERSIDAD DEL VALLE  
FACULTAD DE INGENIERÍA  
ESCUELA DE INGENIERÍA EN SISTEMAS Y COMPUTACIÓN  
SANTIAGO DE CALI

2015



DESARROLLO DE UN MODELO DE MINERÍA DE DATOS PARA LA  
IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS CON  
TOLERANCIA A ESTRÉS HÍDRICO EN CAÑA DE AZÚCAR

HÉCTOR FABIO ESPITIA NAVARRO

Trabajo de grado para optar por  
el título de Magister en Ingeniería

Director

John Jaime Riascos, Ph.D.

Bioteecnólogo, Centro de Investigación de la  
Caña de Azúcar de Colombia - Cenicaña

Codirectora

Irene Tischer, Ph.D.

Profesora titular, Escuela de Ingeniería de  
Sistemas y Computación, Universidad del Valle

UNIVERSIDAD DEL VALLE  
FACULTAD DE INGENIERÍA  
ESCUELA DE INGENIERÍA EN SISTEMAS Y COMPUTACIÓN  
SANTIAGO DE CALI

2015



Nota de aceptación

---

---

---

Firma  
Nombre:  
Presidente del jurado

---

Firma  
Nombre:  
Jurado

---

Firma  
Nombre:  
Jurado

Santiago de Cali, 7 de abril de 2015



## ÍNDICE GENERAL

---

<b>1 MÉTODOS DE SELECCIÓN DE GENES ASOCIADOS A UNA CARACTÉRISTICA DE INTERÉS</b>	<b>1</b>
Resumen . . . . .	1
1.1 Introducción . . . . .	1
1.2 Secuenciación de ARN de alto rendimiento . . . . .	3
1.3 Análisis de expresión diferencial de genes . . . . .	6
1.4 Anotación funcional y análisis de rutas . . . . .	9
1.5 Redes de coexpresión de genes . . . . .	11
1.6 Selección de características mediante Máquinas de Soporte Vectorial con Eliminación Recursiva de Características (SVM-RFE) . . . . .	14
1.7 Conclusiones . . . . .	17
1.8 Referencias . . . . .	18
<b>2 ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL A PARTIR DE DATOS RNA-SEQ</b>	<b>25</b>
Resumen . . . . .	25
2.1 Introducción . . . . .	26
2.2 Materiales y métodos . . . . .	28
2.2.1 Protocolo preliminar para el análisis de expresión diferencial . . . . .	28
2.2.2 Selección de herramientas bioinformáticas para estudiar la expresión diferencial . . . . .	28
2.2.3 Selección de datos y análisis de calidad . . . . .	29
2.2.4 Análisis de los datos . . . . .	30
2.3 Resultados . . . . .	31
2.3.1 Protocolo para análisis de expresión diferencial de genes . . . . .	31
2.3.2 Análisis de calidad de los datos . . . . .	34
2.3.3 Análisis de expresión diferencial . . . . .	35
2.3.4 Anotación biológica de los GED . . . . .	37
2.4 Discusión . . . . .	41
2.4.1 Protocolo para análisis de expresión diferencial . . . . .	41
2.4.2 Genes expresados diferencialmente entre tratamientos de estrés hídrico .	44
2.5 Referencias . . . . .	45
<b>3 REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES</b>	<b>49</b>
Resumen . . . . .	49
3.1 Introducción . . . . .	50
3.2 Materiales y métodos . . . . .	51

## ÍNDICE GENERAL

3.2.1	Selección de datos y pre-procesamiento . . . . .	51
3.2.2	Selección de tipos de valor de expresión para la construcción de las RCEG	52
3.2.3	Construcción de las redes de coexpresión de genes . . . . .	52
3.2.4	Identificación y validación de módulos . . . . .	52
3.2.5	Anotación biológica de los módulos . . . . .	53
3.3	Resultados . . . . .	53
3.3.1	Tipos de valor de expresión para la construcción de las redes de coexpresión de genes . . . . .	53
3.3.2	Redes de coexpresión de genes . . . . .	54
3.3.3	Anotación biológica de los módulos . . . . .	57
3.3.4	Patrones de expresión en módulos . . . . .	62
3.3.5	<b>GED</b> sobresalientes en las RCEG . . . . .	62
3.4	Discusión . . . . .	66
3.4.1	Valores de expresión para la construcción de las RCEG . . . . .	66
3.4.2	Redes de coexpresión de genes . . . . .	66
3.4.3	Genes importantes en las RCEG por sus propiedades topológicas . . . . .	68
3.5	Referencias . . . . .	69
4	<b>PRIORIZACIÓN DE GENES EXPRESADOS DIFERENCIALMENTE</b>	73
	Resumen . . . . .	73
4.1	Introducción . . . . .	74
4.2	Materiales y métodos . . . . .	75
4.2.1	Selección de datos y preprocesamiento . . . . .	75
4.2.2	Genes de verificación . . . . .	77
4.2.3	Procedimiento de priorización de genes mediante SVM-RFE . . . . .	78
4.2.4	Preparación del procedimiento de priorización de genes desarrollado . . . . .	80
4.2.5	Priorización de genes mediante SVM-RFE . . . . .	82
4.3	Resultados . . . . .	84
4.3.1	Genes de verificación . . . . .	84
4.3.2	Preparación del procedimiento de priorización . . . . .	84
4.3.3	Priorización de genes mediante SVM-RFE . . . . .	86
4.4	Discusión . . . . .	101
4.4.1	Procedimiento de priorización SVM-RFE . . . . .	101
4.4.2	Priorización general de GED mediante SVM-RFE . . . . .	103
4.5	Referencias . . . . .	106
5	<b>MODELO PARA ASISTIR LA SELECCIÓN DE GENES CANDIDATOS</b>	109
5.1	Introducción . . . . .	109
5.2	Descripción del modelo . . . . .	109
5.3	Referencias . . . . .	113

<b>A ANEXO. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES</b>	<b>115</b>
A.1 Librerías RNA-Seq utilizadas en el estudio . . . . .	115
A.2 GED Identificados en el estudio . . . . .	118
A.3 Rutas metabólicas KEGG asociadas a los GED . . . . .	274
<b>B ANEXO. REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES</b>	<b>277</b>
B.1 Términos GO representativos en las RCEG . . . . .	277

## ÍNDICE DE FIGURAS

---

Figura 1.1	Detalles de la secuenciación RNA-Seq <i>paired-end</i> de Illumina. . . . .	5
Figura 1.2	Resumen de la selección de genes mediante anotación funcional y análisis de rutas . . . . .	10
Figura 1.3	Descripción gráfica de las SVM . . . . .	15
Figura 2.1	Diagrama del protocolo preliminar para análisis de expresión diferencial.	28
Figura 2.2	Esquema de definición de GED para una variedad y tejido. . . . .	31
Figura 2.3	Diagrama del nuevo protocolo para análisis de expresión diferencial de genes. . . . .	32
Figura 2.4	Tiempo de procesamiento y consumo de RAM durante pruebas de alineamiento. . . . .	33
Figura 2.5	Flujo de trabajo del protocolo de Análisis de Expresión Diferencial (AED) en ejecución en la aplicación Galaxy. . . . .	34
Figura 2.6	Resumen de calidad de secuenciación de las librerías ADNc. . . . .	35
Figura 2.7	Porcentaje de secuencias cortas con alta similitud a caña de azúcar y otros organismos. . . . .	36
Figura 2.8	Resumen de alineamiento de librerías a la base de datos SUCEST. . . . .	36
Figura 2.9	Número de GED identificados en Déficit Hídrico y anegamiento . . . . .	37
Figura 2.10	Comparaciones de GED entre tejidos y condiciones. . . . .	38
Figura 2.11	Distribución de los términos funcionales GO en DH y anegamiento. . . . .	39
Figura 2.12	Términos GO de la categoría Proceso Biológico - Nivel 3 relacionados con los GED identificados en DH. . . . .	41
Figura 2.13	Términos GO de la categoría Proceso Biológico - Nivel 3 relacionados con los GED identificados en DH. . . . .	42
Figura 3.1	Comparación de los niveles de variación observados en los datos de expresión génica. . . . .	54
Figura 3.2	Ajuste al modelo de topología de escala libre y conectividad media para las RCEG generadas. . . . .	56
Figura 3.5	Distribución de los GED sin información biológica entre las condiciones de DH y anegamiento. . . . .	63
Figura 3.3	Patrones de expresión media en los módulos de la RCEG de DH. . . . .	64
Figura 3.4	Patrones de expresión media en los módulos de la RCEG de anegamiento. . . . .	65
Figura 4.1	Diagrama de flujo del proceso de priorización de genes mediante Máquina de Soporte Vectorial con Eliminación Recursiva de Características (SVM-RFE del inglés <i>Support Vector Machine Recursive Feature Elimination</i> ). . . . .	80

Figura 4.2	Diagrama de flujo de las pruebas de estabilidad del proceso de priorización. . . . .	83
Figura 4.3	Distribución de las posiciones de los genes de verificación en pruebas de valor de expresión. . . . .	85
Figura 4.4	Distribución de las posiciones de los genes de verificación de DH en pruebas de normalización. . . . .	87
Figura 4.5	Distribución de las posiciones de los genes de verificación de anegamiento en pruebas de normalización. . . . .	88
Figura 4.6	Gráficos de <i>ranking</i> de las pruebas de determinación de estabilidad de la priorización SVM-RFE en DH. . . . .	89
Figura 4.7	Gráficos de <i>ranking</i> de las pruebas de determinación de estabilidad de la priorización SVM-RFE en anegamiento. . . . .	90
Figura 4.8	Distribución de las posiciones de los genes de verificación en la priorización de los conjuntos completos de GED. . . . .	98
Figura 4.9	Gráficos de <i>ranking</i> parciales de la priorización del conjunto completo de GED de DH. . . . .	99
Figura 4.10	Gráficos de <i>ranking</i> parciales de la priorización del conjunto completo de GED de anegamiento. . . . .	100

## ÍNDICE DE TABLAS

---

Tabla 1.1	Herramientas de software para ejecutar los distintos pasos del AED. . . . .	7
Tabla 2.1	Número de librerías ADN complementario (ADNc) secuenciadas con RNA-Seq. . . . .	30
Tabla 2.2	GED exclusivos en las variedades tolerantes en tejido de hoja y raíz. . . . .	38
Tabla 2.3	Términos GO más significativos para los conjuntos de GED identificados.	39
Tabla 2.4	Resumen de anotación de GED con rutas metabólicas KEGG. . . . .	41
Tabla 3.1	Distribución de las muestras por variedad y tejido. . . . .	51
Tabla 3.2	Valores de ajuste al modelo de topología libre de escala de las RCEG. . . . .	55
Tabla 3.3	Resumen de los módulos identificados y validados en las RCEG. . . . .	55
Tabla 3.4	Propiedades topológicas de las RCEG y los módulos detectados. . . . .	57
Tabla 3.5	Términos GO más significativos de la RCEG de DH y sus módulos. . . . .	57
Tabla 3.6	Términos GO más significativos de la RCEG de anegamiento y sus módulos. . . . .	60

Tabla 3.7	GED con mayor conectividad ( <i>k</i> ) y centralidad de intermediación (BC) en los módulos identificados. . . . .	62
Tabla 3.8	Número de GED sin información biológica presentes en los módulos de las RCEG de DH y anegamiento. . . . .	65
Tabla 4.1	Muestras de la condición de DH . . . . .	76
Tabla 4.2	Muestras de la condición de anegamiento . . . . .	77
Tabla 4.3	Genes de verificación para priorización mediante SVM-RFE . . . . .	84
Tabla 4.4	Resultado de la priorización de los GED de la condición de DH . . . . .	92
Tabla 4.5	Resultado de la priorización de los GED de la condición de anegamiento	95
Tabla 5.1	Categorías de selección definidas para escoger los GED sobresalientes. .	113
Tabla A.1	Detalle de las librerías RNA-Seq utilizadas en el estudio. . . . .	115
Tabla A.2	GED!s identificados en el estudio . . . . .	118
Tabla A.3	Rutas metabólicas KEGG asociadas con los GED identificados. . . . .	274
Tabla B.1	Términos GO más significativos de la RCEG de DH y sus módulos. .	277
Tabla B.2	Términos GO más significativos de la RCEG de anegamiento y sus módulos. . . . .	282

## ÍNDICE DE ALGORITMOS

---

Figura 1.1	Algoritmo SVM-RFE . . . . .	16
------------	-----------------------------	----

## ACRÓNIMOS

---

ADN	Ácido Desoxirribonucléico . . . . .	x, xi, 2
ADNc	<b>ADN</b> complementario . . . . .	x
AED	Análisis de Expresión Diferencial . . . . .	ix
ARN	Ácido Ribonucléico . . . . .	xi, 2, 3
ARNm	<b>ARN</b> mensajero . . . . .	2
BC	<i>Betweenness Centrality</i> . . . . .	62, 68, 69
CC	Componente Celular . . . . .	37, 39
CCP	Coeficiente de Correlación de Pearson . . . . .	52

Cenicaña	Centro de Investigación de la Caña de Azúcar de Colombia . . . . .	26
Colciencias	Departamento Administrativo de Ciencias, Tecnología e Innovación . . . . .	26
DH	Déficit Hídrico . . . . .	ix–xi, 25
DREB	<i>Dehydration-Responsive Element-Binding</i> . . . . .	44
EM	Estrés Medio . . . . .	25
ERF	<i>Ethylene Responsive Factor</i> . . . . .	68
ES	Estrés Severo . . . . .	25
FCS	<i>Functional Class Scoring</i> . . . . .	10
FDR	<i>False Discovery Rate</i> . . . . .	53
FM	Función Molecular . . . . .	37
FPKM	<i>Fragments Per Kilo-base of transcript per Million mapped reads</i> . . . . .	7
GBA	<i>Guilt by Association</i> . . . . .	67
GED	Gen Expresado Diferencialmente . . . . .	vii–xi, 6
GO	<i>Gene Ontology</i> . . . . .	ix, x, 9
GSA	<i>Gene Set Analysis</i> . . . . .	10
HGMR	<i>3-Hydroxy-3-Methylglutaryl-Coenzyme A Reductase</i> . . . . .	44
KEGG	<i>Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes</i> . . . . .	x, 9
LOOCV	<i>Leave One Out Cross Validation</i> . . . . .	79
MGDB	<i>The Maize Genetics and Genomics Database</i> . . . . .	77
NCBI	<i>National Center for Biotechnology Information</i> . . . . .	9
NGS	<i>Next Generation Sequencing</i> . . . . .	2
OBD	<i>Optimal Brain Damage</i> . . . . .	79
ORA	<i>Over-Representation Analysis</i> . . . . .	10
PB	Proceso Biológico . . . . .	37
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i> . . . . .	30
RAP-DB	<i>The Rice Annotation Project Database</i> . . . . .	77
RCEG	Red de Coexpresión de Genes . . . . .	viii–xi, 12
RFE	<i>Recursive Feature Elimination</i> . . . . .	15
RNA-Seq	<i>RNA Sequencing</i> . . . . .	ix, x, 1, 2
RPKM	<i>Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads</i> . . . . .	7, 30
SUCEST	<i>Sugarcane Expressed Sequence Tags project</i> . . . . .	ix, 29
SVM	<i>Support Vector Machine</i> . . . . .	ix, 14
SVM-RFE	<i>Support Vector Machine Recursive Feature Elimination</i> . . . . .	ix
TAIR	<i>The Arabidopsis Information Resource</i> . . . . .	77
TMM	<i>Trimmed Mean of M-values</i> . . . . .	7
TO	<i>Topological Overlap</i> . . . . .	52
TOM	<i>Topological Overlap Matrix</i> . . . . .	52
TPM	<i>Transcripts Per Million</i> . . . . .	7, 51
VST	<i>Variance-Stabilizing Transformation</i> . . . . .	51

WGCNA	<i>Weighted Gene Coexpression Network Analysis</i>	12
-------	--	----

## MÉTODOS DE SELECCIÓN DE GENES ASOCIADOS A UNA CARACTERÍSTICA DE INTERÉS

---

### RESUMEN

La identificación y selección de genes asociados con una característica de interés es un problema frecuente en biología. En medicina se buscan genes relacionados con enfermedades mientras que en agricultura, son comúnmente el objetivo principal, genes asociados con la tolerancia a estrés biótico y abiótico, o con el incremento de la productividad. Con frecuencia, la identificación de genes de interés es abordada a través del análisis de la expresión génica, el cual, en la actualidad, está basado principalmente en datos generados mediante tecnologías de secuenciación de segunda generación. Sin embargo, los procesos biológicos bajo estudio son complejos, involucrando grupos de genes en algunos casos con miles de elementos, lo que complica la identificación de aquellos que cumplen un papel principal. En este trabajo se presentan cuatro métodos bioinformáticos que hacen uso de datos RNA-Seq para lograr la selección de genes a partir de información de expresión: análisis de expresión diferencial, anotación funcional y análisis de rutas, redes de coexpresión y máquinas de soporte vectorial. Si bien existen otros métodos para la selección de genes, los aquí presentados ilustran la diversidad de posibles enfoques para analizar este tipo de información. Cada uno de ellos aporta una perspectiva distinta de la información, y en conjunto, pueden explicar de una mejor manera la complejidad de los procesos biológicos, la cual no es aclarada suficientemente mediante uno de los análisis de manera individual.

### 1.1 INTRODUCCIÓN

La identificación y selección de genes asociados con una característica de interés es un problema frecuente en biología y áreas afines. Constantemente en medicina se desea identificar los genes causantes de trastornos fisiológicos que derivan en enfermedades como el cáncer, y en agricultura se buscan genes en las plantas que les permitan resistir enfermedades y condiciones ambientales agresivas o aumentar la eficiencia en el uso de recursos como el agua y nutrientes. Sin embargo, los procesos biológicos relacionados con la característica deseada, son complejos e involucran miles de genes en su funcionamiento. Así, el problema se reduce a seleccionar un grupo pequeño de genes que juegan un papel preponderante en los procesos biológicos relacionados con una característica deseada. Con la selección se busca obtener un grupo reducido de genes (candidatos) que puedan ser evaluados experimentalmente para

comprobar su aporte en la modulación de los procesos que favorecen la característica deseada. Luego, los genes evaluados de manera positiva pueden ser usados como marcadores para la detección de enfermedades o para la selección y mejoramiento genético de cultivos o animales de cría.

Para abordar el problema planteado anteriormente, se han concebido diferentes estrategias basadas en métodos computacionales que usan información biológica obtenida desde diferentes fuentes. Estas estrategias aprovechan la capacidad de la automatización para obtener grandes cantidades de información desde fuentes secundarias como las bases de datos biológicas y desde fuentes primarias como los experimentos de expresión génica. Además, explotan la capacidad de procesamiento de los computadores, para hacer selección filtrando y/o priorizando los genes a la luz de la información biológica. Elaboradas técnicas informáticas como las de aprendizaje máquina (*machine learning*) y análisis de redes complejas, permiten procesar enormes cantidades de datos algunas veces sin mayor intervención humana, a la vez que disminuyen la complejidad de la información en aras de facilitar su análisis e interpretación.

En muchas de las estrategias computacionales para la selección de genes, la expresión génica es la información ideal, dado que refleja el comportamiento de los genes de manera directa. Conviene recordar que la expresión es el proceso de activación o desactivación de determinados genes, mediante el cual los organismos responden a una condición específica como una enfermedad, tratamiento o un estímulo ambiental. Sin embargo, la expresión es útil solo si se logra medir. Veamos entonces dos de las tecnologías que se usan para detectar y medir la expresión génica.

Dado que la expresión está representada por el ARN mensajero (ARNm), una transcripción de partes específicas del ADN (Ácido Desoxirribonucléico) del organismo, si se detecta este componente en las células, se puede conocer la activación/desactivación de sus genes. Actualmente existen dos tecnologías que usan este principio para detectar miles de genes expresados (transcritos) en un solo experimento: los microarreglos de ADN y la Secuenciación de Alto Rendimiento de ARN (RNA-Seq del inglés *RNA Sequencing*) [1]. La primera se basa en dispositivos de silicio que permiten la medición de la expresión de un número limitado de transcritos (previamente conocidos), a través de la hibridación de ADNc [2]. La segunda tecnología, mucho más reciente que la anterior, se basa en las nuevas técnicas de Secuenciación de Segunda Generación (NGS del inglés *Next Generation Sequencing*) que ofrecen la ventaja de producción de grandes cantidades de secuencias a un bajo costo [3, 4]. En la técnica RNA-Seq las secuencias producidas son proporcionales a la expresión, hecho que permite la detección y medición de esta última. En comparación con los microarreglos de ADN, el RNA-Seq permite determinar la expresión de manera más precisa (revisado en [5]) y además no está limitada a la detección de transcritos basado en un genoma conocido lo que permite su aplicación en el estudio de organismos no modelo.

Actualmente existen diversos métodos computacionales para selección de genes que usan los datos de expresión génica como punto de partida para lograr su objetivo. Estos méto-

dos varían en su complejidad y van desde los más sencillos que filtran los genes candidatos por medio de umbrales en el nivel de expresión, hasta los más complejos que usan técnicas de aprendizaje de máquina y computación inteligente (p. ej. máquinas de soporte vectorial, k-vecinos más cercanos, modelos bayesianos, árboles de decisión), pasando por análisis de anotación funcional y enfoques de redes complejas (p. ej. redes de coexpresión de genes, de interacción proteína-proteína y regulatorias).

En este capítulo se presentan cuatro métodos computacionales para la selección de genes relacionados con una característica de interés, a partir de información de expresión proveniente de la técnica **RNA-Seq**. Cada método constituye una perspectiva diferente de los datos de expresión que aporta información valiosa y establece un criterio para la selección de genes. Inicialmente se explica la técnica de secuenciación **RNA-Seq** sobre la cual se basan los métodos de selección. Posteriormente se presentan los distintos métodos de selección iniciando con un método sencillo de filtrado basado en los niveles de expresión diferencial. Luego se presenta un método apoyado en la anotación de rutas metabólicas de los transcritos y posteriormente se muestra un procedimiento de selección más elaborado basado en el análisis de redes ponderadas de coexpresión. Finalmente se presenta un método de priorización basado en una técnica de aprendizaje de máquina llamado máquinas de soporte vectorial, y por último se presentan las conclusiones.

## 1.2 SECUENCIACIÓN DE ARN DE ALTO RENDIMIENTO

Dado que la secuenciación de **ARN** (Ácido Ribonucléico) de alto rendimiento es una técnica que pertenece a las tecnologías **NGS**, conviene mencionar primero algunas generalidades acerca de estas nuevas tecnologías de secuenciación.

La tecnologías **NGS** se basan en el concepto de secuenciación en paralelo, es decir que permiten descifrar, con muy buena certeza, el orden exacto de los nucleótidos de millones de moléculas de **ADN** a la vez durante la ejecución de un experimento. Esta capacidad permite la producción de grandes volúmenes de información a un menor costo en comparación con la tecnología Sanger, conocida como secuenciación clásica o de “primera generación” [3]. Actualmente existen distintas plataformas comerciales de **NGS** entre las que se pueden nombrar Illumina, Ion Torrent y PacBio como las más comunes. Cada plataforma usa una combinación de procedimientos técnicos distintos que cubren tres procedimientos principales: (1) la preparación de librerías, (2) secuenciación y finalmente (3) el análisis de los datos. En general la preparación de librerías y análisis de los datos se realizan de distinta manera en cada plataforma para ajustarse a la técnica de secuenciación utilizada. Las tres plataformas realizan la secuenciación mediante la detección de señales producidas durante la reacción de síntesis de **ADN** por la incorporación de nucleótidos al **ADN** molde. Sin embargo, cada plataforma realiza la detección de manera distinta. Illumina detecta fluorescencia producida en grupos

de millones de fragmentos de ADN molde, Ion Torrent detecta cambios de pH por liberación de iones de Hidrógeno durante la síntesis y PacBio también detecta fluorescencia pero a diferencia de Illumina, lo hace en tiempo real y sobre una única molécula de ADN molde. Para profundizar en los detalles de las distintas tecnologías y plataformas se recomienda consultar los trabajos de Metzker [3] y Mardis [4].

Puesto que en este trabajo se procesan secuencias producidas mediante tecnología Illumina, a continuación se explica de manera general el procedimiento RNA-Seq de esta plataforma.

La idea tras la técnica RNA-Seq es secuenciar ADNc por medio de tecnologías NGS a partir de ARN. La Figura 1.1 presenta todo el procedimiento con detalles de algunos de las fases del proceso. El proceso inicia con la preparación *in vitro* de la librería de ADNc molde, a partir de ARN total extraído de una muestra de tejido del organismo. El ARNm es aislado del ARN total mediante selección poly-A (Figura 1.1.a, paso 1) y a continuación es fragmentado (Figura 1.1.a, paso 2) en segmentos de tamaños que varían de acuerdo con la técnica de fragmentación utilizada y el objetivo de la investigación (desde 100 pb hasta 20 Kbp [6]). Posteriormente, los fragmentos de ARNm son transcritos de forma reversa en fragmentos ADNc (Figura 1.1.a, paso 3), a los que se ligan pequeñas secuencias llamadas adaptadores (Figura 1.1.a, paso 4) a ambos extremos (5' y 3'). Mediante los adaptadores, los fragmentos se unen a unos iniciadores anclados a una placa de vidrio en forma de carriles (*flowcells*), en donde son amplificados para formar grupos o clústeres de entre 100 y 200 millones de elementos (Figura 1.1.a, paso 5, detalle en Figura 1.1.b). Después de esto, se inicia la secuenciación por síntesis de manera simultánea en el extremo 5' a 3' en millones de clústeres de fragmentos (Figura 1.1.a, paso 6). Nucleótidos etiquetados con fluoróforos se incorporan a los fragmentos molde y emiten señales de luz de distinto color por cada posible base (Figura 1.1.c). Las señales emitidas por cada incorporación son almacenadas en imágenes. Luego se ejecuta un lavado para eliminar los fluoróforos con lo cual se termina un ciclo de secuenciación. Este proceso se repite dependiendo la longitud de secuencias que se quiera lograr. Al concluir una serie de ciclos se reconstruye la secuencia de los fragmentos molde al leer en orden los colores de las imágenes mediante técnicas de procesamiento digital de imágenes (Figura 1.1.d). Cuando la secuenciación es *paired-end* significa que se secuencian los dos extremos de los fragmentos molde. Esto requiere un proceso adicional de regeneración de clústeres amplificando los complementos de los fragmentos. Se eliminan los fragmentos originales (*forward*) y se realiza nuevamente la secuenciación por síntesis pero sobre los fragmentos complementarios (Figura 1.1.a, paso 7) para generar la secuencia del extremo 3' a 5' (*reverse*).

Como resultado del proceso de secuenciación con técnicas NGS, se obtienen secuencias cortas de ADN cuya longitud varía entre los 36 pb (Illumina MiSeq [7]) y los 40 Kpb (PacBio RS II [8]), dependiendo de la plataforma usada. De igual forma, las cantidades totales de secuencias producidas varían según la plataforma, obteniéndose entre 500 Mpb (PacBio RS II) y 1500 Gpb (Illumina HiSeq 4000 [9]).

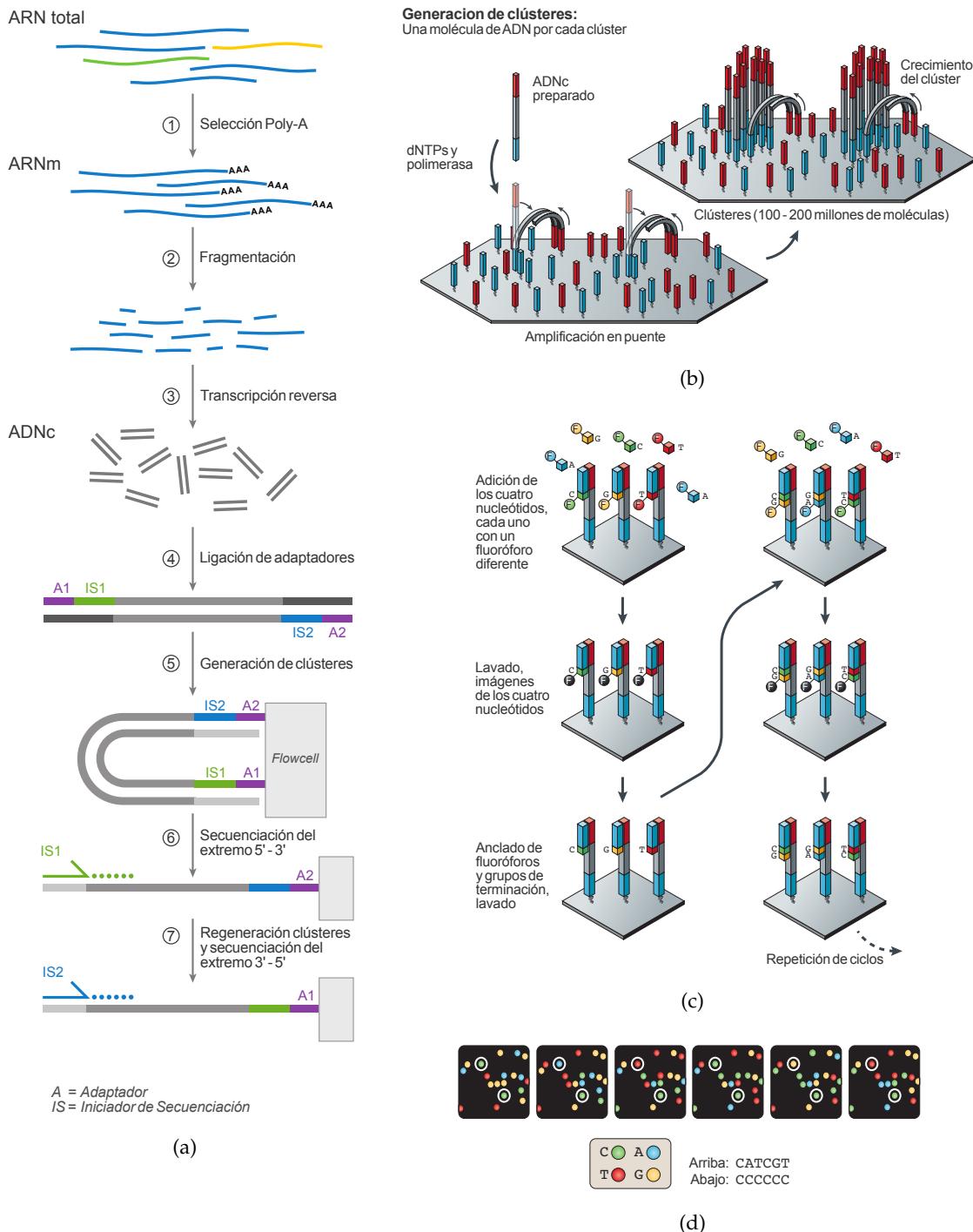


Figura 1.1. Detalles de la secuenciación RNA-Seq paired-end de Illumina. (a) Esquema del procedimiento completo de secuenciación RNA-Seq paired-end. (b) Paso 5: Unión de los fragmentos a la placa de vidrio para iniciar la amplificación por la cual se forman los clústeres. (c) Paso 6: Secuenciación mediante incorporación de nucleótidos marcados con fluoróforos. (d) Lectura de imágenes mediante la cual se reconstruyen las secuencias. Créditos: imagen (a) adaptada de [4]; imágenes (b), (c) y (d) adaptadas de [3].

Los datos obtenidos mediante RNA-Seq pueden ser usados para construir mapas completos de transcriptomas al comparar, bien sea, tipos de células, tipos de perturbaciones o diferentes estados biológicos en un experimento. También es posible aplicar estos datos para el mejoramiento de genomas, la identificación de transcritos o la cuantificación de eventos de empalme alternativo durante o después de la transcripción de ADN en ARN.

Como ventajas de la técnica RNA-Seq se pueden resaltar dos hechos: primero, su utilidad en el estudio de transcriptomas complejos, y segundo, que no está limitado a la detección de transcritos basado en un genoma conocido [1], lo que permite su aplicación en el estudio de organismos no modelo.

Al ser una técnica derivada de tecnologías NGS, el análisis de los datos RNA-Seq requiere el uso de herramientas computacionales poderosas y presenta desafíos en bioinformática para el mapeo y/o ensamblaje de secuencias cortas.

### 1.3 ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES

El AED tiene por objetivo determinar si hay evidencia de que la expresión en los genes es significativamente diferente entre condiciones de un experimento (p. ej. entre tejido sano y enfermo). A los genes con estas diferencias de expresión se les denomina Genes Expresados Diferencialmente (GED).

Actualmente existe la tendencia de soportar el AED en la técnica RNA-Seq gracias a su precisión y calidad. El AED a partir de datos RNA-Seq consta básicamente de cuatro pasos: (1) mapeo o alineamiento de secuencias, (2) cuantificación de genes/transcritos, (3) normalización de los conteos, y por último, (4) la identificación de los GED por medio de métodos estadísticos. A continuación se presenta brevemente cada uno de los pasos.

En el primer paso las secuencias se ordenan mediante un proceso de alineamiento a una referencia que puede ser un genoma o transcriptoma. El objetivo es determinar la posición correcta de cada secuencia o lectura en la referencia [10], una tarea complicada teniendo en cuenta la gran cantidad de secuencias a ser alineadas y las imprecisiones en la representación de los genomas y transcriptomas de la fuente de ARN que se estudia. Dado que la expresión es proporcional a la cantidad de fragmentos de ADNc secuenciados [11], en el segundo paso estima la expresión contando las secuencias alineadas a cada uno de los genes/transcritos de referencia. Sin embargo, para poder realizar comparaciones entre dos condiciones, los conteos se deben normalizar en el tercer paso debido a dos razones. La primera es que la cantidad de fragmentos de ARNm secuenciados es distinta para cada muestra, es decir la de control y la del tratamiento. La segunda es porque durante la secuenciación se produce un mayor número de secuencias para los fragmentos más largos que para los más cortos de la librería de ADNc que se procesa [12]. Finalmente, con los conteos normalizados, en el cuarto paso se busca evidencia de cambios significativos en los niveles de expresión entre las condiciones del

experimento (p. ej. control vs. tratamiento o tejido sano vs. enfermo), por medio de métodos estadísticos [5].

Para la ejecución de los pasos descritos anteriormente, existe una amplia variedad de herramientas de software disponibles. Aunque la descripción de estas herramientas escapa al alcance de este trabajo, en la Tabla 1.1 se presentan algunas de las más utilizadas. Información detallada sobre todo el AED y herramientas usadas puede encontrarse en los trabajos de Young et al. [5], Oshlack et al. [13] y Garber et al. [14]. Si se desea entrar en más detalles, Ruffalo et al. [10], Li y Homer [15] y Hatem et al. [16], ofrecen amplia información sobre el alineamiento, los algoritmos utilizados y estudios comparativos entre alineadores. Adicionalmente, Dillies et al. [17] y Soneson y Delorenzi [18], aportan información sobre distintos métodos de normalización y realizan comparaciones entre los modelos estadísticos reportando sus fortalezas y debilidades.

Tabla 1.1. Herramientas de software para ejecutar los distintos pasos del AED.

Proceso	Método	Herramientas	Observaciones	Referencias
Alineamiento	Hash-Based	MOSAIK SOAP Stampy Novoalign	Muy sensibles. Apropiados para detección de variantes estructurales (SNP, indels). Lentos con alto consumo de memoria.	[19] [20] [21] [22]
	Burrows-Wheeler	Bowtie Bowtie2 BWA SOAP2	Menos sensibles. Rápidos y con bajo consumo de memoria.	[23] [24] [25] [26]
Conteo	Transcriptoma (solo exones). Conteo simple de secuencias alienadas a genes/transcritos	SAMTools PicardTools	Aplicaciones para manipulación de archivos de alineamiento (SAM/BAM)	[27] [28]
	Genoma anotado (con sitios de splicing). Conteo complejo basado en isoformas.	htseq-count featureCounts Cufflinks	Parte del framework HTSeq Framework especializado en conteo de secuencias Parte del popular protocolo para AED denominado "tuxedo suite"	[29] [30] [31]
Normalización	RPKM	ERANGE, Rutinas propias		[32]
	FPKM	Cufflinks		[31]
	TPM	Rutinas propias		
	Factor de escala	DESeq	Paquete R (bioconductor)	[33]
	TMM	edgeR	Paquete R (bioconductor)	[34]
Detección de GEDs	Cuantiles	Myrna		[35]
	Distribución Poisson	GEDseq Myrna	Paquete R (bioconductor)	[36] [37]
	Distribución binomial negativa	DESeq edgeR bySeq	Paquete R (bioconductor)	[33]
			Paquete R (bioconductor)	[34]
			Paquete R (bioconductor)	[38]

RPKM = *Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads*. FPKM = *Fragments Per Kilobase of transcript per Million mapped reads*. TPM = *Transcripts Per Million*. TMM = *Treamed-Mean of M-Values*.

Es importante explicar cuáles son los resultados del **AED** que permiten la posterior selección. Se obtienen en primer lugar, los valores de expresión diferencial para cada gen en forma de razón de cambio (FC por *fold change*), que indica cuántas veces cambió la expresión de un gen entre las dos condiciones estudiadas. Es muy común que este valor se transforme logarítmicamente a  $\log_2(\text{FC})$ , para identificar fácilmente el incremento de la expresión de los genes (sobreexpresión) con valores positivos y la disminución (represión) con valores negativos. En segundo lugar, se obtienen los valores de significancia que indican la solidez de la evidencia estadística de las diferencias de expresión entre las condiciones, la cual se expresa con los valores-*p* (*p-values*) que pueden ser ajustados para corregir la cantidad de falsos positivos [39].

La selección de genes se realiza de manera sencilla siguiendo un procedimiento de priorización usando los resultados del **AED**, tal como en los estudios basados en microarreglos. Los genes se ordenan ascendentemente de acuerdo con los valores-*p*, situando en las primeras posiciones los genes con evidencia estadística más fuerte de su expresión diferencial. Luego se define un umbral o valor-*p* máximo hasta el cual un gen es considerado como **GED**, generalmente 0.05 (esto es  $p \leq 0.05$ ) o menor dependiendo de la astringencia que se desee aplicar. Los genes candidatos se seleccionan tomando los  $n$  primeros elementos ubicados arriba del umbral. Alternativamente se pueden seleccionar de manera más robusta definiendo un criterio que combina el FC y valor-*p*. Por ejemplo, un gen es seleccionado si su valor-*p* es menor que 0.001 (diferencia de expresión altamente significativa), y además si su nivel de expresión es dos veces mayor (sobreexpresado) o dos veces menor (represado) de lo normal. Usando una notación un poco más formal esta condición se definiría como: valor-*p* < 0.001 y además  $\text{FC} > 2$  o  $\text{FC} < 0.5$  (o también  $|\log_2(\text{FC})| > 1$  usando la transformación logarítmica)

El **AED** a partir de datos **RNA-Seq** ha sido ampliamente utilizado para seleccionar genes candidatos relacionados con distintas condiciones/fenotipos en diversos organismos. Por ejemplo en plantas, Mutasa-Göttgens et al. [40] han seleccionado genes candidatos relacionados con vernalización en la remolacha azucarera y Kakumanu et al. [41] han identificado genes involucrados en procesos biológicos relacionados con el estrés por déficit hídrico en maíz. En animales, Ling et al. [42] seleccionaron **GED** relacionados con la alta fecundidad de la cabra blanca de Anhui; Gunawan et al. [43] seleccionaron genes candidatos con potencial para ser marcadores para medir niveles de la hormona androtesnona en cerdos y además con potencial para ser integrados en programas de selección y mejoramiento genético. Finalmente, en humanos se han seleccionado **GED** relacionados con factores de transcripción clave en la psoriasis Li et al. [44] y en McArt et al. [45] se identificaron **GED** relacionados con el cáncer de próstata. En todos los estudios citados, se hizo la selección de genes usando el criterio combinado de niveles de expresión FC y valores de significancia (valores-*p* planos o ajustados), con excepción del último trabajo en el que se seleccionaron los **GED** con más bajos valores-*p* sin tener en cuenta un nivel de expresión mínimo.

Si bien la selección mediante el **AED** ha sido útil, conocer las características biológicas de los genes resulta ventajoso tal como se mostrará en la siguiente sección.

#### 1.4 ANOTACIÓN FUNCIONAL Y ANÁLISIS DE RUTAS

La selección de genes basada en la anotación funcional y el análisis de rutas (*pathway analysis*), tiene por objetivo elegir los genes candidatos aumentando las posibilidades de seleccionar los más relevantes dentro de los procesos biológicos relacionados con una característica de interés. Para esto, se usa información de los mecanismos funcionales de las células, como la proporcionada por las rutas metabólicas, las cuales detallan las reacciones bioquímicas de las células que permiten crear cambios en ella (p. ej. reparar su ADN) o generar productos (p. ej. proteína o grasa). La clave en la selección usando este tipo de información, es relacionarla con los GED mediante la anotación y luego con el análisis de rutas, todo esto, usando bases de datos biológicos especializadas.

Previo al proceso de selección, el primer paso es la anotación funcional que consiste en asignar funciones a los GED, con lo cual se logra también asignar una identidad. Las funciones biológicas se asignan mediante homología con genes anotados haciendo búsquedas en bases de datos públicas del complejo disponible en el portal del NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)). En el segundo paso, usando la identidad asignada, se obtiene información categorizada sobre rutas metabólicas de distintos procesos celulares, desde bases de datos especializadas como GO (*Gene Ontology*), KEGG (*Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*), Reactome o InterPro. Una vez los GED han sido anotados funcionalmente se puede proceder entonces con la selección.

La selección de genes candidatos apoyada en anotación funcional puede categorizarse en dos clases: con preselección de genes o sin preselección (Figura 1.2). La primera, usa un universo de genes preseleccionados (los GED) obtenidos mediante el AED (Figura 1.2.a). La segunda usa como universo todos los genes del estudio, es decir, los que conforman la referencia (Figura 1.2.b) a la cual se alinean las secuencias cortas durante el AED. Dentro de estas dos clases, se tienen cuatro métodos de selección: un método “ingenuo” (Figura 1.2, recuadro con borde punteado) y tres basados en métodos estadísticos (Figura 1.2, recuadros con borde continuo). A continuación se presentan algunos detalles de estos métodos.

El método ingenuo consiste en seleccionar los GED que pertenecen a categorías funcionales de los procesos biológicos relacionados con la característica de interés, las cuales son escogidas de acuerdo a conocimiento previo extraído de la literatura. Este enfoque tiene la ventaja de ser sencillo pues se logra solamente con los datos de anotación funcional obtenidos de KEGG o GO. Sin embargo, algunas categorías involucran muchos genes lo cual hace difícil determinar cuáles de ellos son más importantes en los procesos biológico descritos. Los métodos estadísticos o análisis de rutas, corresponden a un enfoque de biología de sistemas que busca la integración e interpretación de la información funcional a través de pruebas estadísticas. Siguiendo la idea de que en la realidad los genes trabajan agrupados en rutas y no de manera aislada [46], se analizan conjuntos de genes con funciones biológicas comunes (términos GO o rutas metabólicas). Aunque inicialmente fueron desarrollados para aplicarse en datos de

## MÉTODOS DE SELECCIÓN DE GENES ASOCIADOS A UNA CARACTÉRISTICA DE INTERÉS

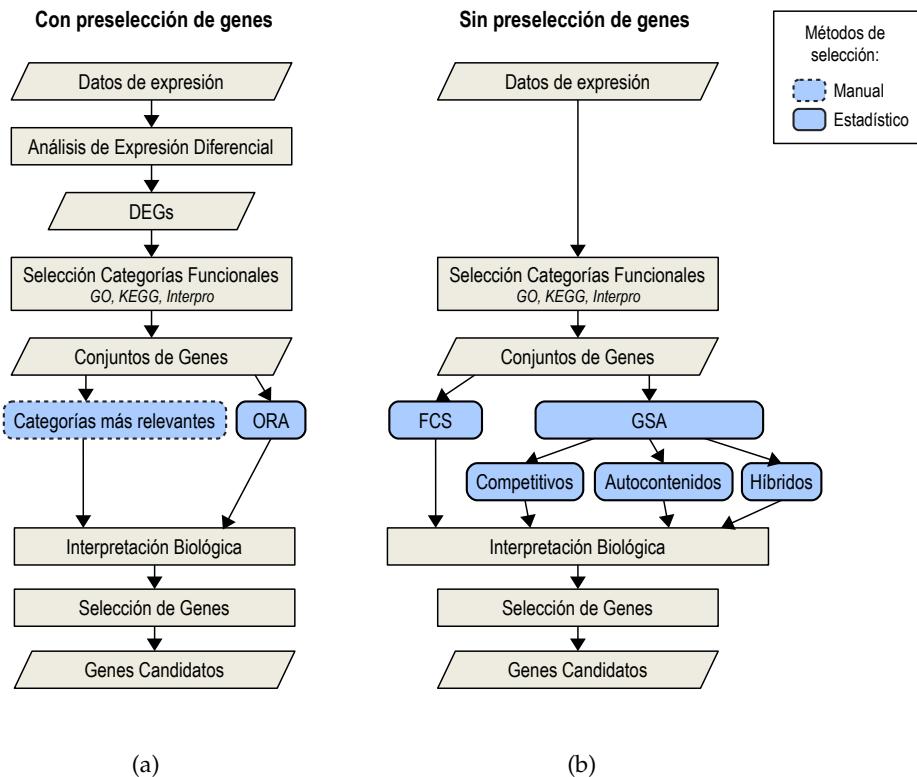


Figura 1.2. Resumen de la selección de genes mediante anotación funcional y análisis de rutas. Los recuadros azules representan los distintos métodos de selección. (a) Procedimiento de selección basado en genes preseleccionados (GED) haciendo análisis de expresión diferencial. (b) Procedimiento que no requiere preselección de genes.

microarreglos, los datos RNA-Seq pueden ser analizados con estas técnicas. De acuerdo con Gohlmann y Talloen [39], existen tres estrategias para analizar las rutas: Análisis de Sobrerepresentación (ORA del inglés *Over-Representation Analysis*), Puntuación de Clases Funcionales (FCS del inglés *Functional Class Scoring*) y Análisis de Conjuntos de Genes (GSA del inglés *Gene Set Analysis*).

El ORA busca conjuntos de genes con alta representación de genes significativos. Para cada conjunto, se calcula la probabilidad de observar por azar, su número de elementos en el universo (GED). Así se obtienen las funciones biológicas más representativas dentro de los GED. El FCS busca conjuntos de genes con un valor-p relativamente bajo. Asigna una puntuación general a cada conjunto basado en sus valores-p (obtenidos del AED), y luego calcula la probabilidad de observar cada uno de estos puntajes por azar. EL GSA busca conjuntos de genes expresados diferencialmente haciendo especial énfasis en detectar cambios de expresión sutiles pero coordinados, los cuales no son encontrados por los otros métodos. Dependiendo de las hipótesis probadas estadísticamente, el GSA se clasifica en métodos competitivos, autocontenidos e híbridos. En general el FCS y el GSA por ser métodos sin preselección, hacen uso de toda la información disponible por lo que ofrecen resultados más consistentes que el

**ORA** (revisado en [39]). La selección basada en los análisis de rutas se realiza tomando los genes pertenecientes a los conjuntos más representativos de acuerdo con las pruebas estadísticas. Puede consultarse información sobre los análisis de rutas en [47] y en [48], especialmente sobre los métodos sin preselección de genes. Adicionalmente en [49] puede consultarse una muy buena revisión sobre estos métodos, su evolución en los últimos años y los enfoques emergentes.

Para ejecutar la selección mediante la anotación funcional y análisis de rutas, existen distintas herramientas de software. El Consorcio GO lista en su sitio web algunas herramientas para anotación funcional (<http://goo.gl/0FmaKr>) entre las que se encuentra la herramienta de escritorio Blast2GO, y las basadas en Web GOAnna, GoAnnotator e InterProScan. Tal vez la más popular es Blast2GO [50], gracias a que unifica todo el proceso de anotación en una aplicación con interfaz gráfica de usuario que además permite realizar análisis de rutas (**ORA**) basado en la prueba estadística de Fisher. Para el análisis de rutas se pueden mencionar, entre otras, a OntoExpress, agriGO y GOStat, como aplicaciones Web populares dentro de la categoría de los **ORA**. SigPathway y SAFE son dos paquetes en lenguaje R disponibles a través del repositorio Bioconductor (<http://www.bioconductor.org>), que permiten ejecutar análisis FCS. En la categoría de los **GSA** tal vez la aplicación más reconocida y utilizada es GSEA [46, 51] (<http://goo.gl/0U6XAA>) la cual está disponible como aplicación de escritorio y como paquete de lenguaje R.

La anotación funcional y el análisis de rutas son dos tareas frecuentemente ejecutadas en los estudios actuales de selección basados en datos RNA-Seq. Dentro de los trabajos recientes que muestran la utilidad de este enfoque en distintos organismos se puede mencionar a Ling et al. [42] y Wang et al. [52], quienes realizan anotación funcional (datos GO y KEGG) y análisis de rutas basado en **ORA** para ayudar a guiar el proceso de selección de genes relacionados con fecundidad en cabras y con acumulación de grasa en ovejas, respectivamente. En humanos se encuentra el trabajo de Xiong et al. [53], en donde se usa la expresión diferencial y análisis de rutas basado en **GSA** para identificar rutas metabólicas clave en cáncer de riñón. Por su parte, Pierlé et al. [54] identifican genes y rutas metabólicas relacionadas con crecimiento lento en un patógeno transformado (*Anaplasma marginale*) mediante expresión diferencial y análisis de rutas usando **GSA**.

## 1.5 REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES

Antes de explicar la selección de genes mediante este método, conviene revisar las definiciones de red en el contexto biológico y la de las redes de coexpresión de genes. Una red, o grafo en lenguaje matemático, se define como un conjunto de puntos llamados nodos conectados por medio de líneas llamadas aristas las cuales representan algún tipo de relación. En el ámbito biológico es posible representar relaciones entre biomoléculas por medio de las re-

des, de manera que cada nodo corresponde por ejemplo a un gen o una proteína y las aristas representan algún tipo de interacción entre ellos. Por medio de este concepto se han podido representar en biología rutas metabólicas, coexpresión de genes, relaciones de regulación de genes, e interacciones físicas entre proteínas, entre otras [55-57]. El tipo de redes que nos interesa son las Redes de Coexpresión de Genes (**RCEG**), las cuales se definen como un grafo no dirigido en el que cada nodo corresponde a un gen, más exactamente a su perfil de expresión, y las aristas que los conectan representan relaciones de coexpresión, entendiéndose esta relación como la expresión de dos o más genes de manera simultánea. De esta manera, dos genes se conectan si sus perfiles de expresión están asociados entre las perturbaciones estudiadas. Estas redes proveen información de relaciones de asociación, similitud de expresión y vecindad entre genes que eventualmente permiten inferir interacciones entre las proteínas que codifican. Generalmente estas redes se construyen a partir de datos de expresión provenientes de microarreglos de **ADN** y pueden ser de dos tipos según la conexión entre los nodos: sin pesos, en las que sus aristas denotan si hay una asociación entre un par de nodos, y con pesos, en las que se cuantifica el grado de asociación entre los nodos por medio de un atributo llamado peso, el cual corresponde comúnmente a un valor en el rango [0, 1].

Una de las aplicaciones de estas redes es la identificación de grupos de nodos altamente coexpresados denominados **MÓDULOS**, los cuales indican funcionalidades comunes entre los genes que los conforman. Zhang y Horvath [58] definen en un método para la construcción de redes con pesos denominado Análisis de Redes Ponderadas de Coexpresión de Genes (**WGCNA** del inglés *Weighted Gene Coexpression Network Analysis*) en donde se usa el coeficiente de correlación de Pearson como medida de coexpresión entre los genes (nodos). Básicamente este método consiste en la creación de una matriz que codifica el grado o fuerza de conexión entre pares de nodos. De manera general el método comprende los siguientes pasos: (1) preparación de los datos de expresión, (2) definición de una medida de similitud entre nodos, (3) definición de una función de adyacencia entre nodos, (4) definición de los parámetros de adyacencia, (5) definición de una medida de disimilitud entre los nodos, y finalmente, (6) identificación de los módulos. Los autores del método han desarrollado WGCNA, un paquete de lenguaje R que cuenta con diferentes funciones para la construcción y análisis de las **RCEG**. La visualización de estas redes se puede lograr con aplicaciones como Cytoscape (<http://www.cytoscape.org/>), Gephi (<http://gephi.github.io/>), o gViz (<http://urbm-cluster.urbm.fundp.ac.be/webapps/gviz/>).

Con la definición hecha de las **RCEG**, miremos ahora el proceso de selección. La selección de genes usando las **RCEG** consiste en identificar genes relevantes dentro de procesos biológicos de interés mediante la caracterización de los módulos a nivel funcional y de su forma (topología). Los módulos se anotan funcionalmente y se determinan las categorías biológicas más relevantes mediante análisis de rutas (**ORA**), con el fin de encontrar los más llamativos relacionados con los procesos de interés. Posteriormente cada módulo es caracterizado topológicamente midiendo propiedades que indican la relevancia biológica de los genes al interior

de ellos. Por ejemplo, la **CONECTIVIDAD**, que denota el grado de conexión de los genes, y la **CENTRALIDAD DE INTERMEDIACIÓN** (*betweenness centrality*), que indica el grado en que un nodo actúa como puente entre otros, son propiedades importantes biológicamente [59] pues permiten detectar *hubs* (genes altamente conectados) y *bottlenecks* (genes con alta intermedición), respectivamente, los cuales tienden a estar relacionados con la esencialidad en procesos funcionales. De esta manera se pueden elegir los genes más llamativos desde el punto de vista topológico y que a la vez tengan relevancia biológica. Dong y Horvath [60] y Horvath y Dong [61] explican varias propiedades de las **RCEG** que tienen un significado biológico importante.

Aunque la mayoría de estudios de redes de coexpresión se basan en información de expresión proveniente de microarreglos, dos estudios abordan la construcción de estas redes a partir de datos **RNA-Seq**. Iancu et al. [62] y Giorgi et al. [63] construyen **RCEG** a partir de datos **RNA-Seq** y microarreglos para caracterizarlas, compararlas y tratar de establecer sus debilidades y fortalezas. Recientemente el método **WGCNA** ha sido aplicado más frecuentemente sobre datos **RNA-Seq** para la selección de genes usando técnicas parecidas. Por ejemplo Xue et al. [64] usan las **RCEG** para identificar y seleccionar genes candidatos claves en el proceso de desarrollo embrionario en humanos y ratones. Por su parte Davidson et al. [65] identifican genes candidatos para estudios sobre desarrollo reproductivo y mejoramiento del potencial de producción en maíz. Finalmente se puede mencionar a Hollender et al. [66], quienes a través del análisis de las **RCEG**, identifican genes y rutas metabólicas involucrados en la floración y desarrollo de frutos en fresa silvestre.

## 1.6 SELECCIÓN DE CARACTÉRISTICAS MEDIANTE MÁQUINAS DE SOPORTE VECTORIAL CON ELIMINACIÓN RECURSIVA DE CARACTÉRISTICAS (SVM-RFE)

Aunque existen muchos métodos de selección de genes dentro de las denominadas técnicas de aprendizaje de máquina, se explicará aquí uno de los que ha sido aplicado con mayor éxito, las Máquinas de Soporte Vectorial (**SVM** del inglés *Support Vector Machines*). Primero veamos la definición y generalidades del método. Las **SVM** [67] son algoritmos que aprenden a clasificar datos en dos (o más) clases mediante ejemplo. Toman conjuntos de datos de los cuales se conoce su pertenencia a clases y por un procedimiento llamado **ENTRENAMIENTO**, aprenden cómo clasificar correctamente los datos. Después del entrenamiento, cuando nuevos datos son introducidos, el algoritmo puede predecir su pertenencia a alguna de las clases. Estos algoritmos han sido usados entre otras cosas para reconocimiento de imágenes [68], reconocimiento de patrones de voz [69], y en ciencias biomédicas para clasificar estructura y plegamiento de proteínas o como ayuda al diagnóstico de enfermedades (revisado en [70]).

Aunque el poder de las **SVM** radica en que puede manejar datos  $n$ -dimensionales, se puede entender mejor su funcionamiento básico con un ejemplo de datos en dos dimensiones y dos clases. En la [Figura 1.3.a](#), se tiene el conjunto inicial (de entrenamiento) en el que cada dato es representado por un punto el cual se encuentra etiquetado con una clase (azules, clase 1; rojos, clase 2). La idea es encontrar una separación entre los grupos de datos que representan las dos clases. El problema es que se pueden trazar infinitas líneas de separación entre los dos grupos ([Figura 1.3.b](#)). Sin embargo, la **SVM** analiza los datos de manera que definen la mejor línea de separación entre ellos, denominada **HIPERPLANO ÓPTIMO** ([Figura 1.3.c](#)), al encontrar aquella línea con la mayor distancia de separación (**MARGEN MÁXIMO**) entre ella y los puntos más próximos de cada clase (puntos de color sólido), a los que se les denomina **VECTORES DE SOPORTE**. Cuando un dato nuevo es introducido ([Figura 1.3.d](#), punto de color amarillo), la **SVM** usa el hiperplano óptimo como referencia para predecir de manera correcta la clase a la cual pertenece. En el caso del ejemplo de la [Figura 1.3.d](#), es fácil observar que el nuevo dato pertenece a la clase 1. Para profundizar más en las **SVM**, se recomienda consultar a Noble [71], quien presenta una excelente introducción sin requerimientos matemáticos y contextualizada al ámbito biológico. También se recomienda revisar a Han et al. [72] quienes tratan los detalles matemáticos de las **SVM** de una manera bastante sencilla. Una de las aplicaciones en donde más han sido utilizadas las **SVM**, es en el diagnóstico de cáncer mediante clasificación de datos de expresión [73, 74]. Las **SVM** son entrenadas con datos de expresión de tejido sano y enfermo, y posteriormente predicen la condición de nuevos datos de expresión de tejido del cual se quiere saber si es canceroso.

Guyon et al. [75] proponen una forma de seleccionar genes mediante la clasificación de las **SVM**. La idea se basa en algoritmos de priorización de características (*feature-ranking*) en donde los genes se ordenan y luego se toman los mejor posicionados (*top ranked*) para análisis posteriores. En estos algoritmos se define un **CRITERIO DE PRIORIZACIÓN** (*ranking criterion*)

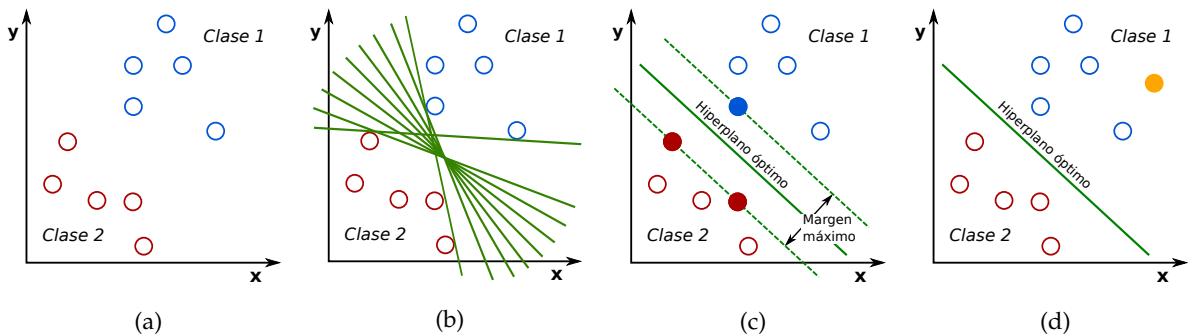


Figura 1.3. Descripción gráfica de las **SVM**. (a) Los datos de entrenamiento etiquetados con su clase correspondiente: los azules pertenecen a la clase 1 y los rojos a la clase 2. (b) Infinitas líneas pueden trazarse para dividir los grupos de datos que representan las dos clases. (c) Hiperplano óptimo encontrado por la **SVM** (línea continua) con los límites (líneas punteadas) que definen el margen máximo. (d) Un nuevo dato (en amarillo) es proporcionado a la **SVM** para que lo clasifique con base al hiperplano óptimo encontrado en el entrenamiento.

que determina la posición de una característica respecto de las otras. Luego de analizar estos algoritmos de priorización, Guyon y colaboradores encuentran que coeficiente **PESO** ( $w$ ) usado en los algoritmos clasificadores lineales, puede tomarse como criterio de priorización, y en consecuencia, se deduce que las **SVM** pueden usarse para seleccionar características (genes). El peso en las **SVM** está estrechamente relacionado con el hiperplano de separación e indica qué tan informativo es un gen para la separación de las clases (sano/enfermo, por ejemplo), por lo que aquellos con mayor peso tienen más influencia en el proceso de clasificación. Siguiendo esta idea de los pesos como criterio de priorización, proponen una extensión de las **SVM** denominada Eliminación Recursiva de Características (**RFE** del inglés *Recursive Feature Elimination*) por medio del cual se van descartando iterativamente aquellos genes menos relevantes para la clasificación (los de menor peso). De esta manera se construye una lista de acuerdo con el orden de eliminación, esto es, la primera característica eliminada ocupa la última posición, y por el contrario, la primera posición es ocupada por la última característica eliminada en el proceso.

El procedimiento **RFE** se resume en tres pasos:

1. Entrenar el clasificador (**SVM**). Aquí se obtienen los pesos de cada gen:  $w_i$ , que denota el peso de la  $i$ -ésima característica.
2. Calcular el criterio de priorización para todas las características. En este caso se define como el cuadrado del peso:  $(w_i)^2$
3. Remover la característica con el criterio de priorización más bajo

Estos tres pasos son repetidos hasta que todas las características han sido removidas, es decir, hasta que se ordenan todos los genes. Hay que hacer notar que el costo computacional de este método removiendo una característica a la vez es alto, pues se requiere el entrenamiento de

tantas **SVM** como características se tengan para ordenar. Resulta más eficiente eliminar más de una característica cada vez pero a expensas de una posible degradación del desempeño de clasificación [75]. El procedimiento de **SVM-RFE** completo y se describe en el [Algoritmo 1.1](#).

---

### Algoritmo 1.1 Algoritmo SVM-RFE

---

**Entrada:**

Muestras de entrenamiento

$$\mathbf{X}_0 = [\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_k, \dots, \mathbf{x}_l]^T$$

Etiquetas de clase

$$\mathbf{y} = [y_1, y_2, \dots, y_k, \dots, y_l]^T$$

**Inicializar:**

Subconjunto de características sobrevivientes

$$\mathbf{s} = [1, 2, \dots, n]^T$$

Lista de características ordenadas

$$\mathbf{r} = []$$

**repetir**

  Restringir las muestras de entrenamiento a solo las características buenas

$$\mathbf{X} = \mathbf{X}_0(:, \mathbf{s})$$

  Entrenar la SVM

$$\alpha = SVM\text{-train}(\mathbf{X}, \mathbf{y})$$

  Calcular el vector de pesos de tamaño  $length(\mathbf{s})$

$$\mathbf{w} = \sum_{k=1}^n \alpha_k y_k \mathbf{x}_k$$

  Calcular los criterios de ranking

$$\mathbf{R}(i) = (w_i)^2, \text{ para todo } i$$

  Encontrar la característica con el criterio de ranking más pequeño

$$f = argmin(\mathbf{R})$$

  Actualizar lista de características ordenadas

$$\mathbf{r} = [\mathbf{s}(f), \mathbf{r}]$$

  Eliminar la característica con el menor criterio de ranking

$$\mathbf{s} = \mathbf{s}(1 : f - 1, f + 1 : length(\mathbf{s}))$$

**hasta que**  $\mathbf{s} = []$

**Salida:**

  Lista de características ordenadas  $\mathbf{r}$

---

Revisado el concepto y generalidades de las **SVM** y el procedimiento **RFE**, se explica ahora la selección de genes candidatos. Con la ejecución del algoritmo **SVM-RFE**, el proceso de selección se basa en la lista de genes ordenados que se obtiene como resultado. Sabiendo que los genes mejor posicionados corresponden con aquellos que mejor hacen la distinción entre las condiciones de interés, (p. ej. control/tratamiento o tejido sano/enfermo), se seleccionan como candidatos los primeros genes del listado. Obviamente este número es arbitrario y depende del criterio del investigador.

A diferencia de los métodos de selección descritos anteriormente, para el **SVM-RFE** no existen aplicaciones en las que esté implementado este algoritmo. En lugar de ello existen

herramientas de software (bibliotecas) con funciones predefinidas que implementan las **SVM** de manera genérica. Así, la programación específica del **RFEs** corre por cuenta del investigador, lo que presume destreza informática más avanzadas para la aplicación de este método de selección en comparación con los descritos anteriormente. Algunas de estas herramientas para modelar y ejecutar **SVM** son LIBSVM, SVMlight en lenguaje C++, JmySVM y Weka en lenguaje Java y e1071, kernlab y shogun en lenguaje R. Puede consultarse un listado amplio de estas herramientas en <http://goo.gl/3ACQuW>.

Dentro de los estudios que muestran la utilidad del procedimiento **SVM-RFE** para la selección de genes, se pueden mencionar tres de ellos que usan datos de expresión provenientes de microarreglos. Ren et al. [76] seleccionan genes relacionados con resistencia a enfermedades en arroz. Wang et al. [77] identifican genes de arroz relacionados con tolerancia a estrés abiótico por sal. Liang et al. [78] hacen predicción de genes relacionados con tolerancia a estrés por sequía en *Arabidopsis thaliana*, mencionando la posibilidad de usar este método sobre datos **RNA-Seq**. Finalmente, la aplicación de este método con información obtenida mediante técnicas **NGS** puede consultarse en Coelho y Sael [79], quienes usan datos **RNA-Seq** para seleccionar genes candidatos relacionados con cáncer de mama y de próstata en humanos.

## 1.7 CONCLUSIONES

La complejidad de los sistemas biológicos hace que la selección de genes relacionados con características de interés sea un problema de considerable magnitud en biología y áreas afines. Afortunadamente la expresión es un instrumento bastante útil a través del cual se pueden identificar y seleccionar genes de interés. Debido a su funcionamiento, es un filtro natural que permite centrar la atención sobre aquellos genes activados de manera diferenciada por los organismos cuando están bajo condiciones especiales como un tratamiento, una enfermedad o un estímulo ambiental.

Aunque existen muchos enfoques para la identificación y selección de genes candidatos, tratarlos todos en una revisión sería una tarea titánica y demás poco práctica. En este trabajo se mostraron cuatro métodos computacionales para la selección de genes de interés que hacen uso de la expresión génica y que demuestran la diversidad de enfoques posibles para el análisis de este tipo de información biológica. Vale la pena mencionar que no está dicha la última palabra a cerca del método correcto para usar la expresión como medio para encontrar genes candidatos. Cada estudio es distinto y en consecuencia los datos también, por lo que algunos métodos pueden ser más apropiados o funcionar mejor que otros en determinadas situaciones.

Debido a la complejidad de los procesos biológicos, no se puede pretender explicarlos completamente mediante uno solo de los métodos de análisis de la información de expresión. Los **AED** por ejemplo, permiten caracterizar el funcionamiento de los genes a nivel individual pe-

ro no logran captar sus interacciones a nivel de conjunto tal como lo hace el análisis de rutas o el de redes biológicas. Es por esto que actualmente se tiende a la combinación de análisis como por ejemplo el [AED](#) con análisis de rutas para explicar mejor los procesos biológicos.

Lo anterior deja ver que un enfoque combinado en donde se consideren diferentes análisis de la información, puede ser más productivo en la obtención de significado biológico con un propósito bien definido como el de la selección de genes. Cada análisis provee una perspectiva distinta de la información y sus resultados se complementan para proporcionar un entendimiento integral y más amplio de los procesos biológicos relacionados con una característica de interés.

## 1.8 REFERENCIAS

- [1] Z. Wang, M. Gerstein y M. Snyder, "RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics.", *Nature reviews. Genetics*, vol. 10, n.º 1, págs. 57-63, ene. de 2009 (vid. págs. [2](#), [6](#)).
- [2] D. Berrar, W. Dubitzky y M. Granzow, *A Practical Approach to Microarray Data Analysis*, D. P. Berrar, W. Dubitzky y M. Granzow, eds. Boston: Kluwer Academic Publishers, 2003 (vid. pág. [2](#)).
- [3] M. L. Metzker, "Sequencing technologies - the next generation.", *Nature reviews. Genetics*, vol. 11, n.º 1, págs. 31-46, ene. de 2010. arXiv: [209](#) (vid. págs. [2-5](#)).
- [4] E. R. Mardis, "Next-generation sequencing platforms.", en, *Annual review of analytical chemistry (Palo Alto, Calif.)*, vol. 6, n.º March, págs. 287-303, ene. de 2013 (vid. págs. [2](#), [4](#), [5](#)).
- [5] M. D. Young, D. J. McCarthy, M. J. Wakefield et al., "Differential Expression for RNA Sequencing (RNA-Seq) Data: Mapping, Summarization, Statistical Analysis, and Experimental Design", en *Bioinformatics for High Throughput Sequencing*, N. Rodríguez-Ezpeleta, M. Hackenberg y A. M. Aransay, eds., New York, NY: Springer New York, 2012, cap. 10, págs. 169-190 (vid. págs. [2](#), [7](#)).
- [6] S. R. Head, H. Kiyomi Komori, S. A. LaMere et al., "Library construction for next-generation sequencing: Overviews and challenges", *BioTechniques*, vol. 56, págs. 61-77, 2014 (vid. pág. [4](#)).
- [7] Illumina, *MiSeq System Product Sheet*, 2014. Dirección: [http://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet%5C\\_miseq.pdf](http://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet%5C_miseq.pdf) (vid. pág. [4](#)).
- [8] Pacific Biosciences, *PacBio RS II Sequencing System Brochure*, 2014. Dirección: [http://files.pacb.com/pdf/PacBio%5C\\_RS%5C\\_II%5C\\_Brochure.pdf](http://files.pacb.com/pdf/PacBio%5C_RS%5C_II%5C_Brochure.pdf) (vid. pág. [4](#)).

- [9] Illumina, *HiSeq 3000/HiSeq 4000 Sequencing Systems Specification Sheet*, 2015. Dirección: <http://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/hiseq-3000-4000-specification-sheet-770-2014-057.pdf> (vid. pág. 4).
- [10] M. Ruffalo, T. LaFramboise y M. Koyutürk, “Comparative analysis of algorithms for next-generation sequencing read alignment.”, *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 27, n.º 20, págs. 2790-6, oct. de 2011 (vid. págs. 6, 7).
- [11] A. Oshlack y M. J. Wakefield, “Transcript length bias in RNA-seq data confounds systems biology.”, en, *Biology direct*, vol. 4, n.º 1, pág. 14, ene. de 2009 (vid. pág. 6).
- [12] C. Trapnell, A. Roberts, L. Goff et al., “Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks”, *Nature Protocols*, vol. 7, n.º 3, págs. 562-578, mar. de 2012 (vid. pág. 6).
- [13] A. Oshlack, M. D. Robinson y M. D. Young, “From RNA-seq reads to differential expression results.”, *Genome biology*, vol. 11, n.º 12, pág. 220, ene. de 2010 (vid. pág. 7).
- [14] M. Garber, M. G. Grabherr, M. Guttman et al., “Computational methods for transcriptome annotation and quantification using RNA-seq.”, *Nature methods*, vol. 8, n.º 6, págs. 469-77, jun. de 2011 (vid. pág. 7).
- [15] H. Li y N. Homer, “A survey of sequence alignment algorithms for next-generation sequencing.”, *Briefings in bioinformatics*, vol. 11, n.º 5, págs. 473-83, sep. de 2010 (vid. pág. 7).
- [16] A. Hatem, D. Bozdag, A. E. Toland et al., “Benchmarking short sequence mapping tools.”, *BMC bioinformatics*, vol. 14, n.º 1, pág. 184, ene. de 2013 (vid. pág. 7).
- [17] M.-A. Dillies, A. Rau, J. Aubert et al., “A comprehensive evaluation of normalization methods for Illumina high-throughput RNA sequencing data analysis.”, *Briefings in bioinformatics*, vol. 14, n.º 6, págs. 671-83, nov. de 2013 (vid. pág. 7).
- [18] C. Soneson y M. Delorenzi, “A comparison of methods for differential expression analysis of RNA-seq data”, *BMC Bioinformatics*, vol. 14, n.º 1, pág. 91, ene. de 2013 (vid. pág. 7).
- [19] W.-P. Lee, M. P. Stromberg, A. Ward et al., “MOSAIK: a hash-based algorithm for accurate next-generation sequencing short-read mapping.”, *PloS one*, vol. 9, n.º 3, e90581, ene. de 2014 (vid. pág. 7).
- [20] R. Li, Y. Li, K. Kristiansen et al., “SOAP: short oligonucleotide alignment program.”, *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 24, n.º 5, págs. 713-4, mar. de 2008 (vid. pág. 7).
- [21] G. Lunter y M. Goodson, “Stampy: a statistical algorithm for sensitive and fast mapping of Illumina sequence reads.”, *Genome research*, vol. 21, n.º 6, págs. 936-9, jun. de 2011 (vid. pág. 7).
- [22] Novocraft, *Novoalign*. Dirección: <http://www.novocraft.com> (vid. pág. 7).

- [23] B. Langmead, C. Trapnell, M. Pop et al., "Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome.", *Genome biology*, vol. 10, n.º 3, R25, ene. de 2009 (vid. pág. 7).
- [24] B. Langmead y S. L. Salzberg, "Fast gapped-read alignment with Bowtie 2.", *Nature methods*, vol. 9, n.º 4, págs. 357-9, abr. de 2012 (vid. pág. 7).
- [25] H. Li y R. Durbin, "Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 25, n.º 14, págs. 1754-60, jul. de 2009 (vid. pág. 7).
- [26] R. Li, C. Yu, Y. Li et al., "SOAP2: an improved ultrafast tool for short read alignment.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 25, n.º 15, págs. 1966-7, ago. de 2009 (vid. pág. 7).
- [27] H. Li, B. Handsaker, A. Wysoker et al., "The Sequence Alignment/Map format and SAMtools.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 25, n.º 16, págs. 2078-9, ago. de 2009 (vid. pág. 7).
- [28] Broad Institute, *GenePattern*. Dirección: <http://www.broadinstitute.org/cancer/software/genepattern> (vid. pág. 7).
- [29] S. Anders, P. T. Pyl y W. Huber, "HTSeq - A Python framework to work with high-throughput sequencing data.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, btu638-, sep. de 2014 (vid. pág. 7).
- [30] Y. Liao, G. K. Smyth y W. Shi, "featureCounts: an efficient general purpose program for assigning sequence reads to genomic features.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 30, n.º 7, págs. 923-30, abr. de 2014 (vid. pág. 7).
- [31] C. Trapnell, B. a. Williams, G. Pertea et al., "Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation.", *Nature biotechnology*, vol. 28, n.º 5, págs. 511-5, mayo de 2010 (vid. pág. 7).
- [32] A. Mortazavi, B. A. Williams, K. McCue et al., "Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq.", *Nature methods*, vol. 5, n.º 7, págs. 621-8, jul. de 2008 (vid. pág. 7).
- [33] S. Anders y W. Huber, "Differential expression analysis for sequence count data.", *Genome biology*, vol. 11, n.º 10, R106, ene. de 2010 (vid. pág. 7).
- [34] M. D. Robinson, D. J. McCarthy y G. K. Smyth, "edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 26, n.º 1, págs. 139-40, ene. de 2010 (vid. pág. 7).
- [35] J. H. Bullard, E. Purdom, K. D. Hansen et al., "Evaluation of statistical methods for normalization and differential expression in mRNA-Seq experiments.", *BMC bioinformatics*, vol. 11, pág. 94, ene. de 2010 (vid. pág. 7).

- [36] L. Wang, Z. Feng, X. Wang et al., "DEGseq: an R package for identifying differentially expressed genes from RNA-seq data.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 26, n.º 1, págs. 136-8, ene. de 2010 (vid. pág. 7).
- [37] B. Langmead, K. D. Hansen y J. T. Leek, "Cloud-scale RNA-sequencing differential expression analysis with Myrna.", *Genome biology*, vol. 11, n.º 8, R83, ene. de 2010 (vid. pág. 7).
- [38] T. J. Hardcastle y K. A. Kelly, "baySeq: empirical Bayesian methods for identifying differential expression in sequence count data.", *BMC bioinformatics*, vol. 11, n.º 1, pág. 422, ene. de 2010 (vid. pág. 7).
- [39] H. Gohlmann y W. Talloen, "Data analysis", en *Gene expression studies using Affymetrix microarrays*, CRC Press, 2009, cap. 5, págs. 113-232 (vid. págs. 8, 10, 11).
- [40] E. S. Mutasa-Göttgens, A. Joshi, H. F. Holmes et al., "A new RNASeq-based reference transcriptome for sugar beet and its application in transcriptome-scale analysis of vernalization and gibberellin responses.", *BMC genomics*, vol. 13, n.º 1, pág. 99, ene. de 2012 (vid. pág. 8).
- [41] A. Kakumanu, M. M. R. Ambavaram, C. Klumas et al., "Effects of drought on gene expression in maize reproductive and leaf meristem tissue revealed by RNA-Seq.", *Plant physiology*, vol. 160, n.º 2, págs. 846-67, oct. de 2012 (vid. pág. 8).
- [42] Y.-H. Ling, H. Xiang, Y.-S. Li et al., "Exploring differentially expressed genes in the ovaries of uniparous and multiparous goats using the RNA-Seq (Quantification) method.", *Gene*, vol. 550, n.º 1, págs. 148-53, oct. de 2014 (vid. págs. 8, 11).
- [43] A. Gunawan, S. Sahadevan, C. Neuhoff et al., "RNA deep sequencing reveals novel candidate genes and polymorphisms in boar testis and liver tissues with divergent androstenone levels.", *PLoS one*, vol. 8, n.º 5, e63259, ene. de 2013 (vid. pág. 8).
- [44] B. Li, L. C. Tsui, W. R. Swindell et al., "Transcriptome analysis of psoriasis in a large case-control sample: RNA-seq provides insights into disease mechanisms.", *The Journal of investigative dermatology*, vol. 134, n.º 7, págs. 1828-38, jul. de 2014 (vid. pág. 8).
- [45] D. G. McArt, P. D. Dunne, J. K. Blayney et al., "Connectivity Mapping for Candidate Therapeutics Identification Using Next Generation Sequencing RNA-Seq Data.", *PLoS one*, vol. 8, n.º 6, K. Stieger, ed., e66902, ene. de 2013 (vid. pág. 8).
- [46] A. Subramanian, P. Tamayo, V. K. Mootha et al., "Gene set enrichment analysis: a knowledge-based approach for interpreting genome-wide expression profiles.", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 102, n.º 43, págs. 15 545-50, oct. de 2005 (vid. págs. 9, 11).
- [47] D. Nam y S.-Y. Kim, "Gene-set approach for expression pattern analysis.", *Briefings in bioinformatics*, vol. 9, n.º 3, págs. 189-97, mayo de 2008 (vid. pág. 11).

- [48] F. Emmert-Streib y G. V. Glazko, "Pathway analysis of expression data: deciphering functional building blocks of complex diseases.", *PLoS computational biology*, vol. 7, n.<sup>o</sup> 5, e1002053, mayo de 2011 (vid. pág. 11).
- [49] P. Khatri, M. Sirota y A. J. Butte, "Ten years of pathway analysis: current approaches and outstanding challenges.", *PLoS computational biology*, vol. 8, n.<sup>o</sup> 2, e1002375, ene. de 2012 (vid. pág. 11).
- [50] A. Conesa, S. Götz, J. M. García-Gómez et al., "Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 21, n.<sup>o</sup> 18, págs. 3674-6, sep. de 2005 (vid. pág. 11).
- [51] A. Subramanian, H. Kuehn, J. Gould et al., "GSEA-P: a desktop application for Gene Set Enrichment Analysis.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 23, n.<sup>o</sup> 23, págs. 3251-3, dic. de 2007 (vid. pág. 11).
- [52] X. Wang, G. Zhou, X. Xu et al., "Transcriptome profile analysis of adipose tissues from fat and short-tailed sheep.", *Gene*, vol. 549, n.<sup>o</sup> 2, págs. 252-7, oct. de 2014 (vid. pág. 11).
- [53] Z. Xiong, H. Yu, Y. Ding et al., "RNA sequencing reveals upregulation of RUNX1-RUNX1T1 gene signatures in clear cell renal cell carcinoma.", *BioMed research international*, vol. 2014, pág. 450621, ene. de 2014 (vid. pág. 11).
- [54] S. A. Pierlé, G. K. Hammac, G. H. Palmer et al., "Transcriptional pathways associated with the slow growth phenotype of transformed Anaplasma marginale.", *BMC genomics*, vol. 14, n.<sup>o</sup> 1, pág. 272, ene. de 2013 (vid. pág. 11).
- [55] A.-L. Barabási y Z. N. Oltvai, "Network biology: understanding the cell's functional organization.", en, *Nature reviews. Genetics*, vol. 5, n.<sup>o</sup> 2, págs. 101-13, feb. de 2004 (vid. pág. 12).
- [56] F. Emmert-Streib y G. V. Glazko, "Network biology: a direct approach to study biological function.", *Wiley interdisciplinary reviews. Systems biology and medicine*, vol. 3, n.<sup>o</sup> 4, págs. 379-91, 2011 (vid. pág. 12).
- [57] F. G. Vital-Lopez, V. Memišević y B. Dutta, "Tutorial on biological networks", *Wiley Interdisciplinary Reviews: Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 2, n.<sup>o</sup> 4, págs. 298-325, jul. de 2012 (vid. pág. 12).
- [58] B. Zhang y S. Horvath, "A general framework for weighted gene co-expression network analysis.", *Statistical applications in genetics and molecular biology*, vol. 4, Article17, ene. de 2005 (vid. pág. 12).
- [59] E. Prifti, J.-D. Zucker, K. Clément et al., "Interactional and functional centrality in transcriptional co-expression networks.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 26, n.<sup>o</sup> 24, págs. 3083-9, dic. de 2010 (vid. pág. 13).

- [60] J. Dong y S. Horvath, "Understanding network concepts in modules.", *BMC systems biology*, vol. 1, n.º 1, pág. 24, ene. de 2007 (vid. pág. 13).
- [61] S. Horvath y J. Dong, "Geometric interpretation of gene coexpression network analysis", *PLoS Computational Biology*, vol. 4, 2008 (vid. pág. 13).
- [62] O. D. Iancu, S. Kawane, D. Bottomly et al., "Utilizing RNA-Seq data for de novo coexpression network inference.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 28, n.º 12, págs. 1592-7, jun. de 2012 (vid. pág. 13).
- [63] F. M. Giorgi, C. Del Fabbro y F. Licausi, "Comparative study of RNA-seq- and microarray-derived coexpression networks in *Arabidopsis thaliana*.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 29, n.º 6, págs. 717-24, mar. de 2013 (vid. pág. 13).
- [64] Z. Xue, K. Huang, C. Cai et al., "Genetic programs in human and mouse early embryos revealed by single-cell RNA sequencing.", *Nature*, vol. 500, n.º 7464, págs. 593-7, ago. de 2013 (vid. pág. 13).
- [65] R. M. Davidson, C. N. Hansey, M. Gowda et al., "Utility of RNA Sequencing for Analysis of Maize Reproductive Transcriptomes", *The Plant Genome Journal*, vol. 4, n.º 3, pág. 191, 2011 (vid. pág. 13).
- [66] C. a. Hollender, C. Kang, O. Darwish et al., "Floral Transcriptomes in Woodland Strawberry Uncover Developing Receptacle and Anther Gene Networks.", *Plant physiology*, vol. 165, n.º 3, págs. 1062-1075, mayo de 2014 (vid. pág. 13).
- [67] B. E. Boser, I. M. Guyon y V. N. Vapnik, "A training algorithm for optimal margin classifiers", en *Proceedings of the fifth annual workshop on Computational learning theory - COLT '92*, New York, New York, USA: ACM Press, jul. de 1992, págs. 144-152 (vid. pág. 14).
- [68] E. Osuna, R. Freund y F. Girosit, "Training support vector machines: an application to face detection", English, en *Proceedings of IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, IEEE Comput. Soc, 1997, págs. 130-136 (vid. pág. 14).
- [69] V. Wan y W. Campbell, "Support vector machines for speaker verification and identification", en *Neural Networks for Signal Processing X. Proceedings of the 2000 IEEE Signal Processing Society Workshop (Cat. No.00TH8501)*, vol. 2, IEEE, 2000, págs. 775-784 (vid. pág. 14).
- [70] W. S. Noble, "Support vector machine applications in computational biology", en *Kernel Methods in Computational Biology*, B. Schölkopf, K. Tsuda y J.-P. Vert, eds., MIT Press, 2004, cap. 3, págs. 71-92 (vid. pág. 14).
- [71] W. S. Noble, "What is a support vector machine?", en, *Nature biotechnology*, vol. 24, n.º 12, págs. 1565-7, dic. de 2006 (vid. pág. 14).

- [72] J. Han, M. Kamber y J. Pei, "Support Vector Machines", en *Data mining: concepts and techniques*, 3rd, San Francisco, CA, USA: Morgan Kaufmann Publishers Inc., 2011, cap. 9, págs. 408-415 (vid. pág. [14](#)).
- [73] T. S. Furey, N. Cristianini, N. Duffy et al., "Support vector machine classification and validation of cancer tissue samples using microarray expression data", *Bioinformatics*, vol. 16, n.<sup>o</sup> 10, págs. 906-914, oct. de 2000 (vid. pág. [14](#)).
- [74] M. F. Akay, "Support vector machines combined with feature selection for breast cancer diagnosis", *Expert Systems with Applications*, vol. 36, n.<sup>o</sup> 2, págs. 3240-3247, mar. de 2009 (vid. pág. [14](#)).
- [75] I. Guyon, J. Weston, S. Barnhill et al., "Gene Selection for Cancer Classification using Support Vector Machines", en, *Machine Learning*, vol. 46, n.<sup>o</sup> 1-3, págs. 389-422, 2002 (vid. págs. [14](#), [16](#)).
- [76] Y. Ren, D. Wang, Y. Wang et al., "Prediction of disease-resistant gene in rice based on SVM-RFE", en *2010 3rd International Conference on Biomedical Engineering and Informatics*, vol. 6, IEEE, oct. de 2010, págs. 2343-2346 (vid. pág. [17](#)).
- [77] J. Wang, F. Zhang, Y. Wang et al., "Identification of Salt Tolerance Genes in Rice from Microarray Data using SVM-RFE.", *International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (BICoB)*, 3rd, n.<sup>o</sup> 1, págs. 30-35, 2011 (vid. pág. [17](#)).
- [78] Y. Liang, F. Zhang, J. Wang et al., "Prediction of drought-resistant genes in *Arabidopsis thaliana* using SVM-RFE.", *PloS one*, vol. 6, n.<sup>o</sup> 7, D. Zhu, ed., e21750, ene. de 2011 (vid. pág. [17](#)).
- [79] D. Coelho y L. Sael, "Breast and prostate cancer expression similarity analysis by iterative SVM based ensemble gene selection", en *Proceedings of the 7th international workshop on Data and text mining in biomedical informatics - DTMBIO '13*, New York, New York, USA: ACM Press, 2013, págs. 23-26 (vid. pág. [17](#)).

# 2

## ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL A PARTIR DE DATOS RNA-Seq

---

### RESUMEN

Los avances recientes de las tecnologías NGS, y específicamente de la técnica RNA-Seq, han beneficiado investigaciones que usan la transcriptómica comparativa para el estudio de la expresión génica, pues ofrecen las ventajas de mayor sensibilidad y mayor escala en comparación con los microarreglos de ADN. Aprovechando estas ventajas, en Cenicaña se adelantaron estudios de transcriptómica comparativa apoyados en RNA-Seq para analizar la expresión génica bajo condiciones de estrés hídrico en caña de azúcar, utilizando variedades caracterizadas previamente como tolerantes y susceptibles para las condiciones de Déficit Hídrico (DH) y anegamiento. Con el objetivo de identificar los genes activados bajo estas condiciones, se produjeron mediante secuenciación RNA-Seq de Illumina, más de 3 mil millones de secuencias cortas de ADNc, a partir de tejido de hojas y raíz de plantas de cinco variedades de caña de azúcar sometidas a tratamientos control, Estrés Medio (EM) y Estrés Severo (ES) en DH y anegamiento. Con la generación de estos datos surge necesidad de aplicación de técnicas bioinformáticas para su análisis de cara a la identificación de un grupo de genes con potencial para conferir tolerancia a estrés hídrico. Como respuesta, se plantea un modelo para asistir la selección de genes candidatos que comprende tres enfoques bioinformáticos: análisis de expresión diferencial de genes, redes de coexpresión de genes y selección de características mediante máquinas de soporte vectorial. En este capítulo se presentan los resultados de la aplicación del primero de estos enfoques. Mediante la selección de herramientas bioinformáticas de libre distribución, se implementó un protocolo para AED con el cual se identificaron 2606 GED bajo DH, 1642 bajo anegamiento y 2715 comunes a las dos condiciones (6963 e total). Usando anotación funcional se encontraron funciones putativas para el 86 % de los GED, los cuales fueron asociados con 2075 términos GO y 131 rutas metabólicas KEGG. Entre 17 GED identificados como exclusivos de variedades tolerantes, se encontraron algunos homólogos reportados en estudios sobre respuesta y tolerancia en plantas a distintos estreses abióticos con DH y anegamiento incluidos. Con la identificación y caracterización de los GED realizada, se genera toda la información de expresión necesaria para la aplicación de los dos enfoques bioinformáticos restantes que componen el modelo para asistir la selección de genes candidatos propuesto en este estudio.

## 2.1 INTRODUCCIÓN

En los últimos años el avance en las tecnologías de secuenciación de segunda generación o **NGS**, y específicamente la técnica **RNA-Seq** (detalles en la [Sección 1.2](#)), ha posibilitado el estudio de la expresión génica a mayor escala y con mejor sensibilidad que otras tecnologías como los microarreglos de **ADN**. Dentro de las áreas se han beneficiado con las ventajas de la técnica **RNA-Seq** se encuentra la **TRANSCRIPTÓMICA COMPARATIVA** la cual permite identificar genes que se activan en un organismo (o en un grupo de ellos) bajo condiciones especiales de interés como por ejemplo una enfermedad, un tratamiento o un estímulo ambiental. En los estudios de transcriptómica comparativa apoyados en **RNA-Seq**, el **ARNm** del organismo (transcriptoma) bajo diferentes condiciones (normal y tratamiento por ejemplo) es transcrita y secuenciado para producir millones de secuencias cortas de **ADNc**. Posteriormente, mediante métodos informáticos, se cuantifican las secuencias correspondientes a los genes o transcritos de cada condición para estimar los niveles de expresión, los cuales al ser comparados, permiten identificar diferencias significativas de expresión entre condiciones (p. ej. control vs. tratamiento).

Siguiendo esta idea en el Centro de Investigación de la Caña de Azúcar de Colombia ([Cenicaña](#)) se adelantaron estudios de transcriptómica comparativa apoyada en la técnica **RNA-Seq** para el análisis de la expresión génica de la caña de azúcar bajo condiciones de estrés hídrico, a través del proyecto “Aislamiento y Caracterización de Genes Asociados con Tolerancia al Estrés Causado por Déficit y Exceso Hídrico en la Caña de Azúcar (*Saccharum spp.*)” (en adelante proyecto de estrés hídrico), financiado por el Departamento Administrativo de Ciencias, Tecnología e Innovación ([Colciencias](#)) (código 2214-502-27248). Uno de los objetivos de dicho proyecto, consiste en identificar genes involucrados en los procesos de tolerancia a las condiciones de **DH** y anegamiento, mediante la comparación de transcriptomas de variedades de caña de azúcar contrastantes para estas condiciones. En este sentido, se utilizaron para la condición de **DH** las variedades CC 93-7711 y SP 71-6949 caracterizadas como eficientes en el uso del agua [1] (en adelante tolerantes), y la variedad MZC 74-275, caracterizada como no eficiente en el uso de agua [1] (en adelante susceptible). En el caso de anegamiento, se usaron las variedades CC 01-1940 y CC 93-4418, catalogadas por el Programa de Variedades de [Cenicaña](#) ([Ref. a datos de producción, consultar a F. Salazar](#)) como tolerante y susceptible, respectivamente, para esta condición. Para conseguir los transcriptomas bajo **DH**, se obtuvo **ARN** de hojas de plantas de 5 meses de edad sembradas en tanques (0.8 m de alto y 2 m de diámetro), y de raíces de plantas de 2 meses de edad sembradas en materos medianos (5 Kg de capacidad), en ambos casos sometidas a tres tratamientos: (1) control, con irrigación normal; (2) **EM**, con 25 % de agua aprovechable en suelo; y (3) **ES**, sin humedad en suelo al punto de provocar marchitez permanente en las plantas. La diferencia de edades para la obtención de raíces obedece a la inviabilidad de la colecta del tejido en plantas de 5 meses además de que a menor edad se obtuvo **ARN** de mejor calidad. Para el caso de los transcri-

tomas de anegamiento, se obtuvo ARN de hojas y raíz de plantas de 2 meses de edad bajo tres tratamientos: (1) control, con irrigación normal; (2) EM, con anegamiento durante 2 días; y (3) ES, con anegamiento durante 14 días. Tanto para DH como anegamiento, se realizaron 2 repeticiones biológicas de los experimentos. El ARN obtenido fue secuenciado mediante tecnología RNA-Seq de Illumina, en el Centro de Biotecnología Roy J. Carver de la Universidad de Illinois (<http://www.biotech.illinois.edu/htdna>), con lo cual se produjeron más de 3 mil millones de secuencias cortas de ADN en 72 librerías.

Con la obtención de esta gran cantidad de datos de secuenciación, surgió la necesidad de la aplicación de técnicas bioinformáticas para su análisis, a fin de avanzar hacia la identificación de genes con potencial para conferir tolerancia a condiciones de estrés hídrico. Mediante entrenamiento de bioinformática en la Universidad de Illinois, se desarrolló un protocolo para el AED a partir de datos RNA-Seq con el cual se realizaron estudios preliminares de la información. Sin embargo, surgió también la necesidad de mejorar este protocolo debido al uso de herramientas de software privativas y la carencia de controles de calidad de los datos. Si bien un protocolo para AED permite identificar, sin mayor inconveniente, los genes activados durante condiciones de estrés hídrico, el verdadero reto consiste en la selección de un grupo pequeño de estos genes con un buen potencial de ser responsables por la tolerancia a estrés por DH o anegamiento. Para esto, una selección tradicional basada exclusivamente en niveles de expresión, podría no ser la más adecuada dadas las influencias causadas por factores ambientales distintos del propio estrés hídrico.

Lo anterior ha llevado al desarrollo de alternativas bioinformáticas para la identificación y selección de un grupo de genes relacionados con la tolerancia a estrés hídrico en caña de azúcar. Se propone en este trabajo un modelo para asistir la selección de genes candidatos a partir de información de expresión. El modelo combina tres enfoques bioinformáticos para el análisis de los datos RNA-Seq: análisis de expresión diferencial, análisis de redes de coexpresión de genes y selección de características mediante máquinas de soporte vectorial. Tomando los resultados más importantes de cada análisis se brinda información biológica relevante sobre los genes, permitiendo hacer una selección integral en la que no prevalece el criterio de niveles de expresión.

En este capítulo se presenta el análisis de los datos RNA-Seq producidos en Cenicaña, con el objetivo de identificar los genes activados durante condiciones de estrés hídrico en caña de azúcar. Con esta parte del estudio, se buscó adecuar el protocolo preliminar para AED, con el objetivo de identificar los GED en las distintas variedades sometidas a estrés por DH y anegamiento, y además realizar su caracterización a nivel funcional mediante anotación y análisis de rutas. Este es el primero de los tres enfoques bioinformáticos de análisis de datos RNA-Seq que conforman el modelo presentado en este estudio, para asistir la selección de genes candidatos. Además de ofrecer la información importante sobre posibles genes clave en los procesos de tolerancia al estrés hídrico, este primer análisis también genera todos los datos

de expresión necesarios para la aplicación de los dos enfoques bioinformáticos restantes que componen el modelo.

## 2.2 MATERIALES Y MÉTODOS

### 2.2.1 Protocolo preliminar para el análisis de expresión diferencial

Como punto de partida para la implementación y adaptación de un protocolo para **AED** definitivo, se usó un protocolo preliminar [2] desarrollado durante un entrenamiento en bioinformática en la Universidad de Illinois. Este protocolo, usado de manera exploratoria en **Cenicaña**, incluye la ejecución de los principales pasos del **AED** mediante el uso de herramientas de software licenciadas (CLC Genomics Workbench [3], MS Excel) y de libre distribución (DEGseq [4], Blast2GO [5]). La Figura 2.1 muestra el protocolo en forma de diagrama detallando los cada uno de sus pasos y herramientas utilizadas.

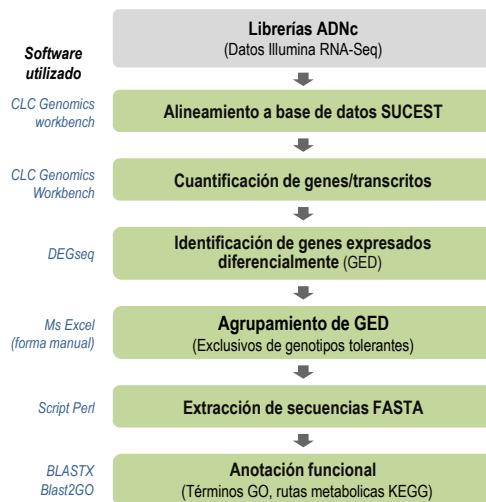


Figura 2.1. Diagrama del protocolo preliminar para análisis de expresión diferencial.

### 2.2.2 Selección de herramientas bioinformáticas para estudiar la expresión diferencial

Se buscaron alternativas a las herramientas utilizadas en el protocolo preliminar para el **AED** con el objetivo de evitar el uso de software privativo y aplicaciones difíciles de integrar en rutinas automatizadas (*pipelines*).

Dada la gran cantidad de datos a procesar se buscó un alineador de secuencias cortas de libre distribución, eficiente computacionalmente y aún lo suficientemente preciso. Se realizaron pruebas de alineamiento para medir el rendimiento en términos de tiempo procesamiento

y RAM de los mapeadores Stampy [6] y Bowtie 2 [7]. Se conformó una librería de prueba con una muestra del 10 % de las secuencias de una librería seleccionada aleatoriamente entre todas las disponibles. Esta librería con un total de 2 501 090 secuencias (*forward + reverse*), fue alineada con cada herramienta a la base de datos del proyecto **SUCEST** (*Sugarcane ExpRESSED Sequence Tags project*) (<http://sucest-fun.org/>) [8]. Usando un solo núcleo de procesador (AMD Opteron, 2300 MHz), se ejecutaron dos alineamientos por cada programa con distintas configuraciones. Con Bowtie 2 se realizó un alineamiento con el parámetro por defecto `--sensitive` y otro con el parámetro `--very-sensitive`. Con Stampy se realizó un alineamiento con los parámetros por defecto (denominado normal) y otro con mapeo asistido por el alineador BWA [9].

Para realizar la detección de los **GED** se consideró el paquete de lenguaje R/Bioconductor DESeq [10] como alternativa al paquete DEGseq [4] del protocolo preliminar. Se tuvo en cuenta el manejo de las repeticiones biológicas de los dos paquetes para elegir una herramienta para esta fase del **AED**.

Mediante búsqueda en literatura (detalles en Capítulo 1) y sitios web relacionados [11-13] con el análisis de datos **NGS**, se seleccionaron otras herramientas de software para manipulación de alineamientos y control de calidad, que tuvieran la posibilidad de ser integradas en rutinas o *pipelines* para lograr el procesamiento desatendido de los datos por lotes.

Para la implementación de rutinas para integrar las herramientas de software seleccionadas y realizar cálculos específicos, se usaron los lenguajes de programación Python, R, Bash y AWK.

### 2.2.3 Selección de datos y análisis de calidad

#### 2.2.3.1 Datos RNA-Seq

Fueron utilizadas 72 librerías ADNc (muestras) provenientes de tejido de hoja y raíz de plantas de cinco variedades de caña de azúcar, sometidas a tres tratamientos en las condiciones de **DH** y anegamiento: control, **EM** y **ES**. Dado que se tienen repeticiones biológicas de todos los experimentos, cada combinación de variables (condición-variedad-tejido-tratamiento) posee dos o más librerías. En algunos casos, específicamente en la repetición 1 y 2 del tejido de hoja en **DH**, se tiene solo un control para los dos tratamientos (**EM** y **ES**) en todas las variedades. En el resto de los casos, existe un control para cada tratamiento de estrés de todas las variedades tanto de **DH** como de anegamiento (control-**EM** y control-**ES**). En la **Tabla 2.1** se presenta el número de librerías que componen el conjunto de datos utilizado y en el **Anexo A** (**Tabla A.1**) se encuentra el detalle de todas las librerías incluyendo los nombres de archivo correspondientes. Todas las librerías provienen de secuenciación con tecnología **RNA-Seq paired-end** de Illumina, y contienen secuencias cortas (lecturas o *short reads*) de 100 pb de longitud, en can-

Tabla 2.1. Número de librerías ADNc secuenciadas con RNA-Seq por cada variedad, tejido y tratamiento.

Condición	Variedad	Característica	No. de librerías secuenciadas					
			Hojas			Raíces		
			Control	Medio	Severo	Control	Medio	Severo
Déficit Hídrico	CC 93-7711	Tolerante	2	2	2	4	2	2
	SP 71-6949	Tolerante	2	2	2	4	2	2
	MZC 74-275	Susceptible	2	2	2	4	2	2
Anegamiento	CC 01-1949	Tolerante	3	2	2	4	2	2
	CC 93-4418	Susceptible	3	2	2	4	2	2

tidades que varían entre los 16 099 262 (la más pequeña) y los 193 887 078 (la más grande). En total, el conjunto de datos cuenta con 3 256 505 088 secuencias de ADN.

### 2.2.3.2 Análisis de calidad

Para evaluar la calidad de secuenciación, se tomó una muestra de 1 millón de secuencias de los archivos que conforman cada librería (*forward* y *reverse*). Las muestras fueron procesadas con la herramienta Bioawk para estimar la calidad de secuenciación (*Q*) promedio (escala Phred) y el porcentaje de bases con *Q* > 15 en cada librería.

Posteriormente se descartaron todas aquellas secuencias alineadas a posibles contaminantes usando la rutina propia `deconLibs.py`. Se usaron como referencias de contaminantes el genoma humano (*h19*) y todos genomas de bacterias, virus y hongos disponibles en GenBank [14].

### 2.2.4 Análisis de los datos

En análisis de datos se ejecutó utilizando un protocolo de AED definitivo adaptado a partir protocolo preliminar. Las librerías filtradas (sin contaminantes) fueron alineadas a la base de datos SUCEST usando Bowtie 2 configurado con el parámetro `--sensitive` y un rango de longitud de fragmento de 100-400 para considerar como válido un alineamiento *paired-end*. Los alineamientos obtenidos fueron procesados con la herramienta PICARD Tools [15] para eliminar las secuencias duplicadas debidas a artefactos del proceso de PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Posteriormente se realizó la cuantificación de los genes (conteos crudos) y su normalización a valores RPKM (*Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads*), usando la rutina propia `getRPKM.sh`.

Usando los valores de expresión RPKM en la aplicación DEGseq, se identificaron los genes que presentaron expresión diferencial (GED) entre tratamientos dentro de cada combinación variedad-tejido-repetición para DH y anegamiento, usando como criterio un valor-*p* < 0.001. Para el caso de DH en las repeticiones 1 y 2 de hojas, las comparaciones entre tratamientos

fueron Control vs. **EM** y Control vs. **ES**. En los demás casos, las comparaciones realizadas fueron Control-**EM** vs. **EM** y Control-**ES** vs. **ES**. Un gen se consideró como **GED** definitivo en una combinación variedad-tejido si estuvo expresado diferencialmente en las dos repeticiones sin importar el nivel de estrés.

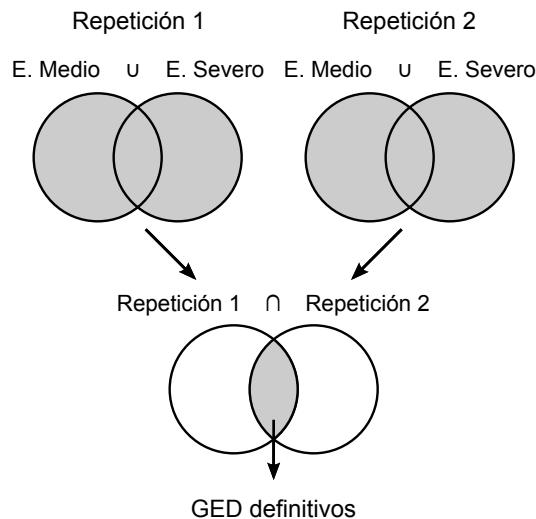


Figura 2.2. Esquema de definición de **GED** para una variedad y tejido. Se realiza la unión de los **GED** detectados en **EM** y **ES** en cada repetición. Luego se comparan los conjuntos resultantes y se toman los genes de la intersección como **GED** definitivos.

Posteriormente, se realizó la anotación funcional y análisis de rutas sobre los **GED** identificados. Se realizó una búsqueda BLASTX [16] (*e-value* < 0.001) de las secuencias de **GED** en la base de datos de proteínas no redundantes (nr: *Non-redundant GenBank CDS translations + PDB + SwissProt + PIR + PRF*) del NCBI ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)). Los resultados de las búsquedas se usaron en la aplicación Blast2GO [5] para anotar los **GED** con términos funcionales y rutas metabólicas de las bases de datos **GO** y **KEGG**, respectivamente. Finalmente, con la anotación **GOs** se realizó un análisis de rutas (ORA) mediante la prueba estadística de Fisher con ajuste de control de errores FDR < 0.5, para identificar los términos funcionales más representativos en los conjuntos de **GED** de cada tejido de **DH** y anegamiento.

## 2.3 RESULTADOS

### 2.3.1 Protocolo para análisis de expresión diferencial de genes

Producto de la selección de herramientas bioinformáticas se obtuvo un nuevo protocolo para análisis de expresión diferencial de genes (Figura 2.3). A continuación se describen los resultados de la selección de herramientas para cada paso del proceso de AED.

## ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL A PARTIR DE DATOS RNA-SEQ

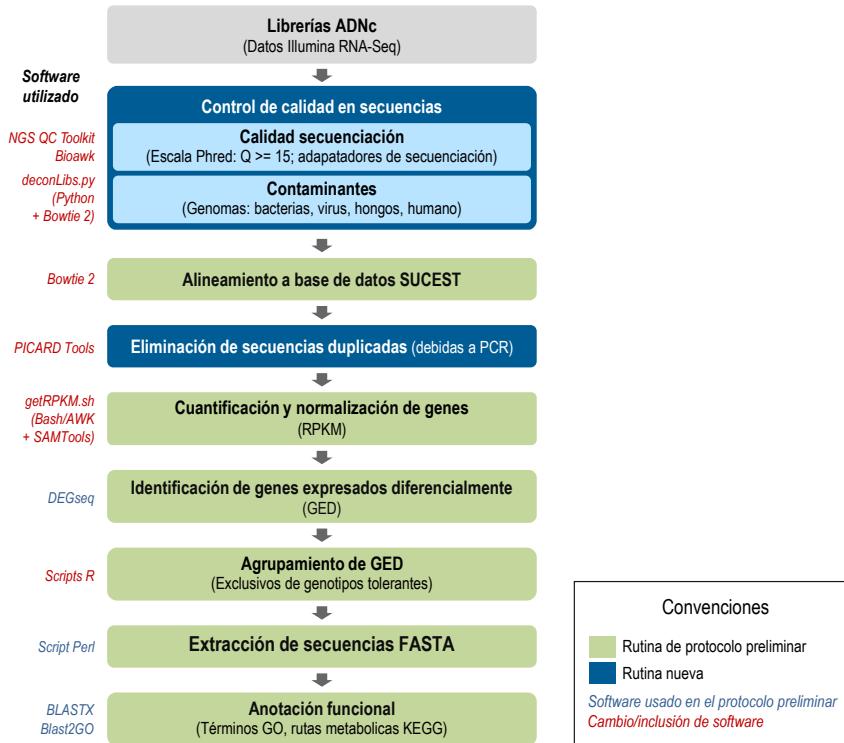


Figura 2.3. Diagrama del nuevo protocolo para análisis de expresión diferencial de genes.

En primer lugar se consideró incluir una fase de control de calidad de los datos RNA-Seq. Para verificar la calidad de secuenciación y filtrar secuencias de baja calidad se eligieron las herramientas Bioawk [17] y NGS QC Toolkit [18]. En esta fase se consideró integrar también un paso de eliminación de secuencias contaminantes pertenecientes a organismos distintos de caña de azúcar. Para esto se construyó la rutina deconSeq.py (lenguaje Python) que se basa en alineamientos ejecutados con Bowtie 2.

La siguiente elección de herramientas corresponde a la fase del alineamiento de secuencias cortas. La Figura 2.4 presenta los resultados de la evaluación de los mapeadores Bowtie 2 y Stampy. En cuanto a tiempo de procesamiento, los alineamientos con Bowtie 2 tomaron menos de 11 minutos (8.5 modo sensitive y 10.5 minutos modo very-sensitive), mientras que los ejecutados con Stampy superaron ampliamente este tiempo tomando 3 horas para el modo normal y 3.2 horas para el modo que usa BWA. En cuanto al consumo de RAM promedio, Bowtie 2 solo usó 79.4 MB en su alineamiento normal (sensitive) y 82 MB en su alineamiento más exhaustivo (very-sensitive). Por su parte el alineador Stampy utilizó 114.4 MB de RAM en los dos modos probados. De acuerdo con el desempeño observado, el alineador Bowtie 2 fue seleccionado para ejecutar el alineamiento de secuencias cortas como alternativa al programa CLC Genomics Workbech.

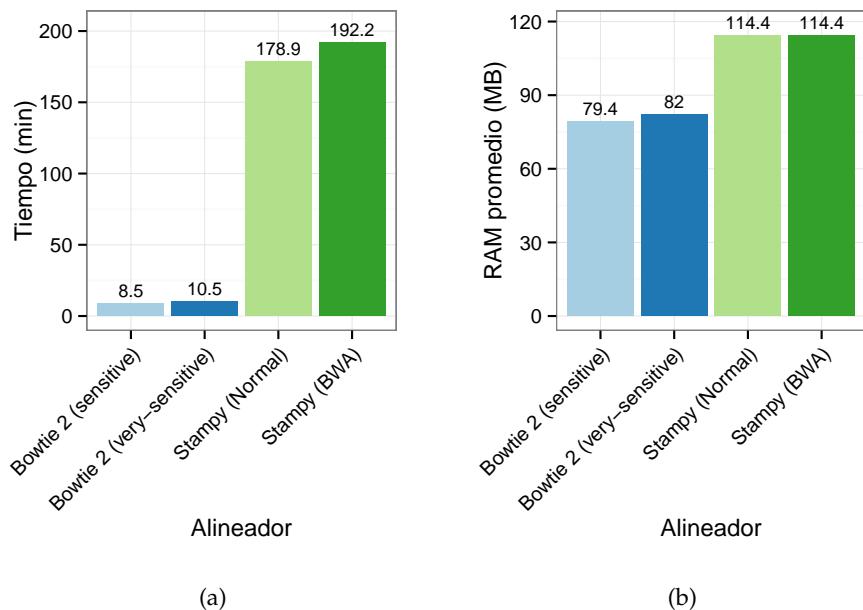


Figura 2.4. Tiempo de procesamiento y consumo de RAM durante pruebas de alineamiento. (a) Tiempo total de procesamiento. (b) Comsumo promedio de RAM durante el alineamiento.

Se consideró incluir una fase de eliminación de secuencias duplicadas dado el impacto que estas pueden causar en la estimación de los niveles de expresión. Para esta fase se eligió la herramienta PICARD Tools la cual marca elimina las secuencias duplicadas con base en las coordenadas de alineamiento.

La cuantificación y normalización de genes fue la siguiente fase del AED en la cual se eligió una alternativa al software privativo CLC Genomics Workbench del protocolo preliminar. Para esta tarea se construyó la rutina getRPKM.sh (lenguajes Bash y AWK).

Para la fase de detección de GED se eligió el paquete DEGseq usado en el protocolo preliminar. Se desestimó el paquete DESeq pues este toma en cuenta la existencia de réplicas biológicas para el cálculo de la expresión diferencial promediando los conteos normalizados de secuencias mapeadas a los genes en cada uno de los experimentos. Esto podría no ser conveniente en este estudio pues los experimentos de los cuales provienen los datos RNA-Seq fueron ejecutados en distintos momentos lo que causa diferencias (a veces grandes) en los niveles de expresión para un mismo gen. Por esta razón se conservó el paquete DEGseq el cual realiza la identificación de GED sin considerar réplicas y por ende no promedia los niveles de expresión de las mismas.

Como alternativa a la herramienta MS Excel para realizar los agrupamientos y comparaciones de GED identificados, se construyeron rutinas en lenguaje R integrables en forma de *pipelines*.

Finalmente, se conservaron las herramientas para la extracción de secuencias FASTA desde la base de datos **SUCEST** (rutina Perl) y la anotación funcional (Blast2GO).

Si bien en este momento el protocolo no se encuentra ensamblado completamente en forma de *pipeline* por línea de comandos, se cuenta con una versión automatizada (flujo de trabajo) en la aplicación web Galaxy [19] que incluye la mayoría de los pasos del protocolo con excepción del preprocesamiento de las librerías y el agrupamiento de los GED (Figura 2.5).

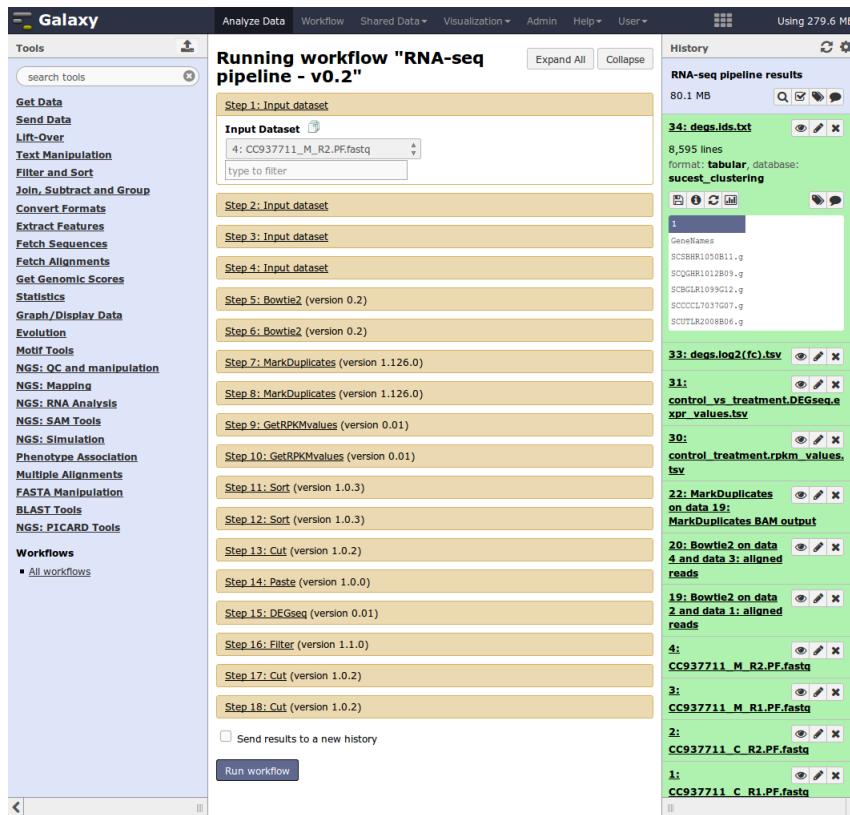


Figura 2.5. Flujo de trabajo del protocolo de AED en ejecución en la aplicación Galaxy.

### 2.3.2 Análisis de calidad de los datos

#### 2.3.2.1 Calidad de secuenciación

Los análisis realizados sobre las muestras de las librerías revelaron una alta calidad de secuenciación. De los 144 archivos de secuencias que representan las muestras de todas las librerías ( $72 \times 2$ ), 116 (80 %) presentaron una calidad  $Q \geq 15$  en al menos el 95 % de las bases totales (Figura 2.6.a). En los restantes 28 archivos la calidad  $Q \geq 15$  estuvo presente entre el 89 % y 94 % del total de bases. Se observó una media del porcentaje de bases con calidad  $Q \geq 15$ , del 96 % y 95.2 % para las muestras de las librerías de DH y anegamiento respectivamente (Figura 2.6.b). La media de la calidad promedio ( $Q_p$ ) observada fue de  $Q_p = 34.5$  para

DH y de  $Q_p = 33.9$  para anegamiento (Figura 2.6.c), lo cual indica una precisión (promedio) de secuenciación ligeramente superior al 99.9 %. Teniendo en cuenta que el procesamiento posterior sobre las librerías no incluye la detección de variantes (estructurales y/o polimórficas), la cual requiere una calidad de secuenciación  $Q \geq 20$ , los resultados observados en este análisis permitieron obviar el filtrado de las secuencias por calidad de secuenciación.

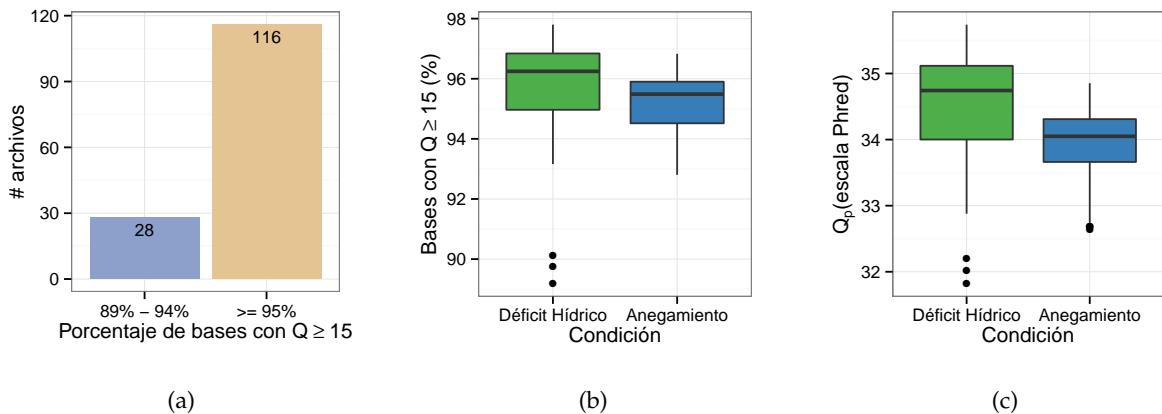


Figura 2.6. Resumen de calidad de secuenciación de las librerías ADNc. (a) Distribución de de archivos de secuencias con respecto al porcentaje de bases con calidad  $Q \geq 15$ . (b) Porcentaje de bases de las muestras (1 millón de secuencias) de las librerías con calidad  $Q \geq 15$ . (c) Calidad promedio  $Q$  ( $Q_p$ ) de secuenciación entre las muestras de las librerías (escala Phred).

### 2.3.2.2 Posibles contaminantes

Mediante el proceso de descontaminación se removió el 1.72 % (55 873 844) del total de secuencias de las 72 librerías (3 256 505 088) (Figura 2.7). Este porcentaje estuvo representado por secuencias mapeadas, en su gran mayoría, a genomas de hongos (1.44 %), y en una menor proporción, a genomas de bacterias (0.19 %), al genoma humano (0.08 %), y por último, a genomas de virus (0.005 %). El restante 98.28 % de las secuencias no se alinearon a las referencias contaminantes, lo que sugiere que son exclusivas de caña de azúcar. De esta manera, un total de 3 200 631 244 secuencias cortas fue usado para el posterior análisis de expresión diferencial.

### 2.3.3 Análisis de expresión diferencial

Con el AED se buscó identificar los genes que tuvieron diferencias de expresión significativas entre tratamientos para cada tejido en las condiciones de DH y anegamiento. Durante la fase inicial del análisis, al alinear las 72 librerías contra la base de datos SUCEST, el 62 % de todas las secuencias fueron mapeadas a la referencia (Figura 2.8.a). Se encontró además que, en promedio, el 88 % de los 43 141 genes de la referencia fue mapeado con secuencias en cada uno de los 72 alineamientos realizados (Figura 2.8.b).

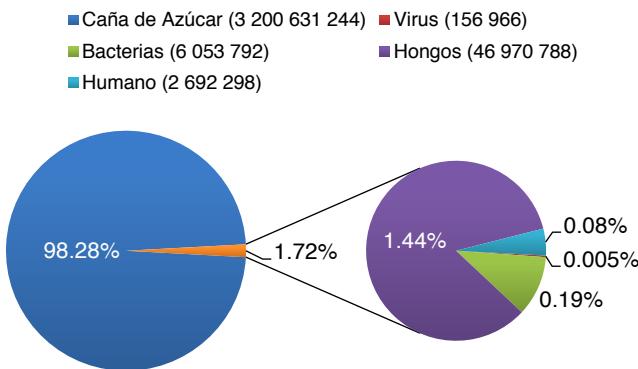


Figura 2.7. Porcentaje de secuencias cortas con alta similitud a caña de azúcar y otros organismos. En total el 98.28 % de las secuencias corresponde a caña de azúcar. El restante 1.72 % corresponde a secuencias de organismos diferentes considerados como contaminantes.

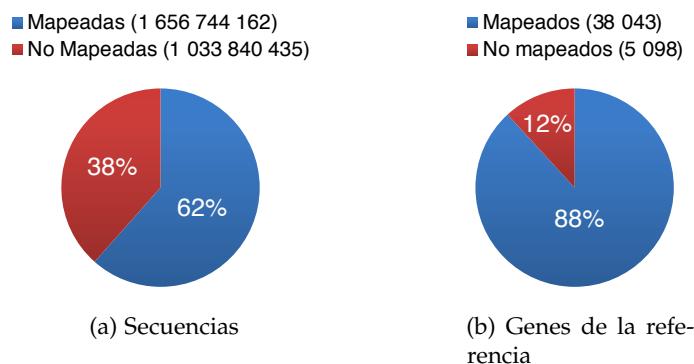


Figura 2.8. Resumen de alineamiento de librerías a la base de datos SUCEST. (a) Porcentaje total de secuencias alineadas y no alineadas a la referencia. (b) Porcentaje de genes de la referencia mapeados y no mapeados en promedio, por las secuencias de cada una de las 72 librerías ADNc.

Luego del alineamiento, se descartaron las secuencias duplicadas. En este proceso se descartó el 16 % de las secuencias mapeadas a la referencia (510 046 647), con lo cual el 84 % restante (2 690 584 597) fue usado para la estimación de la expresión en valores RPKM.

Con los valores calculados se procedió a la identificación de GED. Los resultados para la condición de DH mostraron un total de 2 232 GED en hojas y 4 179 en raíces. En el caso de anegamiento, se identificaron 877 GED en hojas y 3 835 en raíces. En la Figura 2.9 se presenta el resumen de esta información detallando el número de GED presentes en las variedades tanto de manera exclusiva como compartida.

Posteriormente se buscó identificar los GED comunes entre tejidos (hojas o raíz) y condiciones (DH o anegamiento). En la comparación entre tejidos se obtuvo un total de 5 321 en DH, con 1 090 comunes (Figura 2.10.a). En anegamiento, se obtuvo un total de 4 357 GED, con 355 comunes a hojas y raíces (Figura 2.10.b). Finalmente, en la comparación entre condiciones los resultados mostraron un total de 4 248 GED únicos y 2 715 comunes entre DH y anegamiento,

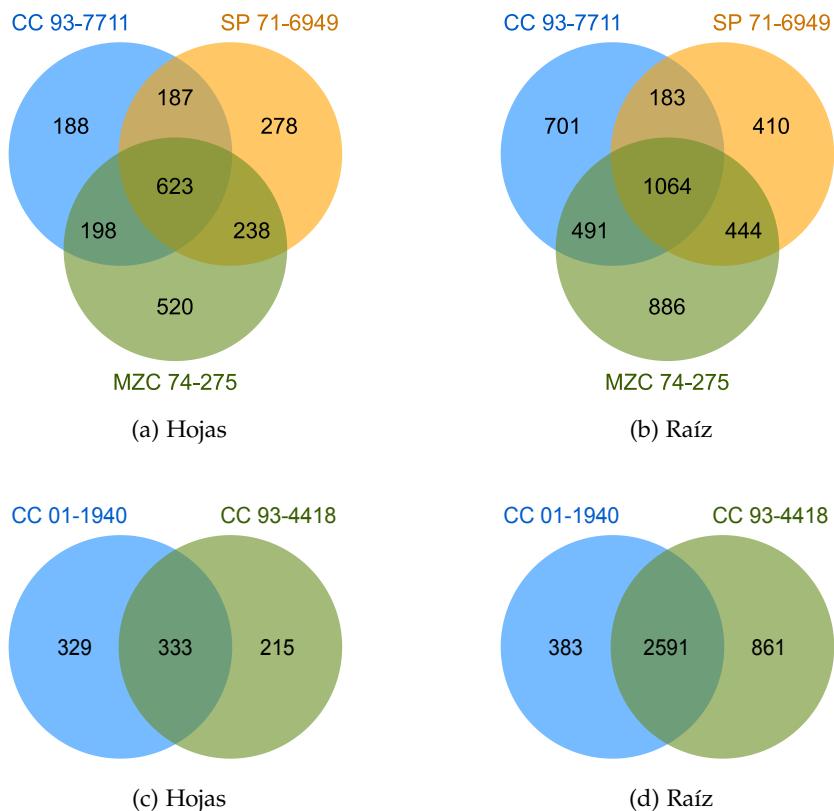


Figura 2.9. Número de GED discriminado por tejido. (a) y (b) Déficit Hídrico. (c) y (d) Anegamiento.

para un total de 6 963 (Figura 2.10.c). Se presenta en el Anexo A (Tabla A.2) el listado de los GED que presentaron un nivel de expresión promedio (variedad-tejido-repetición) 2.0 veces superior o inferior comparado con el control ( $|\log_2(\text{FC})| \geq \log_2(2.0)$ ).

Adicionalmente se identificaron los GED en hojas y raíces exclusivos de las variedades tolerantes a DH y anegamiento, dado que podrían ser genes importantes en los procesos de tolerancia al estrés hídrico. Estos genes se presentan en el Anexo A (Tabla A.2) marcados con un asterisco (\*) al lado del identificador SUCEST.

#### 2.3.4 Anotación biológica de los GED

Mediante búsquedas BLASTX se encontraron funciones putativas para el 91 % de los GED identificados en DH (4 844) y para el 93 % de los GED de anegamiento (4 056). En DH la anotación GO arrojó 4 201 secuencias con 2 321 términos funcionales diferentes. En el caso de anegamiento, se anotaron 3 257 secuencias con 2 075 términos GO distintos. La Figura 2.11 detalla la distribución de los términos GO de cada condición, teniendo en cuenta las tres categorías principales: Proceso Biológico (PB), Función Molecular (FM) y Componente Celular

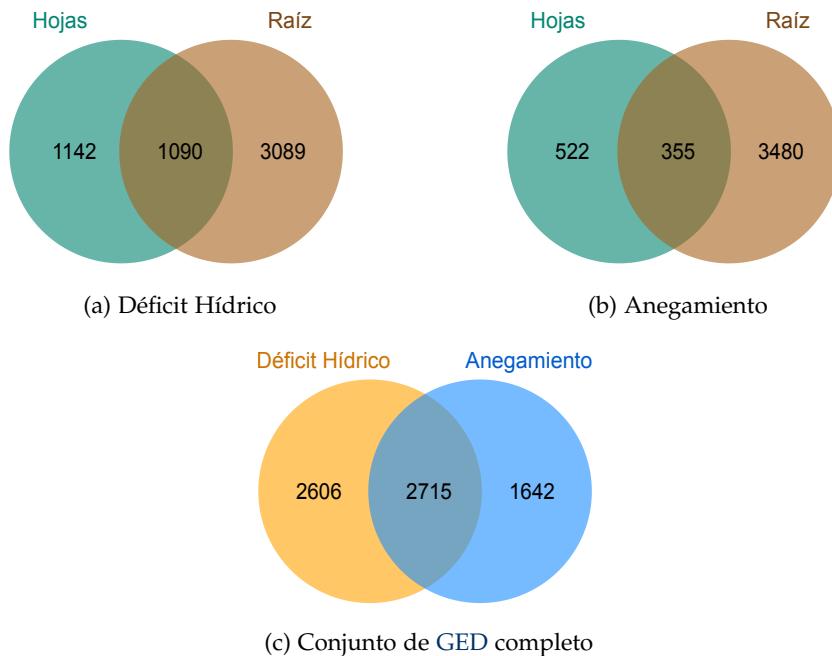


Figura 2.10. Comparaciones de GED entre tejidos en (a) Déficit Hídrico, y (b) Anegamiento. En (c) se muestran las comparaciones de los GED entre condiciones.

Tabla 2.2. GED exclusivos en las variedades tolerantes en tejido de hoja y raíz. Se presentan los niveles de expresión  $\log_2(\text{FC})$  para cada tejido (promedio entre niveles de estrés (EM y ES) y repeticiones)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		SP 71-6949		CC 01-1940	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
<b>Déficit Hídrico</b>								
1	SCCCLR1072B05.g	-NA-	1.48	2.35	2.28	1.51		
2	SCCCLR2C02C10.g	<i>Metallothionein-Like Protein 1</i>	-0.01	0.15	-0.17	0.04	-0.01	-0.29
3	SCRLLR1038A06.g	<i>3-Hydroxy-3-Methylglutaryl-Coenzyme A Reductase 3-Like</i>	2.84	0.90	2.06	0.81		-0.63
4	SCUTLR2008E01.g	-NA-	0.66	1.31	1.21	-0.24	0.42	-0.52
5	SCUTLR2008H04.g	<i>Histone H3</i>	0.73	1.02	1.04	-0.56		0.77
6	SCVPRZ3026C06.g	<i>DRE Binding Factor</i>	3.94	1.41	3.86	-0.85		
<b>Anegamiento</b>								
7	SCAGAM2122H01.g	-NA-					0.81	1.14
8	SCBFRT1064B08.g	<i>Plasma Membrane Atpase 1-Like</i>					-0.24	-0.56
9	SCCCCL3120G12.g	<i>Glycine-Rich RNA Binding Protein</i>	1.06				-0.91	-0.63
10	SCCCCL6005E03.g	<i>Glycine-Rich RNABinding Protein</i>	0.87	-1.05			-0.70	-0.53
11	SCCCLR1065E06.g	<i>Aquaporin</i>	2.15	1.67	2.52	0.52	0.85	-0.36
12	SCEPSB1135A04.g	<i>Cinnamoyl- Reductase 1-Like</i>	-1.18		-1.31		-0.91	-2.22
13	SCJFLR1017B11.g	<i>Phenylalanine Ammonia-Lyase</i>	0.50		0.30	0.94	0.49	
14	SCQGLR2017D04.g	<i>Aquaporin Tip4-1</i>	-3.53		-2.72		0.24	-2.85
15	SCSFRT2068D12.g	<i>Abscisic Stress Ripening</i>		-0.47		0.03	-1.45	-0.65
16	SCSGCL6070D03.g	-NA-	2.75	2.63	2.78	3.20	1.10	-2.81
17	SCSGST3121C06.g	<i>Duf246 Domain-Containing Protein At1g04910-Like</i>		1.75		0.99	0.53	0.51

(CC). En la Figura 2.12 y 2.13 se presentan los términos funcionales de nivel 3 en la jerarquía GO, relacionados con los GED identificados en DH y anegamiento, respectivamente.

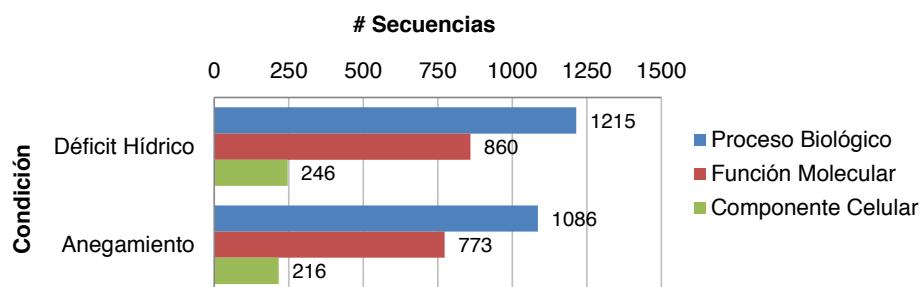


Figura 2.11. Distribución de los términos funcionales GO en DH y anegamiento, de acuerdo con las principales categorías GO.

A través del análisis de rutas ejecutado se identificaron los términos funcionales más representativos de las categorías GO principales para cada conjunto de GED correspondiente a hojas y raíz de DH y anegamiento Tabla 2.3.

Tabla 2.3. Términos GO más significativos de los conjuntos de GED identificados en hojas y raíces de DH y anegamiento. Se relacionan los cuatro primeros términos en las tres categorías GO principales (PB, FM y CC). Para cada término se muestran las cantidades GED asociados: anotados son todos los GED en el conjunto base (todo SUCEST); observados son los GED del conjunto de prueba (condición-tejido); esperados son los GED que se esperan por azar en un grupo del tamaño del conjunto de prueba.

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
<b>Déficit Hídrico – Hojas</b>						
BP	<i>Photosynthesis</i>	344	117	22.5	1.30E–52	9.06E–50
	<i>Response to abiotic stimulus</i>	2663	365	174.5	3.07E–45	1.24E–42
	<i>Response to inorganic substance</i>	1482	245	97.1	4.46E–43	1.71E–40
	<i>Regulation of transcription, DNA-depe...</i>	244	89	16	4.78E–43	1.74E–40
MF	<i>Oxidoreductase activity</i>	2044	240	133.9	1.12E–19	1.72E–17
	<i>Unfolded protein binding</i>	170	44	11.1	1.67E–15	2.10E–13
	<i>Chlorophyll binding</i>	18	12	1.2	7.73E–11	6.24E–9
CC	<i>Heat shock protein binding</i>	105	24	6.9	5.74E–8	3.21E–6
	<i>Plastid part</i>	1512	311	99.1	1.47E–78	6.63E–75
	<i>Chloroplast</i>	2945	463	192.9	1.73E–78	6.63E–75
	<i>Chloroplast part</i>	1484	306	97.2	1.73E–77	4.42E–74
	<i>Thylakoid</i>	542	165	35.5	3.82E–66	7.32E–63
<b>Déficit Hídrico – Raíz</b>						
BP	<i>Regulation of transcription, DNA-depe...</i>	244	156	30.4	3.60E–80	2.76E–76
	<i>Alpha-amino acid metabolic process</i>	889	299	110.6	4.50E–63	1.15E–59
	<i>Response to inorganic substance</i>	1482	403	184.4	1.94E–56	3.73E–53
MF	<i>Electron transport</i>	223	125	27.7	4.80E–55	7.37E–52
	<i>Copper ion binding</i>	346	106	43	2.11E–19	3.44E–17
	<i>Oxidoreductase activity</i>	2044	377	254.3	3.03E–16	3.81E–14
	<i>Protein binding</i>	2160	378	268.7	7.49E–13	7.09E–11

Continúa en la página siguiente

Tabla 2.3. (Continuación)

Categoría GO	Término GO	Total GED anotadas	GED observadas	GED esperadas	p-value	FDR
CC	<i>Heme binding</i>	478	113	59.5	7.27E-12	5.74E-10
	<i>Transcription factor complex</i>	270	152	33.6	4.20E-67	1.61E-63
	<i>Cell periphery</i>	4137	809	514.7	1.54E-46	1.68E-43
	<i>Plasma membrane</i>	3499	688	435.3	1.73E-39	1.65E-36
	<i>Cytoplasmic membrane-bounded vesicle</i>	3678	689	457.6	1.48E-32	5.67E-30
<b>Anegamiento - Hojas</b>						
BP	<i>Photosynthesis</i>	344	89	9.5	1.57E-60	1.20E-57
	<i>Generation of precursor metabolites a...</i>	860	96	23.7	5.14E-32	1.79E-29
	<i>Photosynthesis, light reaction</i>	209	47	5.8	2.72E-29	9.07E-27
MF	<i>Response to abiotic stimulus</i>	2663	165	73.3	5.71E-24	1.56E-21
	<i>Structural constituent of ribosome</i>	504	47	13.9	3.72E-13	5.19E-11
	<i>Chlorophyll binding</i>	18	10	0.5	8.47E-12	1.04E-9
	<i>Structural molecule activity</i>	668	51	18.4	6.61E-11	7.38E-9
CC	<i>Oxidoreductase activity, oxidizing me...</i>	13	7	0.4	1.73E-8	1.16E-6
	<i>Chloroplast</i>	2945	274	81.1	2.41E-80	1.85E-76
	<i>Chloroplast part</i>	1484	194	40.9	1.10E-78	4.20E-75
	<i>Plastid part</i>	1512	195	41.6	4.31E-78	1.10E-74
	<i>Thylakoid</i>	542	115	14.9	3.13E-68	6.00E-65
<b>Anegamiento - Raíz</b>						
BP	<i>Regulation of transcription, DNA-depe...</i>	244	145	28.4	3.06E-72	2.35E-68
	<i>Electron transport</i>	223	135	26	9.56E-69	3.66E-65
	<i>Alpha-amino acid metabolic process</i>	889	284	103.5	1.01E-60	2.58E-57
	<i>Single-organism metabolic process</i>	5861	1036	682.5	3.81E-55	5.84E-52
MF	<i>Oxidoreductase activity</i>	2044	402	238	5.05E-28	1.33E-25
	<i>Structural molecule activity</i>	668	176	77.8	2.70E-26	5.74E-24
	<i>Structural constituent of ribosome</i>	504	135	58.7	4.05E-21	5.74E-19
CC	<i>Copper ion binding</i>	346	98	40.3	1.93E-17	1.95E-15
	<i>Transcription factor complex</i>	270	137	31.4	1.06E-56	2.02E-53
	<i>Cytosolic part</i>	446	159	51.9	1.09E-40	6.94E-38
	<i>Cytosolic ribosome</i>	383	136	44.6	9.86E-35	5.04E-32
	<i>Ribosomal subunit</i>	291	108	33.9	1.02E-29	3.27E-27

Los **GED** fueron anotados con las rutas metabólicas de la base de datos **KEGG**. Del total de los 6 393 **GED**, se encontraron 1 182 asociados a 419 enzimas involucradas en 131 rutas metabólicas distintas. En la **Tabla 2.4** se presenta el resumen de la anotación para las dos condiciones de estrés hídrico. Se presenta el listado completo de todas las rutas metabólicas y el número de **GED** asociados en el **Anexo A** (**Tabla A.3**).

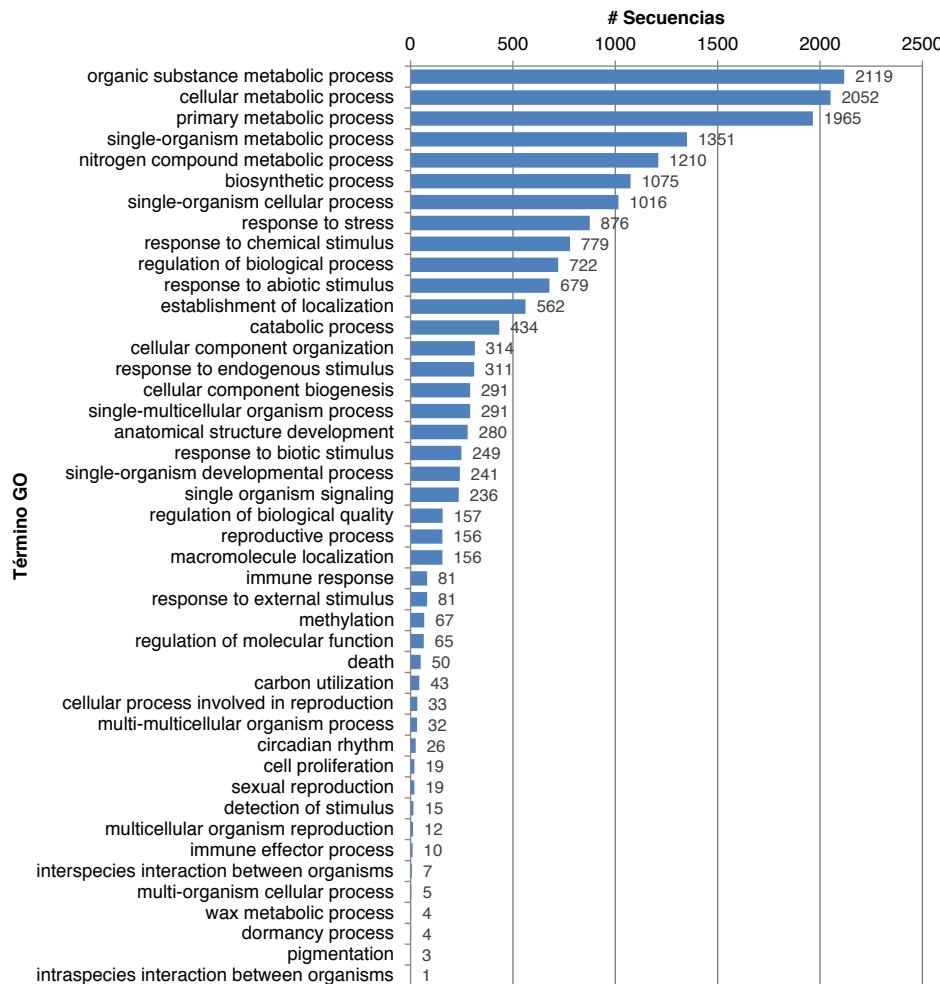


Figura 2.12. Términos GO de la categoría Proceso Biológico - Nivel 3 relacionados con los GED identificados en DH.

Tabla 2.4. Resumen de anotación de GED con rutas metabólicas KEGG.

Condición	Tejido	Secuencias anotadas	Enzimas asociadas	Rutas metabólicas asociadas
Déficit Hídrico	Hoja	349	196	95
	Raíz	695	291	121
Anegamiento	Hoja	169	115	74
	Raíz	723	303	122
Déficit Hídrico + Anegamiento	Hoja + Raíz	1182	419	131

## 2.4 DISCUSIÓN

### 2.4.1 Protocolo para análisis de expresión diferencial

Se destaca la utilidad del nuevo protocolo para AED, con el cual se procesaron todos los datos RNA-Seq del estudio. Dentro de los cambios introducidos al protocolo (Figura 2.3, texto

## ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL A PARTIR DE DATOS RNA-SEQ

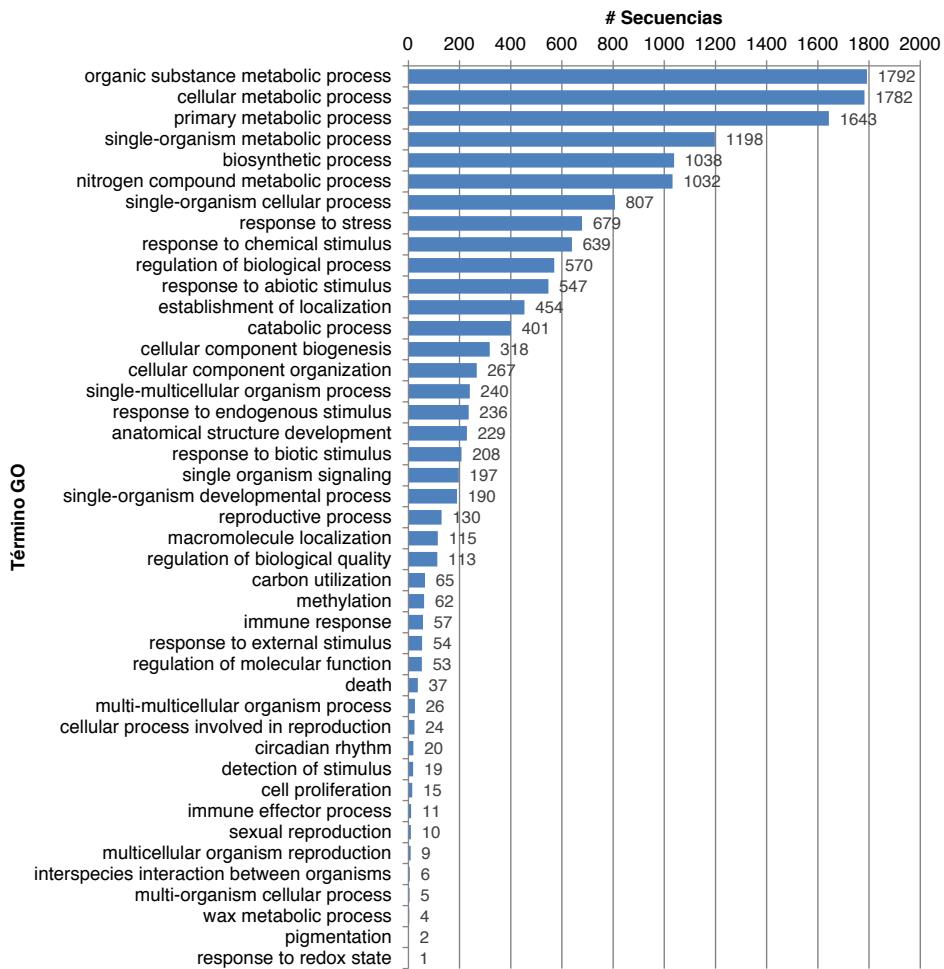


Figura 2.13. Términos GO de la categoría Proceso Biológico - Nivel 3 relacionados con los GED identificados en anegamiento.

rojo), se encuentran herramientas de libre uso y distribución que pueden conectarse fácilmente en forma de *pipeline*. Se introdujeron nuevas rutinas para descontaminar las librerías (`deconSeq.py`), eliminar secuencias duplicadas (`MarkDuplicates`), calcular los valores de expresión **RPKM** (`getRPKM.sh`), y automatizar el agrupamiento de los **GED** de acuerdo a los tipos de variedades del estudio (`scripts R`).

Considerando que el **ARNm** secuenciado proviene de tejido de hojas y raíces con restos de suelo, es inevitable que durante la colecta del material se presente contaminación con organismos distintos de caña de azúcar como bacterias u hongos, e incluso con tejido humano. Teniendo en cuenta esta situación se buscó detectar la existencia de secuencias pertenecientes a posibles contaminantes que en teoría pudiesen afectar el cálculo de expresión. Para esto, se incluyó al inicio del protocolo la rutina `deconLibs.py` creada para la descontaminación de librerías **RNA-Seq** mediante el descarte automático de las secuencias mapeadas a referencias de organismos diferentes a caña de azúcar. Vale la pena aclarar que no se puede asegurar ple-

namente que una secuencia de solo 100 pb de longitud es contaminante teniendo únicamente como base la similitud calculada por el alineamiento contra una referencia (genoma/transcriptoma) distinta del organismo estudiado. Una similitud de este tipo solamente sugiere que es probable que dicha secuencia provenga del organismo contaminante, o bien de una región común del genoma/transcriptoma de este y caña de azúcar. Considerando lo anterior, el proceso de descontaminación implementado, remueve aquellas secuencias de las cuales no se tiene la certeza de que sean específicas de caña de azúcar, dado que se mapean a la referencia contaminante. Una posible mejora a este procedimiento podría consistir en el alineamiento posterior de las secuencias contaminantes contra la referencia de caña de azúcar, para luego descartar definitivamente aquellas que no sean mapeadas, de manera similar al procedimiento implementado por Schmieder y Edwards [20] en la herramienta DeconSeq para descontaminar libreras **NGS single end**.

A pesar de las limitaciones del procedimiento de descontaminación, su ejecución permitió observar un bajo porcentaje (1.72 %) de contaminación en los datos, indicando una buena calidad en las libreras **ADNc** secuenciadas. Este resultado es importante pues permite considerar la pertinencia de la descontaminación de libreras **RNA-Seq** de alta calidad teniendo en cuenta el gran tiempo de procesamiento requerido. El alineamiento de secuencias es uno de los procedimientos con datos **NGS** que más tiempo requiere para su ejecución. Aún con el alineador Bowtie 2 (considerado como veloz) configurado para usar 28 núcleos (AMD Opteron, 2300 MHz c/u), el tiempo requerido para el alineamiento de las 72 libreras para la descontaminación fue de 217 horas aproximadamente. Otro punto a considerar es el hecho de que aquellas secuencias específicas de otros organismos, no deberían alinearse a la referencia de caña de azúcar utilizada. Solamente se alinean aquellas secuencias específicas de caña de azúcar y las que sean altamente similares y conservadas entre caña y los contaminantes. Teniendo en cuenta lo anterior se podría pensar que es posible obviar el proceso de descontaminación en libreras **RNA-Seq** secuenciadas con los estándares de calidad requeridos por la plataforma Illumina. Sin embargo, se debe estudiar el impacto real que pueda tener una contaminación del nivel observado en este trabajo en la estimación de la expresión, y así concluir definitivamente si se puede obviar o no este procedimiento.

Con el objetivo de lograr una mejor determinación de los niveles de expresión, complementando la acción de la descontaminación, se incluyó en el nuevo protocolo una rutina para la eliminación de secuencias duplicadas debidas al proceso de **PCR** usando el software PICARD Tools. De esta manera se evita que las secuencias duplicadas sean tenidas en cuenta en la cuantificación de genes, lo que asegura una mejor estimación de la expresión.

Por otro lado, con la nueva rutina `getRPKM.sh` se eliminó la dependencia de software privativo para estimar los niveles de expresión. Esta herramienta calcula los valores **RPKM** a partir de conteos de secuencias mapeadas a la referencia (obtenidos mediante SAMtools). Cabe aclarar que este proceso no reviste complejidad debido a que la referencia (**SUCEST**) es un conjunto de transcritos y no un genoma anotado con sitios de empalme alternativo (*alternative splicing*).

Así, la cuantificación de genes consiste en contar las secuencias correctamente alineadas en cada elemento de referencia por lo que el cálculo de la expresión es más sencillo.

Finalmente las rutinas escritas en lenguaje R permitieron automatizar la comparación y categorización de los GED por variedad, tejido y condición, ganando de esta manera agilidad en el proceso que antes se realizaba de manera manual mediante MS Excel.

#### 2.4.2 Genes expresados diferencialmente entre tratamientos de estrés hídrico

Con los análisis realizados se logró identificar genes expresados diferencialmente entre tratamientos (control vs EM y control vs ES) en hojas y raíces de todas las variedades sometidas bajo estrés por DH y anegamiento. Al comparar los resultados con los de estudios de expresión en caña de azúcar bajo condiciones de estrés por DH, se encontraron genes en común. Usando RNA-Seq, Oliveira [21] reporta en total 1784 GED de los cuales 1050 son comunes a los reportados aquí. Por su parte, Rocha et al. [22] a través de microarreglos, reportan en total 92 GED bajo DHs de los cuales son comunes a este estudio 53 genes. Cabe mencionar que no se encontraron estudios en caña de azúcar en los que se caracterice la expresión bajo de DH o anegamiento a partir de tejido de raíz.

Por otra parte, se pudo establecer que genes homólogos a algunos de los GED exclusivos de variedades tolerantes (Tabla 2.2), han sido reportados en estudios anteriores como relacionados con la respuesta a distintos estreses abióticos e incluso como activadores de tolerancia a los mismos. En este grupo, entre los GED que corresponden a DH, se encontró que genes del tipo *Dehydration-Responsive Element-Binding* (DREB) han conferido tolerancia a estrés por sequía en plantas transgénicas de *Arabidopsis thaliana* (revisado en [23]), trigo, arroz, caña de azúcar (revisado en [24]) y soya [25]. Igualmente, genes del tipo *Metallothionein* han conferido tolerancia a sequía en plantas transgénicas de arroz [26] y sandía silvestre [27]; en tabaco también se observó que estos genes confieren tolerancia a otros estreses como metales pesados, sal, y calor [28]. También en caña de azúcar se ha observado actividad en genes de este tipo en respuesta a condiciones de sequía [29]. Otros genes en los que se ha observado actividad bajo condiciones de DH, son los del tipo *3-Hydroxy-3-Methylglutaryl-Coenzyme A Reductase* (HGMR) en soya, e *Histone H3* en *A. thaliana*. Se ha reportado también que genes *Histone H3*, activan en arroz un gen homólogo DREB que confiere tolerancia al frío. En el caso de los GED únicos de la variedad tolerante de anegamiento no se encontraron reportes sobre genes homólogos en plantas transgénicas que confieran tolerancia a esta condición. Sin embargo, sí se existen estudios que reportan actividad en algunos de estos genes en respuesta distintos tipos de estrés abiótico incluido el anegamiento, y en ciertos casos, que favorecen la adaptación a esta condición. Se ha reportado actividad bajo condiciones de anegamiento en genes del tipo *Plasma Membrane ATP-ase* en soya [30] y en genes *Phenylalanine Ammonia-lyase* en trigo [31]. Se sabe que las Acuaporinas (*Aquaporins*) presentan actividad en plantas cuando son sometidas a dis-

tintos estreses abióticos [32], y ayudan a la aclimatación al estrés por anegamiento (revisado en [33]). Finalmente, genes *Glycine Rich RNA-binding* también son activados bajo anegamiento en tabaco y arroz y cumplen un papel de reguladores de factores de transcripción que intervienen en la adaptación a estrés osmótico, por bajas temperaturas, deshidratación, y sal (revisado en [34]).

Los GED identificados constituyen un resultado importante pues permiten la aplicación del enfoque frecuentemente utilizado de guiar el proceso de selección de genes candidatos mediante la observación de sus niveles de expresión y funciones biológicas. Además constituyen los datos de entrada para la aplicación de enfoques bioinformáticos alternativos como las redes de coexpresión de genes y algoritmos de aprendizaje de máquina, para realizar la selección de genes candidatos considerando otras perspectivas del mismo conjunto de datos.

## 2.5 REFERENCIAS

- [1] C. A. Viveros Valens, "Identificación de características asociadas con la mayor eficiencia en el uso de agua para la producción de caña de azúcar", Tesis doct., Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira, oct. de 2011 (vid. pág. 26).
- [2] J. F. N. C. de Oliveira y J. J. Riascos, "Bioinformatics Training Report: Protocol to Identify Differentially Expressed Genes from for RNA-Seq Data. Plant Biology Department, University of Illinois at Urbana - Champaign (UIUC), IL, USA. November 15 to December 15, 2011", Colombian Sugarcane Research Center - Cenicaña, Cali, inf. téc., 2015 (vid. pág. 28).
- [3] CLC Bio, *CLC Genomics Workbench*, 2013. Dirección: <http://www.clcbio.com/> (vid. pág. 28).
- [4] L. Wang, Z. Feng, X. Wang et al., "DEGseq: an R package for identifying differentially expressed genes from RNA-seq data.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 26, n.º 1, págs. 136-8, ene. de 2010 (vid. págs. 28, 29).
- [5] A. Conesa, S. Götz, J. M. García-Gómez et al., "Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 21, n.º 18, págs. 3674-6, sep. de 2005 (vid. págs. 28, 31).
- [6] G. Lunter y M. Goodson, "Stampy: a statistical algorithm for sensitive and fast mapping of Illumina sequence reads.", *Genome research*, vol. 21, n.º 6, págs. 936-9, jun. de 2011 (vid. pág. 29).
- [7] B. Langmead y S. L. Salzberg, "Fast gapped-read alignment with Bowtie 2.", *Nature methods*, vol. 9, n.º 4, págs. 357-9, abr. de 2012 (vid. pág. 29).
- [8] A. L. Vettore, F. R. da Silva, E. L. Kemper et al., "The libraries that made SUCEST", *Genetics and Molecular Biology*, vol. 24, n.º 1-4, págs. 1-7, dic. de 2001 (vid. pág. 29).

- [9] H. Li y R. Durbin, "Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 25, n.º 14, págs. 1754-60, jul. de 2009 (vid. pág. 29).
- [10] S. Anders y W. Huber, "Differential expression analysis for sequence count data.", *Genome biology*, vol. 11, n.º 10, R106, ene. de 2010 (vid. pág. 29).
- [11] L. D. Parnell, P. Lindenbaum, K. Shameer et al., "BioStar: An online question & answer resource for the bioinformatics community", *PLoS Computational Biology*, vol. 7, n.º 10, P. E. Bourne, ed., e1002216, oct. de 2011 (vid. pág. 29).
- [12] J. W. Li, K. Robison, M. Martin et al., "The SEQanswers wiki: A wiki database of tools for high-throughput sequencing analysis", *Nucleic Acids Research*, vol. 40, n.º November 2011, págs. 1313-1317, 2012 (vid. pág. 29).
- [13] J. W. Li, R. Schmieder, R. M. Ward et al., "SEQanswers: An open access community for collaboratively decoding genomes", *Bioinformatics*, vol. 28, n.º 9, págs. 1272-1273, 2012 (vid. pág. 29).
- [14] D. a. Benson, M. Cavanaugh, K. Clark et al., "GenBank", *Nucleic Acids Research*, vol. 41, n.º Database issue, págs. D36-42, ene. de 2013 (vid. pág. 30).
- [15] Broad Institute, *Picard Tools*. Dirección: <http://broadinstitute.github.io/picard/> (vid. pág. 30).
- [16] S. Altschul, "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Research*, vol. 25, n.º 17, págs. 3389-3402, sep. de 1997 (vid. pág. 31).
- [17] H. Li, *Bioawk*, 2013. Dirección: <https://github.com/lh3/bioawk> (vid. pág. 32).
- [18] R. K. Patel y M. Jain, "NGS QC Toolkit: a toolkit for quality control of next generation sequencing data.", *PloS one*, vol. 7, n.º 2, e30619, ene. de 2012 (vid. pág. 32).
- [19] J. Goecks, A. Nekrutenko y J. Taylor, "Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences.", *Genome biology*, vol. 11, n.º 8, R86, ene. de 2010 (vid. pág. 34).
- [20] R. Schmieder y R. Edwards, "Fast identification and removal of sequence contamination from genomic and metagenomic datasets.", *PloS one*, vol. 6, n.º 3, e17288, ene. de 2011 (vid. pág. 43).
- [21] J. F. N. C. de Oliveira, "Caracterização fisiológica e perfil de expressão gênica de cultivares de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp) contrastantes para o déficit hídrico", Tesis doct., Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2012, pág. 327 (vid. pág. 44).

- [22] F. R. Rocha, F. S. Papini-Terzi, M. Y. Nishiyama et al., "Signal transduction-related responses to phytohormones and environmental challenges in sugarcane.", *BMC genomics*, vol. 8, n.º 1, pág. 71, ene. de 2007 (vid. pág. 44).
- [23] M. Jewell, B. Campbell e I. Godwin, "Transgenic Plants for Abiotic Stress Resistance", en *Transgenic Crop Plants*, C. Kole, C. H. Michler, A. G. Abbott et al., eds., Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2010, cap. 2, págs. 67-132 (vid. pág. 44).
- [24] R. R. Reis, B. Andrade Dias Brito da Cunha, P. K. Martins et al., "Induced over-expression of AtDREB2A CA improves drought tolerance in sugarcane.", *Plant science : an international journal of experimental plant biology*, vol. 221-222, págs. 59-68, mayo de 2014 (vid. pág. 44).
- [25] M. Chen, Q.-Y. Wang, X.-G. Cheng et al., "GmDREB2, a soybean DRE-binding transcription factor, conferred drought and high-salt tolerance in transgenic plants.", *Biochemical and biophysical research communications*, vol. 353, n.º 2, págs. 299-305, feb. de 2007 (vid. pág. 44).
- [26] Z. Yang, Y. Wu, Y. Li et al., "OsMT1a, a type 1 metallothionein, plays the pivotal role in zinc homeostasis and drought tolerance in rice.", *Plant molecular biology*, vol. 70, n.º 1-2, págs. 219-29, mayo de 2009 (vid. pág. 44).
- [27] K. Akashi, N. Nishimura, Y. Ishida et al., "Potent hydroxyl radical-scavenging activity of drought-induced type-2 metallothionein in wild watermelon.", *Biochemical and biophysical research communications*, vol. 323, n.º 1, págs. 72-8, oct. de 2004 (vid. pág. 44).
- [28] G. Kumar, H. R. Kushwaha, V. Panjabi-Sabharwal et al., "Clustered metallothionein genes are co-regulated in rice and ectopic expression of OsMT1e-P confers multiple abiotic stress tolerance in tobacco via ROS scavenging.", *BMC plant biology*, vol. 12, n.º 1, pág. 107, ene. de 2012 (vid. pág. 44).
- [29] F. A. Rodrigues, J. P. Graça, M. L. Laia et al., "Sugarcane genes differentially expressed during water deficit", *Biologia Plantarum*, vol. 55, n.º 1, págs. 43-53, ene. de 2011 (vid. pág. 44).
- [30] A. Khatoon, S. Rehman, S. Hiraga et al., "Organ-specific proteomics analysis for identification of response mechanism in soybean seedlings under flooding stress.", *Journal of proteomics*, vol. 75, n.º 18, págs. 5706-23, oct. de 2012 (vid. pág. 44).
- [31] F.-J. Kong, A. Oyanagi y S. Komatsu, "Cell wall proteome of wheat roots under flooding stress using gel-based and LC MS/MS-based proteomics approaches.", *Biochimica et biophysica acta*, vol. 1804, n.º 1, págs. 124-36, ene. de 2010 (vid. pág. 44).
- [32] R. Aroca, R. Porcel y J. M. Ruiz-Lozano, "Regulation of root water uptake under abiotic stress conditions.", *Journal of experimental botany*, vol. 63, n.º 1, págs. 43-57, ene. de 2012 (vid. pág. 45).

- [33] A. Herrera, "Responses to flooding of plant water relations and leaf gas exchange in tropical tolerant trees of a black-water wetland.", *Frontiers in plant science*, vol. 4, n.<sup>o</sup> May, pág. 106, ene. de 2013 (vid. pág. [45](#)).
- [34] Z. J. Lorković, "Role of plant RNA-binding proteins in development, stress response and genome organization.", *Trends in plant science*, vol. 14, n.<sup>o</sup> 4, págs. 229-36, mayo de 2009 (vid. pág. [45](#)).

# 3

## REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES

---

### RESUMEN

Recientemente a través de la teoría de redes se han podido modelar eventos complejos de biología molecular con el objetivo de abordar su estudio desde una perspectiva sistémica observando relaciones e interacciones en conjunto en lugar de ver elementos de manera aislada. Usando puntos y líneas se construyen redes que recrean matemáticamente distintas relaciones entre biomoléculas (proteínas o genes) como por ejemplo interacciones entre proteínas o mecanismos regulatorios y de expresión. Las redes de coexpresión de genes (**RCEG**) son un ejemplo de aplicación de este enfoque para estudiar la complejidad de las relaciones entre perfiles de expresión génica obtenidos masivamente mediante tecnologías como los microarreglos de **ADN** o técnicas **NGS**. Con estas redes se disminuye la complejidad de conjuntos grandes de datos de expresión, y mediante su análisis topológico se pueden detectar patrones de expresión subyacentes, inferir funcionalidades biológicas e identificar genes relevantes en procesos biológicos de interés como enfermedades o estímulos ambientales. Teniendo en cuenta las ventajas y posibilidades de este enfoque, en este trabajo se aplicó el análisis de las redes de coexpresión de genes sobre datos **RNA-Seq** para estudiar la expresión génica bajo condiciones de estrés hídrico en caña de azúcar. Siguiendo el método **WGCNA** se construyeron redes de coexpresión de genes usando perfiles de expresión génica obtenidos a partir de 72 librerías **RNA-Seq** provenientes de estudios de transcriptómica comparativa sobre variedades de caña de azúcar contrastantes para las condiciones de **DH** y anegamiento. Se construyeron dos **RCEG**, una para la condición de **DH** y otra para anegamiento, con 5 321 y 4 357 genes (**GED**) respectivamente. Se identificaron 13 subconjuntos de genes altamente coexpresados (módulos) en la red de **DH** y 6 en la de anegamiento, los cuales fueron caracterizados a nivel funcional mediante análisis de rutas sobre anotación **GO**. Usando esta caracterización fue posible asociar posibles funcionalidades para 574 **GED** de un total 604 de los que no se había conseguido información biológica en análisis anteriores. Además, mediante el análisis topológico de las redes y módulos, se identificaron 30 genes sobresalientes por su alta conectividad y/o centralidad de intermediación, los cuales podrían ser relevantes en los procesos de estrés hídrico en caña de azúcar. Este análisis de redes de coexpresión de genes constituye el segundo de los enfoques bioinformáticos que conforman el modelo presentado en este estudio para asistir la selección de genes candidatos con potencial para conferir tolerancia a estrés hídrico por **DH** y anegamiento en caña de azúcar.

### 3.1 INTRODUCCIÓN

Recientemente la teoría de redes ha sido incorporada en las ciencias biológicas a través de la llamada **BIOLOGÍA DE SISTEMAS**, buscando ganar entendimiento de procesos complejos desde un punto de vista de conjunto, al observar relaciones e interacciones entre elementos [1] a manera de sistema, en lugar de verlos de manera individual y sin ninguna relación. La idea es modelar relaciones entre proteínas o genes mediante grafos usando puntos llamados **NODOS** y líneas denominadas **ARISTAS**. En las redes biológicas cada nodo representa una biomolécula como un gen o proteína y las aristas representan relaciones entre ellas ([Sección 1.5](#)). De esta manera, distintos eventos biológicos, como las interacciones físicas entre proteínas, cascadas de procesos metabólicos y mecanismos regulatorios y de expresión, han sido modelados matemáticamente, permitiendo formular hipótesis y sacar conclusiones biológicas a partir del estudio de las propiedades topológicas de las redes [2].

Una de las ventajas del enfoque de redes en el estudio de comportamientos biológicos es la capacidad de analizar grandes conjuntos de datos disminuyendo además la complejidad de la información. Las redes de coexpresión de genes son un ejemplo de aplicación de la teoría de redes para el estudio de conjuntos grandes de datos de expresión génica provenientes de tecnologías de alto rendimiento como los microarreglos de **ADN**. En estas redes cada nodo representa el perfil de expresión de un gen en varios experimentos y las aristas representan similitud entre estos perfiles de expresión. Al analizar las relaciones en conjunto, se pueden detectar patrones de expresión en decenas o cientos de experimentos a la vez, lo cual no sería posible si se estudian de manera individual. Adicionalmente, analizando algunas características de las redes como el número de conexiones de los nodos o las tendencias de agrupación entre distintos subconjuntos de nodos, se pueden identificar genes con potencial de ser relevantes en procesos biológicos de interés como enfermedades o respuestas a tratamientos y condiciones ambientales. Aunque las redes de coexpresión han sido comúnmente generadas a partir de datos de microarreglos de **ADN**, recientemente se ha aplicado su potencial para reducir la complejidad de la información en datos **RNA-Seq** [3, 4], una técnica perteneciente a las nuevas tecnologías de secuenciación de segunda generación o **NGS**.

Teniendo en cuenta la ventajas del enfoque de redes para el estudio de los procesos biológicos, en este trabajo se aplicó el análisis de las redes de coexpresión de genes para el estudio de la expresión en plantas de caña de azúcar sometidas bajo condiciones de estrés hídrico. En este capítulo se presenta el proceso de construcción y análisis de redes de coexpresión a partir de datos **RNA-Seq**, con el objetivo de identificar genes que puedan ser importantes en los procesos de estrés por **DH** y anegamiento. Con esta parte del trabajo, además se buscó dilucidar las posibles funciones biológicas de genes de los cuales no se obtuvo información mediante la anotación funcional realizada anteriormente. Este es el segundo de los tres enfoques bioinformáticos de análisis de datos **RNA-Seq** que conforman el modelo presentado en este estudio, para asistir la selección de genes candidatos con potencial para conferir tolerancia al estrés.

hídrico en caña de azúcar. Se busca que los resultados generados, aporten información relevante desde una perspectiva sistémica de redes, sobre la expresión de los genes expresados diferencialmente durante DH y anegamiento y que complemente el proceso más habitual de selección de genes candidatos basado en niveles de expresión y anotación funcional.

## 3.2 MATERIALES Y MÉTODOS

### 3.2.1 Selección de datos y pre-procesamiento

Se usaron datos de expresión génica obtenidos a partir del análisis de expresión diferencial ejecutado anteriormente sobre librerías (muestras) RNA-Seq generadas a partir de tejido de hoja y raíz de variedades de caña de azúcar sometidas a condiciones de estrés por DH y anegamiento. Los detalles de los experimentos que generaron los datos RNA-Seq y todo el AED realizado pueden consultarse en el Capítulo 2.

Para cada condición de estrés hídrico (DH y anegamiento), fueron usados cuatro conjuntos de datos, cada uno correspondiente a un tipo de valor de expresión génica diferente. El primer conjunto corresponde a valores de expresión en forma de conteos crudos de secuencias cortas alineadas a la base de datos SUCEST. Los conjuntos restantes se generaron mediante la normalización de los conteos crudos usando tres métodos distintos: (1) RPKM [5], (2) TPM (*Transcripts Per Million*) [6], y (3) la Transformación de Estabilización de la Varianza o Transformación de Estabilización de la Varianza (VST del inglés *Variance-Statbilizing Transformation*) de la implementación del paquete de R/Bioconductor DESeq [7].

Para la condición de DH, cada uno de los cuatro conjuntos se compone de 42 muestras provenientes de experimentos sobre las variedades CC 93-7711, SP 71-6949 (tolerantes) y MZC 74-275 (susceptible). En el caso de anegamiento, cada conjunto se conforma por 30 muestras provenientes de experimentos en las variedades CC 01-1940 (tolerante) y CC 93-4418 (susceptible). En las dos condiciones las muestras corresponden a tratamientos control, EM y ES sobre plantas de las variedades descritas. La Tabla 3.1 presenta la distribución de las muestras para cada combinación condición-variedad-tejido-tratamiento.

Tabla 3.1. Distribución de las muestras por variedad y tejido.

Condición	Variedad	Característica	No. de muestras						TOTAL	
			Hojas			Raíces				
			Control	Medio	Severo	Control	Medio	Severo		
Déficit Hídrico	CC 93-7711	Tolerante	2	2	2	4	2	2	14	
	SP 71-6949	Tolerante	2	2	2	4	2	2	14	
	MZC 74-275	Susceptible	2	2	2	4	2	2	14	
Anegamiento	CC 01-1949	Tolerante	3	2	2	4	2	2	15	
	CC 93-4418	Susceptible	3	2	2	4	2	2	15	

Cada muestra de la condición de DH contiene los valores de expresión de 5 321 genes y en el caso de anegamiento, cada una contiene los valores de expresión de 4 357 genes. Estos grupos de genes corresponden a los GED identificados en cada condición mediante el AED (Subsección 2.3.3).

### 3.2.2 Selección de tipos de valor de expresión para la construcción de las RCEG

Se evaluaron tres tipos de normalización (RPKM, TPM y VST) de los datos y se compararon con los valores de expresión de los datos sin normalizar (conteos crudos) a fin de identificar las metodologías que permitieran reducir la variación de los mismos. En las dos condiciones, para cada tipo de datos se calculó el Coeficiente de Correlación de Pearson (CCP) entre muestras de un mismo tejido (hoja y raíz), y entre todas las muestras sin distinguir tejidos.

### 3.2.3 Construcción de las redes de coexpresión de genes

La construcción de las RCEG se realizó a partir de los perfiles de expresión de los genes. Para un gen determinado, su perfil de expresión  $x$  a lo largo de  $n$  experimentos (muestras) se define como  $x = [x_1, x_2, \dots, x_n]^T$ , donde cada componente  $x_i$  representa el valor de expresión del gen medido en un experimento diferente. Las RCEG fueron construidas siguiendo el método de Análisis de Redes Ponderadas de Coexpresión de Genes o WGCNA [8] usando la implementación del paquete de R/Bioconductor llamado WGCNA [9]. Se calculó la similitud entre los perfiles de expresión mediante el valor absoluto del CCP, con lo cual se obtuvo la MATRIZ DE SIMILITUD  $S_{ij} = [s_{ij}]$ . Posteriormente la matriz de similitud fue transformada mediante una potencia  $\beta$  o UMBRAL SUAVE, en la MATRIZ DE ADYACENCIA  $A_{ij} = [a_{ij}]$ , la cual codifica la fuerza de conexión (peso) entre los nodos de la red. Así, la fuerza de conexión entre los genes  $x_i$  y  $x_j$  en  $A$ , viene dada por  $a_{ij} = |\text{corr}(x_i, x_j)|^\beta$ . El valor de umbral suave  $\beta$  fue seleccionado siguiendo el CRITERIO DE TOPOLOGÍA LIBRE DE ESCALA [8] evaluando el ajuste de las RCEG a la propiedad de independencia de escala y los valores de conectividad media para diferentes potencias  $\beta$ . Posteriormente, a partir de la matriz de adyacencia se calcularon los valores de Sobreposición Topológica (TO del inglés *Topological Overlap*). Finalmente, con los TO se creó la Matriz de Sobreposición Topológica (TOM del inglés *Topological Overlap Matrix*) la cual es la representación de la red.

### 3.2.4 Identificación y validación de módulos

Los módulos fueron identificados a partir de la TOM usando el algoritmo de agrupamiento jerárquico llamado Corte Dinámico de Árbol [10]. En cada RCEG, los módulos fueron nombrados con un color diferente (en inglés). Aquellos genes (nodos) que no pudieron ser clasificados

por el algoritmo en un módulo en particular, fueron asignados automáticamente al módulo *grey* o de descarte.

Todos los módulos detectados fueron sometidos a un proceso de validación de acuerdo a lo descrito en [3], con el objetivo de descartar una posible conformación producto de artefactos del algoritmo de agrupamiento. Para cada módulo se generaron 100 grupos con la misma cantidad de genes seleccionados aleatoriamente. Se calculó el TO promedio para cada grupo y se estableció un intervalo de confianza del 95 % de la media de los TOs calculados. Se consideraron como válidos los módulos cuyo TO promedio fue mayor que el límite superior del intervalo de confianza obtenido. A través de la validación de los módulos, se estableció un criterio para definir la utilidad de una RCEG desde el punto de vista biológico. Para tomar en cuenta una RCEG se definió como criterio que al menos el 80 % de sus módulos fueran válidos.

### 3.2.5 Anotación biológica de los módulos

Se utilizó la información de anotación con términos funcionales GO, realizada sobre los GED durante el análisis de expresión diferencial (Subsección 2.3.4). Partiendo de esta información, se ejecutó un análisis de rutas (ORA) sobre cada módulo usando el paquete de R/Bioconductor topGO [11]. Se aplicó una prueba estadística de Fisher con control de falsos positivos o *False Discovery Rate* (FDR) con probabilidad del 5 % ( $FDR < 0.05$ ). Tomando como grupo base todos los genes anotados de la referencia SUCEST y como subconjunto de interés los genes pertenecientes a cada módulo, se identificaron los términos funcionales más representativos de las tres categorías GO principales, PB, FM y CC .

## 3.3 RESULTADOS

### 3.3.1 Tipos de valor de expresión para la construcción de las redes de coexpresión de genes

Como resultado de los cálculos de correlación entre muestras, se construyeron gráficos de cajas para observar la dispersión de los CCP para cada uno de los tipos de datos. Se presentan las variaciones de los datos de expresión en cada condición separando las muestras por tejido y sin separarlas (Figura 3.1). Al analizar las variaciones en cada tipo de datos, se seleccionaron los valores VST y RPKM para la construcción de las redes (detalles en la Subsección 3.4.1).

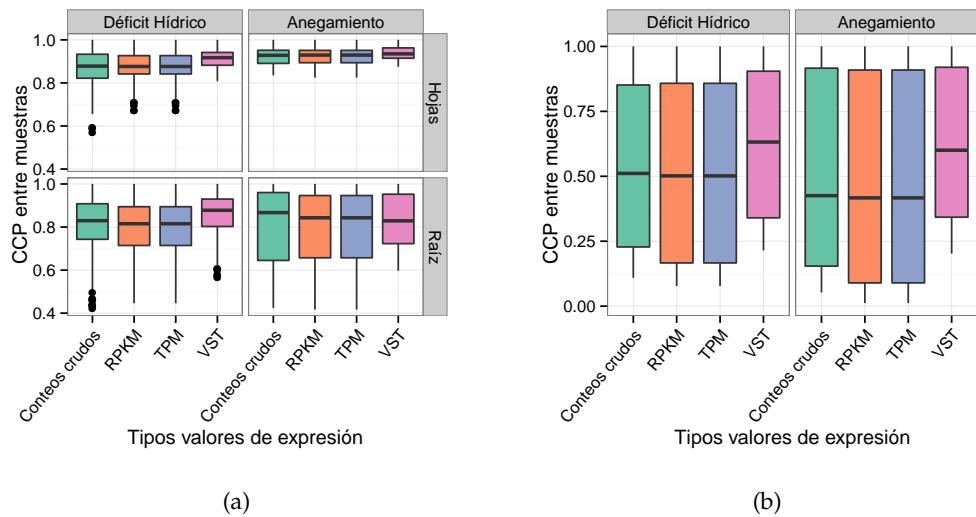


Figura 3.1. Comparación de los niveles de variación observados en los datos de expresión génica calculados a partir de datos crudos o normalizados (RPKM, VST, TPM) en cada condición (DH y anegamiento). (a) Correlación entre muestras de un mismo tejido: 18 y 24 muestras de hojas y raíces respectivamente para la condición de DH, y 14 y 16 muestras de hojas y raíces para la condición de anegamiento. (b) Correlación entre muestras sin distinguir tejidos: 42 muestras para DH y 30 para anegamiento.

### 3.3.2 Redes de coexpresión de genes

#### 3.3.2.1 Características topológicas

Mediante el método WGCNA se construyeron dos RCEG en cada condición (DH y anegamiento), una con datos RPKM y la otra con datos VST. Una de las características representativas de las redes biológicas, es la propiedad de TOPOLOGÍA LIBRE DE ESCALA O INDEPENDENCIA DE ESCALA [2]. Para el caso de las redes ponderadas, esto significa que la frecuencia de la CONECTIVIDAD ( $k$ ) de la red, definida como la suma de los pesos (fuerzas de conexión) entre nodos, sigue una distribución exponencial:  $p(k) \sim k^{-\gamma}$ . Para evaluar qué tan bien una RCEG satisface esta propiedad, se usa el cuadrado de la correlación entre  $\log(p(k))$  y  $\log(k)$ , es decir, el índice de ajuste  $R^2$  del modelo de regresión lineal entre  $\log(p(k))$  y  $\log(k)$ . De acuerdo con el criterio de topología libre de escala [8], se debe seleccionar un valor para  $\beta$  en el cual el  $R^2$  de la regresión sea cercano a 1 (en lo posible  $R^2 \geq 0.8$ ) y la pendiente sea cercana a -1. Se debe encontrar además un equilibrio entre el ajuste al modelo lineal y el número promedio de conexiones en la red (conectividad media), pues valores de  $R^2$  muy cercanos a 1, generan redes con muy pocas conexiones. Como resultado de la aplicación del criterio de topología libre de escala se seleccionaron los valores 7 y 18 para  $\beta$  en las redes de datos RPKM y VST, respectivamente, de la condición de DH, y 14 y 14 en las redes de datos RPKM y VST de la condición de anegamiento. En la Tabla 3.2 se presentan los valores obtenidos para las

propiedades de ajuste a la independencia de escala y conectividad media, de acuerdo con los valores  $\beta$  seleccionados para cada RCEG. En la Figura 3.2 se muestra gráficamente la relación de estas dos propiedades y las potencias  $\beta$ .

Tabla 3.2. Valores de ajuste al modelo de topología libre de escala y conectividad media de las RCEG construidas.

Propiedad	Déficit Hídrico		Anegamiento	
	RPKM	VST	RPKM	VST
Tamaño (# GED)	5321	5321	4357	4357
Potencia $\beta$	7	14	18	14
Ajuste $R^2$	0.72	0.84	0.73	0.94
Pendiente	-0.92	-0.95	-0.91	-0.77
Conectividad ( $k$ ) media	195.50	98.92	78.17	115.14

### 3.3.2.2 Módulos identificados

Uno de los pasos del método WGCNA de construcción de RCEG es la identificación de grupos (subredes) de genes altamente correlacionados (coexpresados), denominados MÓDULOS, con el que se logra una descomposición de las redes que simplifica su estudio y facilita la anotación biológica. Inicialmente se identificaron 19 módulos en total en las redes de datos RPKM y 18 en las redes de datos VST. Mediante un proceso de bootstrapping (descrito en la Subsección 3.2.4) fueron identificados 16 y 10 módulos válidos en las redes de datos RPKM y VST respectivamente. La Tabla 3.3 presenta los módulos identificados y validados en las RCEG construidas. Siguiendo el criterio establecido para definir una RCEG como útil desde el punto de vista biológico, se tomaron en cuenta únicamente las redes de datos RPKM para los análisis posteriores, dado que el 80 % de sus módulos fueron válidos.

Tabla 3.3. Resumen de los módulos identificados y validados en las RCEG.

Condición	Conjunto de datos	Módulos identificados	Módulos válidos	% Módulos válidos
Déficit Hídrico	RPKM	13	11	84.6
	VST	12	6	50.0
Anegamiento	RPKM	6	5	83.3
	VST	6	4	66.7

Para caracterizar la estructura de los módulos y redes, se calcularon distintas medidas topológicas [12]: la DENSIDAD (ADYACENCIA media) definida en el intervalo  $[0, 1]$  y que ayuda a medir la cohesión de una red; la CENTRALIZACIÓN, que toma valor 1 si la red tiene una topología de estrella y 0 si los nodos tienen el mismo GRADO (número de conexiones); y la HETEROGENEIDAD, que se define como el coeficiente de variación de la conectividad. Estas

## REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES

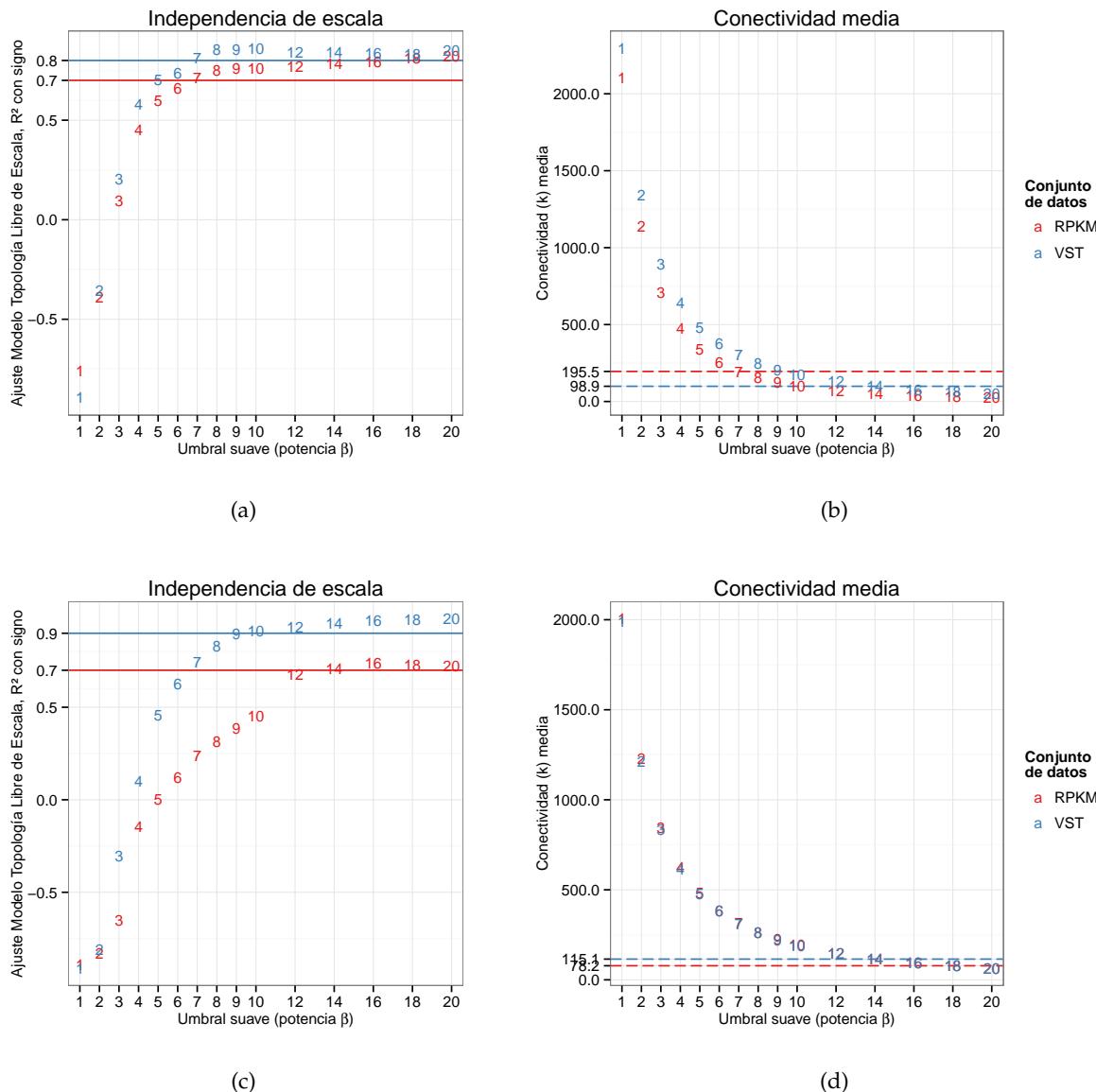


Figura 3.2. Ajuste al modelo de topología libre de escala y conectividad media, en función de las potencias  $\beta$  para las redes construidas a partir de datos RPKM (rojo) y VST (azul) en las dos condiciones de estrés hídrico. Se presenta el ajuste al modelo de topología libre de escala y la conectividad media en (a) y (b) para DH, y en (c) y (d) para anegamiento. Mediante líneas continuas, se indican los valores  $R^2$  de corte para la selección de las potencias  $\beta$  (umbral suave) y con líneas segmentadas la conectividad media lograda con las potencias  $\beta$  seleccionadas para cada red.

medidas fueron calculadas a nivel global (toda la red) y a nivel de módulo (válido) en las RCEG correspondiente a cada condición de estrés (Tabla 3.4).

Tabla 3.4. Propiedades topológicas de las RCEG y los módulos detectados.

No.	Módulo/red	Tamaño (# GED)	Densidad	Centralización	Heterogeneidad	Coeficiente de clustering medio	Conejividad ( $k$ ) media
<b>RCEG Déficit Hídrico</b>							
0	Toda la red	5321	0.04	0.84	0.16	0.16	195.50
1	<i>Black</i>	56	0.40	0.19	0.30	0.49	22.26
2	<i>Blue</i>	756	0.11	0.17	0.69	0.26	86.46
3	<i>Brown</i>	725	0.09	0.13	0.61	0.19	65.72
4	<i>Green</i>	564	0.10	0.15	0.61	0.22	58.89
5	<i>Magenta</i>	52	0.12	0.11	0.46	0.21	6.15
6	<i>Pink</i>	52	0.13	0.14	0.56	0.24	6.84
7	<i>Purple</i>	49	0.16	0.13	0.43	0.25	7.70
8	<i>Red</i>	81	0.11	0.13	0.48	0.21	8.78
9	<i>Tan</i>	33	0.12	0.18	0.73	0.27	3.93
10	<i>Turquoise</i>	2216	0.11	0.16	0.66	0.24	233.25
11	<i>Yellow</i>	660	0.12	0.17	0.72	0.28	77.16
<b>RCEG Anegamiento</b>							
0	Toda la red	4357	0.02	0.05	0.95	0.17	78.00
1	<i>Blue</i>	1400	0.06	0.15	0.94	0.22	92.00
2	<i>Brown</i>	757	0.06	0.12	0.85	0.20	42.44
3	<i>Green</i>	75	0.16	0.15	0.53	0.31	11.94
4	<i>Turquoise</i>	1700	0.05	0.11	0.80	0.18	84.00
5	<i>Yellow</i>	175	0.10	0.11	0.61	0.24	16.73

### 3.3.3 Anotación biológica de los módulos

Mediante el análisis de rutas se encontraron los términos GO más representativos en las RCEG. En la Tabla 3.5 y 3.6 se reportan los tres términos GO más representativos encontrados en la red/módulos de DHs y anegamiento. No se presentan términos para algunos de los módulos en ciertas categorías GO dado que no se encontraron términos representativos mediante el análisis estadístico. Puede consultarse listados más amplios en el Anexo B (Tabla B.1) con 10 términos GO por cada categoría.

Tabla 3.5. Términos GO más significativos de la RCEG de DH y sus módulos. Para cada término se muestran las cantidades de GED asociados: anotados son todos los GED en el conjunto base (todo SUCEST); observados son los GED del conjunto de prueba (módulo/red); esperados son los GED que se esperan por azar en un grupo del tamaño del conjunto de prueba.

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
<b>0 Toda la red</b>						
PB	<i>Response to osmotic stress</i>	817	265	134.6	1.50E-30	4.30E-27
	<i>Response to stress</i>	3856	876	635.4	1.20E-29	1.72E-26
	<i>L-phenylalanine metabolic process</i>	74	55	12.2	4.60E-28	3.30E-25
FM	<i>Oxidoreductase activity</i>	2039	523	332.9	4.30E-30	5.53E-27
	<i>Tetrapyrrole binding</i>	498	153	81.3	5.00E-16	3.22E-13

Continúa en la página siguiente

Tabla 3.5. (Continuación)

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
CC	<i>Copper ion binding</i>	346	117	56.5	7.70E-16	3.30E-13
	<i>Apoplast</i>	506	189	83.9	4.10E-30	2.05E-27
	<i>Cell periphery</i>	4141	931	686.7	6.00E-29	1.50E-26
	<i>Thylakoid</i>	542	195	89.9	1.30E-28	2.17E-26
<b>1 Black</b>						
PB	<i>Gluconeogenesis</i>	225	12	0.4	2.40E-15	3.90E-12
	<i>Hexose biosynthetic process</i>	227	12	0.4	2.70E-15	3.90E-12
	<i>Monosaccharide biosynthetic process</i>	246	12	0.4	7.00E-15	6.74E-12
FM	<i>Alcohol dehydrogenase (nad) activity</i>	22	8	0.0	9.80E-18	1.26E-14
	<i>Pyruvate decarboxylase activity</i>	14	7	0.0	7.80E-17	5.02E-14
	<i>Thiamine pyrophosphate binding</i>	24	7	0.0	7.70E-15	3.30E-12
CC	<i>Plasma membrane</i>	3503	16	5.1	5.00E-6	1.36E-3
	<i>6-phosphofructokinase complex</i>	24	3	0.0	5.40E-6	1.36E-3
	<i>Cytosol</i>	1750	11	2.5	1.70E-5	2.84E-3
<b>2 Blue</b>						
PB	<i>Photosynthesis, light harvesting</i>	40	23	1.0	3.50E-27	1.01E-23
	<i>Photosynthesis, light reaction</i>	209	39	5.1	2.90E-23	4.18E-20
	<i>Alpha-amino acid metabolic process</i>	889	78	21.9	5.50E-23	5.29E-20
FM	<i>Chlorophyll binding</i>	18	11	0.4	2.70E-14	3.47E-11
	<i>Oxidoreductase activity</i>	2039	96	47.5	1.30E-11	8.36E-9
	<i>Catechol oxidase activity</i>	10	7	0.2	4.00E-10	1.71E-7
CC	<i>Plastid</i>	5472	246	132.8	2.70E-28	1.31E-25
	<i>Photosystem i</i>	26	19	0.6	8.20E-26	1.99E-23
	<i>Plastoglobule</i>	74	26	1.8	1.20E-23	1.94E-21
<b>3 Brown</b>						
PB	<i>Rna secondary structure unwinding</i>	10	8	0.2	1.40E-12	4.04E-9
	<i>Negative regulation of molecular functio...</i>	155	17	3.2	2.40E-8	3.46E-5
	<i>Negative regulation of catalytic activit...</i>	144	15	3.0	3.20E-7	3.08E-4
FM	<i>Nucleic acid binding transcription facto...</i>	810	40	16.9	4.20E-7	2.70E-4
	<i>Sequence-specific dna binding transcript...</i>	810	40	16.9	4.20E-7	2.70E-4
	<i>Single-stranded dna binding</i>	50	9	1.0	7.90E-7	3.39E-4
CC	<i>Transcription factor complex</i>	270	40	5.6	1.30E-22	6.53E-20
	<i>Cell wall</i>	1004	44	21.0	2.90E-6	5.67E-4
	<i>External encapsulating structure</i>	1015	44	21.2	3.80E-6	5.67E-4
<b>4 Green</b>						
PB	<i>Alpha-amino acid metabolic process</i>	889	55	14.5	8.90E-18	2.57E-14
	<i>Response to acid</i>	1078	56	17.6	9.10E-15	1.31E-11
	<i>Glutamine family amino acid metabolic pr...</i>	110	19	1.8	1.60E-14	1.54E-11
FM	<i>Adenosylmethionine decarboxylase activit...</i>	8	6	0.1	4.70E-10	6.04E-7
	<i>Asparagine synthase (glutamine-hydrolyzi...</i>	17	7	0.3	4.60E-9	2.96E-6
	<i>Carboxy-lyase activity</i>	106	13	1.7	1.70E-8	7.29E-6

Continúa en la página siguiente

Tabla 3.5. (Continuación)

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
CC	<i>Cell periphery</i>	4141	108	62.2	6.10E-10	3.06E-7
	<i>Plasma membrane</i>	3503	93	52.7	7.50E-9	1.88E-6
	<i>Transcription factor complex</i>	270	19	4.1	3.00E-8	5.02E-6
<b>5 Magenta</b>						
PB	<i>Cellular response to calcium ion</i>	13	11	0.0	4.10E-29	1.18E-25
	<i>Response to heat</i>	279	20	0.6	5.60E-27	8.08E-24
	<i>Response to calcium ion</i>	20	11	0.0	8.80E-26	8.47E-23
FM	<i>Unfolded protein binding</i>	170	16	0.3	2.20E-23	2.83E-20
	<i>Protein binding</i>	2160	25	4.3	6.70E-15	4.31E-12
	<i>Atpase activator activity</i>	6	3	0.0	1.50E-7	6.43E-5
CC	<i>Apoplast</i>	506	14	1.1	1.40E-12	7.03E-10
	<i>Extracellular region</i>	765	14	1.6	3.50E-10	8.79E-8
	<i>Nucleolus</i>	707	13	1.5	1.60E-9	2.68E-7
<b>6 Pink</b>						
PB	<i>Cuticle hydrocarbon biosynthetic process</i>	6	3	0.0	7.70E-8	1.59E-4
	<i>Amylopectin biosynthetic process</i>	8	3	0.0	2.20E-7	1.59E-4
	<i>Pollen sperm cell differentiation</i>	8	3	0.0	2.20E-7	1.59E-4
FM	<i>Starch synthase activity</i>	17	3	0.0	2.30E-6	2.96E-3
	<i>Amyloplast</i>	22	3	0.0	8.70E-6	4.37E-3
<b>7 Purple</b>						
PB	<i>Cellular component organization or bioge...</i>	3703	44	9.0	7.80E-28	2.25E-24
	<i>Cellular macromolecule biosynthetic proc...</i>	4304	43	10.5	1.70E-23	2.45E-20
	<i>Macromolecule biosynthetic process</i>	4357	43	10.6	2.80E-23	2.69E-20
FM	<i>Rrna binding</i>	76	4	0.2	2.80E-5	3.60E-2
	<i>Intracellular organelle part</i>	4417	41	10.6	1.40E-20	3.68E-18
	<i>Organelle part</i>	4423	41	10.6	1.50E-20	3.68E-18
CC	<i>Cytosolic small ribosomal subunit</i>	76	12	0.2	2.20E-19	3.60E-17
<b>8 Red</b>						
PB	<i>Response to heat</i>	279	19	0.9	3.80E-20	1.10E-16
	<i>Response to high light intensity</i>	121	14	0.4	2.90E-18	4.19E-15
	<i>Response to light intensity</i>	171	14	0.6	4.20E-16	4.04E-13
FM	<i>Urea transmembrane transporter activity</i>	7	4	0.0	1.60E-9	2.06E-6
	<i>Amide transmembrane transporter activity</i>	20	4	0.1	2.20E-7	1.41E-4
	<i>Heat shock protein binding</i>	105	5	0.3	9.20E-6	3.94E-3
CC	<i>Plant-type vacuole membrane</i>	103	8	0.3	3.20E-10	1.61E-7
	<i>Sexine</i>	7	4	0.0	1.60E-9	2.68E-7
	<i>Columella</i>	7	4	0.0	1.60E-9	2.68E-7
<b>10 Turquoise</b>						
PB	<i>Small molecule metabolic process</i>	3673	412	249.1	5.10E-29	1.47E-25
	<i>Lignin metabolic process</i>	105	47	7.1	2.10E-27	3.03E-24
	<i>Sucrose metabolic process</i>	170	58	11.5	4.80E-26	4.15E-23
FM	<i>Oxidoreductase activity</i>	2039	231	140.2	4.30E-15	5.53E-12
	<i>Copper ion binding</i>	346	66	23.8	2.60E-14	1.67E-11
	<i>Cellulose synthase (udp-forming) activit...</i>	52	23	3.6	7.70E-14	3.30E-11
CC	<i>Transcription factor complex</i>	270	76	18.9	1.30E-26	6.47E-24
	<i>Cell periphery</i>	4141	425	290.3	8.00E-19	1.99E-16

Continúa en la página siguiente

Tabla 3.5. (Continuación)

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
	Nucleosome	158	44	11.1	9.20E-16	1.15E-13
<b>11 Yellow</b>						
PB	Photosynthesis	344	45	7.2	6.70E-23	1.93E-19
	Carbon utilization	76	22	1.6	1.90E-19	2.74E-16
	Response to karrikin	202	23	4.3	5.20E-11	4.55E-8
FM	Sucrose 1f-fructosyltransferase activity	6	5	0.1	2.00E-8	8.57E-6
	Fructosyltransferase activity	6	5	0.1	2.00E-8	8.57E-6
	Fructan beta-fructosidase activity	6	5	0.1	2.00E-8	8.57E-6
CC	Thylakoid	542	58	11.9	7.90E-24	3.93E-21
	Chloroplast stroma	782	67	17.1	5.60E-22	1.39E-19
	Plastid stroma	796	67	17.5	1.50E-21	2.49E-19
<b>12 Grey</b>						
FM	Omega-6 fatty acid desaturase activity	5	2	0.0	5.70E-6	7.33E-3

Tabla 3.6. Términos GO más significativos de la RCEG de anegamiento y sus módulos. Para cada término se muestran las cantidades de GED asociados: anotados son todos los GED en el conjunto base (todo SUCEST); observados son los GED del conjunto de prueba (módulo/red); esperados son los GED que se esperan por azar en un grupo del tamaño del conjunto de prueba.

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
<b>0 Toda la red</b>						
PB	L-phenylalanine metabolic process	74	53	10.3	1.70E-29	1.91E-26
	Erythrose	74	53	10.3	1.70E-29	1.91E-26
	4-phosphate/phosphoenolpyruvate...					
	Phenylpropanoid metabolic process	160	82	22.2	2.00E-29	1.91E-26
FM	Oxidoreductase activity	2039	452	280.6	6.10E-28	7.84E-25
	Structural molecule activity	668	193	91.9	2.60E-25	1.67E-22
	Structural constituent of ribosome	504	149	69.4	8.50E-21	3.64E-18
CC	Chloroplast	2945	605	415.6	1.80E-25	8.98E-23
	Ribosomal subunit	291	109	41.1	1.80E-23	3.99E-21
	Ribosome	720	202	101.6	2.40E-23	3.99E-21
<b>1 Blue</b>						
PB	Carbon utilization	76	35	3.2	3.00E-28	8.50E-25
	Serine family amino acid metabolic proce...	376	72	15.7	5.90E-28	8.50E-25
	Cellular amino acid metabolic process	1225	138	51.3	2.20E-27	2.11E-24
FM	Pyruvate decarboxylase activity	14	12	0.6	3.20E-15	4.12E-12
	Vitamin binding	65	20	2.8	1.80E-12	1.11E-9
	Thiamine pyrophosphate binding	24	13	1.0	2.60E-12	1.11E-9
CC	Transcription factor complex	270	51	11.3	8.10E-20	4.07E-17
	Protein histidine kinase complex	12	7	0.5	1.40E-7	3.51E-5
	Chromatin	236	29	9.9	2.10E-7	3.51E-5
<b>2 Brown</b>						
PB	Photosynthesis, light harvesting	40	20	1.1	1.40E-21	4.04E-18
	Carbon utilization	76	25	2.0	3.70E-21	5.34E-18

Continúa en la página siguiente

Tabla 3.6. (Continuación)

Categoría GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
FM	<i>Response to red light</i>	72	24	1.9	1.60E-20	1.54E-17
	<i>Chlorophyll binding</i>	18	10	0.4	2.10E-12	2.70E-9
	<i>Oxidoreductase activity, acting on iron-...</i>	7	5	0.2	1.60E-7	1.03E-4
	<i>Mannose-phosphate guanylyltransferase ac...</i>	9	5	0.2	8.90E-7	2.14E-4
CC	<i>Intracellular organelle part</i>	4417	234	118.7	2.10E-29	6.29E-27
	<i>Organelle part</i>	4423	234	118.8	2.60E-29	6.29E-27
	<i>Photosystem I</i>	26	21	0.7	4.10E-29	6.61E-27
<b>3 Green</b>						
PB	<i>Lipid transport</i>	173	11	0.4	3.80E-13	1.10E-9
	<i>Lipid localization</i>	247	11	0.6	1.80E-11	2.60E-8
CC	<i>Organic substance transport</i>	1715	17	4.3	3.80E-7	3.66E-4
	<i>Cytoplasmic membrane-bounded vesicle</i>	3678	27	9.7	8.00E-8	1.08E-5
	<i>Cytoplasmic vesicle</i>	3679	27	9.7	8.10E-8	1.08E-5
	<i>Membrane-bounded vesicle</i>	3689	27	9.8	8.50E-8	1.08E-5
<b>4 Turquoise</b>						
FM	<i>Stilbene metabolic process</i>	32	27	1.8	1.30E-29	1.13E-6
	<i>Stilbene biosynthetic process</i>	32	27	1.8	1.30E-29	9.62E-5
	<i>Secondary cell wall biogenesis</i>	46	30	2.6	5.80E-27	9.62E-5
	<i>Udp-glycosyltransferase activity</i>	297	60	16.8	3.20E-18	7.07E-3
CC	<i>O-methyltransferase activity</i>	45	21	2.5	5.20E-15	1.43E-2
	<i>Oxidoreductase activity</i>	2039	198	115.0	6.30E-15	1.43E-2
	<i>Cytoplasmic membrane-bounded vesicle</i>	3678	322	210.3	5.30E-17	1.87E-26
	<i>Cytoplasmic vesicle</i>	3679	322	210.3	5.50E-17	1.87E-26
	<i>Membrane-bounded vesicle</i>	3689	322	210.9	8.20E-17	5.57E-24
<b>5 Yellow</b>						
PB	<i>Macromolecule metabolic process</i>	9657	144	77.4	5.00E-30	4.12E-15
	<i>Cellular metabolic process</i>	12760	151	102.3	7.10E-21	2.70E-12
	<i>Primary metabolic proces</i>	12758	149	102.2	6.80E-19	2.70E-12
	<i>Rna binding</i>	76	14	0.6	6.30E-16	1.11E-14
FM	<i>Rna binding</i>	1266	36	9.7	5.30E-12	1.11E-14
	<i>Translation elongation factor activity</i>	69	6	0.5	1.50E-5	1.11E-14
	<i>Nucleus</i>	3876	96	31.2	1.60E-29	1.44E-26
CC	<i>Cell periphery</i>	4141	94	33.3	1.10E-25	1.02E-17
	<i>Plasma membrane</i>	3503	84	28.2	1.10E-23	6.51E-16
<b>6 Grey</b>						
PB	<i>Response to calcium ion</i>	20	6	0.1	3.90E-10	8.09E-13
	<i>Heat acclimation</i>	46	6	0.2	8.60E-8	3.40E-9
	<i>Rna secondary structure unwinding</i>	10	4	0.1	1.00E-7	6.42E-3
FM	<i>Naringenin-chalcone synthase activity</i>	8	3	0.0	5.50E-6	7.70E-27
	<i>Endopeptidase inhibitor activity</i>	43	4	0.2	4.90E-5	2.65E-23
	<i>Endopeptidase regulator activity</i>	43	4	0.2	4.90E-5	1.76E-21

### 3.3.4 Patrones de expresión en módulos

Dado que la agrupación de los nodos en módulos se basa en la similitud de los perfiles de expresión de los GED, resulta razonable pensar que se puedan encontrar patrones de expresión similares en cada uno de los módulos identificados. Buscando verificar esta idea, se construyeron gráficos del nivel de expresión media (valores RPKM) de los GED de los diferentes módulos en cada uno de los tratamientos de estrés hídrico (controles, EM y ES) a los que se sometieron las diferentes variedades de caña de azúcar (Figura 3.3 y 3.4). Estos gráficos se realizaron para cada módulo de las RCEG (incluidos los inválidos) discriminando la variedad, el tejido y la repetición. En el tejido de hojas de las dos repeticiones de DH y la repetición 1 de anegamiento, se presentan solo tres tratamientos (tres puntos en los gráficos) debido a que se usó un solo control para los dos niveles de estrés (EM y ES). En el resto de casos, se presentan cuatro tratamientos dado que cada nivel de estrés tuvo su correspondiente control (control-EM y control-ES).

### 3.3.5 GED sobresalientes en las RCEG

#### 3.3.5.1 GED importantes por sus propiedades topológicas

Dos propiedades topológicas de las RCEG importantes en el ámbito biológico son la CONECTIVIDAD ( $k$ ) y la CENTRALIDAD DE INTERMEDIACIÓN (BC del inglés *Betweenness Centrality*). Luego del análisis topológico de las redes a nivel global y de módulo, se seleccionaron los GED con más alta conectividad y centralidad de intermediación como posibles genes con un papel relevante en los procesos de estrés hídrico (Tabla 3.7).

Tabla 3.7. GED con mayor conectividad ( $k$ ) y centralidad de intermediación (BC) en los módulos identificados.

#	Módulo/red	Id GED	Descripción	BC	$k$
<b>RCEG Déficit Hídrico</b>					
1	Black	SCAGLR1021A12.g	<i>Histone h2a</i>	0.0006	23.31
		SCEQRT2027A08.g	<i>TPA: pyruvate decarboxylase3</i>	0.0006	32.44
2	Blue	SCCCLR2002G03.g	<i>Soluble inorganic pyrophosphatase chloroplastic-like</i>	0.0040	198.36
		SCBGLR1117A10.g	<i>Chaperone protein chloroplastic-like</i>	0.0026	213.22
3	Brown	SCSFFL4017G05.g	<i>Casp-like protein vit_19s0090g00570-like</i>	0.0090	162.57
4	Green	SCUTLR2008B01.g	<i>Ribosome-inactivating protein</i>	0.0093	19.50
		SCEZLB1007E09.g	<i>AMP-binding protein</i>	0.0055	142.67
5	Magenta	SCRFLR1012G11.g	<i>Prostaglandin e synthase 3</i>	0.0988	10.99
		SCMCCL6051F09.g	<i>Pre-mirna-splicing factor 18-like</i>	0.0508	11.48
6	Pink	SCEZAM2059G02.g	<i>Thioredoxin superfamily protein</i>	0.1322	11.74
		SCJLFL4100F04.g	<i>Ferredoxin-chloroplastic-like</i>	0.0704	13.89
7	Purple	SCCCRZ2002B03.g	<i>60 ribosomal protein l14</i>	0.0650	9.32
		SCEQLB1068G05.g	<i>60s acidic ribosomal protein p2a</i>	0.0553	13.47
8	Red	SCCCLR1070B06.g	<i>Phosphosulfolactate synthase-related protein</i>	0.1400	19.20
9	Tan	SCSBRZ3121B01.g	-NA-	0.2062	7.88

Tabla 3.7. (Continuación)

#	Módulo/red	Id GED	Descripción	BC	k
10	Turquoise	SCSGRZ3061F12.g	DNA binding like	0.0218	9.19
		SCCCRZ3001H05.g	RNA-binding protein	0.0029	65.00
		SCQGLR1019H07.g	Probable glucuronosyltransferase os01g0926700-like	0.0013	597.90
11	Yellow	SCBFSB1047D09.g	Protein lrp-one-related 5-like	0.0062	7.30
		SCEPSD2007G09.g	Plastidal glycolate glycerate translocator	0.0027	190.87
			chloroplastic-like		
<b>RCEG anegamiento</b>					
1	Blue	SCCCCL3140A07.g	Cytochrome p450 superfamily protein	0.0107	170.20
		SCCCCL3001B07.b	Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like	0.0015	304.18
2	Brown	SCEZRZ1014D04.g	PGR5-like protein chloroplastic-like	0.0094	85.88
		SCCCRZ3001D04.g	Triose phosphate phosphate translocator	0.0065	135.24
3	Green	SCCCCL3003D06.b	Importin alpha-1 subunit family protein	0.0359	6.29
		SCCCRT1001G11.g	LTP1	0.0124	22.56
4	Turquoise	SCSGAM2075F04.g	Glycosyltransferase-like domain-containing protein 2-like	0.0160	190.09
		SCEPSB1127F11.g	Probable glucuronosyltransferase os03g0287800-like	0.0023	270.18
		SCJLLR2020B12.g	60s ribosomal protein l44	0.0166	9.10
5	Yellow	SCCCLR1024D10.g	40s ribosomal protein s13	0.0164	35.92

### 3.3.5.2 GED sin información biológica

En cada módulo de las RCEG se identificaron los GED para los cuales no se obtuvo información mediante la anotación, es decir, para los cuales no se encontraron secuencias similares en otras especies que permitieran dilucidar su función biológica. Dentro de los 6 963 GED identificados bajo condiciones de DH y anegamiento, existen en total 604 sin información funcional. Se presenta la distribución de estos GED entre condiciones en la Figura 3.5, y en cada módulo en la Tabla 3.8.

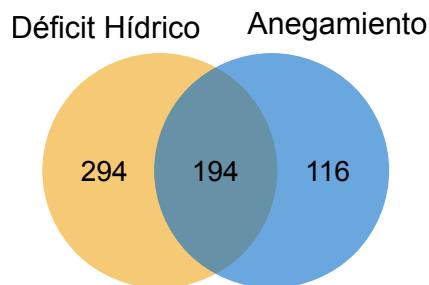


Figura 3.5. Distribución de los GED sin información biológica entre las condiciones de DH y anegamiento.

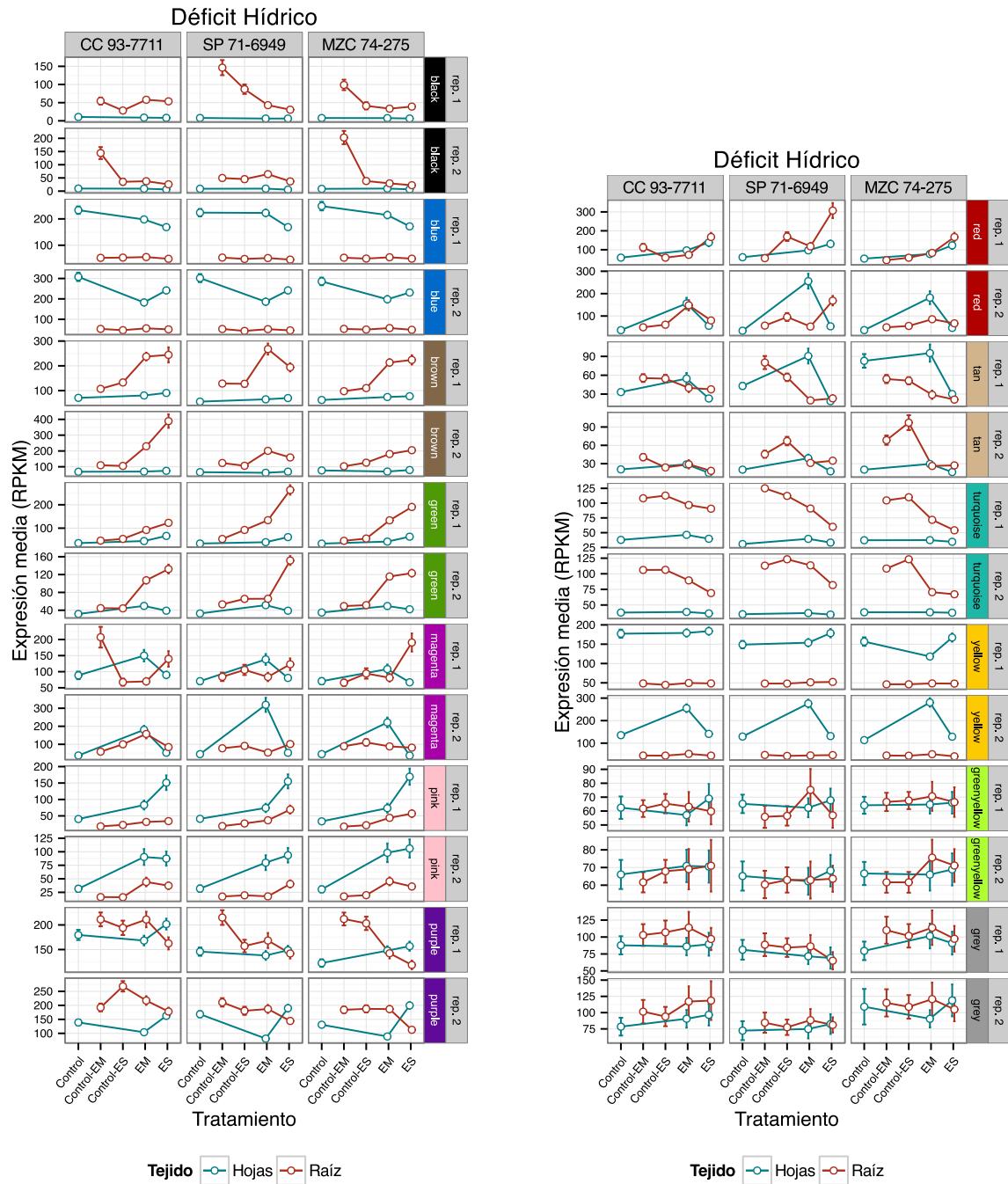


Figura 3.3. Patrones de expresión media en los módulos de la RCEG de DH. (a) Primeros siete módulos: *black*, *blue*, *brown*, *green*, *magenta*, *pink* y *purple*. (b) Últimos seis módulos: *red*, *tan*, *turquoise*, *yellow*, *greenyellow* y *grey*.

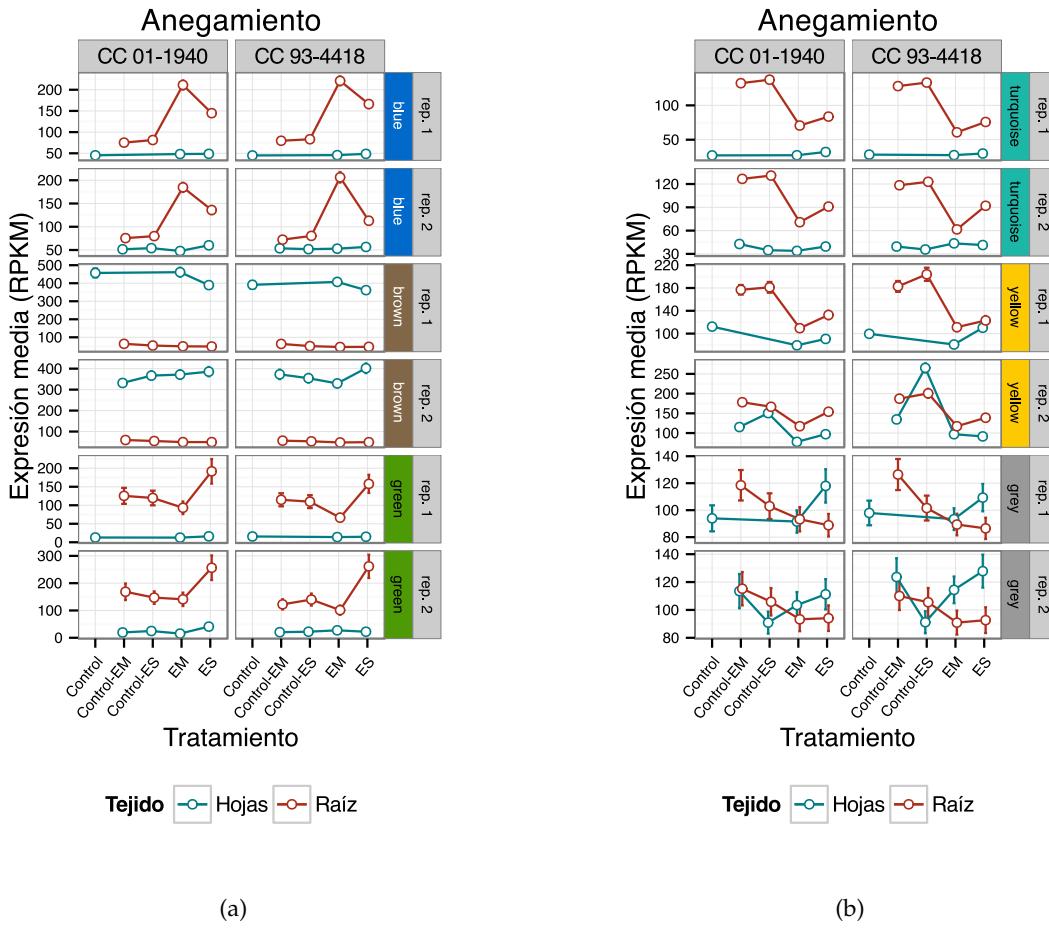


Figura 3.4. Patrones de expresión media en los módulos de la RCEG de anegamiento. (a) Primeros tres módulos: *blue*, *brown*, *green*. (b) Últimos tres módulos: *turquoise*, *yellow* y *grey*.

Tabla 3.8. Número de GED sin información biológica presentes en los módulos de las RCEG de DH y anegamiento.

Módulo	# GED	
	Déficit Hídrico	Anegamiento
<i>Black</i>	2	-
<i>Blue</i>	80	128
<i>Brown</i>	98	34
<i>Green</i>	70	10
<i>Greenyellow</i>	2	-
<i>Grey</i>	8	14
<i>Magenta</i>	1	-
<i>Pink</i>	3	-
<i>Purple</i>	2	-
<i>Red</i>	3	-
<i>Tan</i>	3	-
<i>Turquoise</i>	175	118
<i>Yellow</i>	41	6
Total	488	310

El guion (-) indica que el módulo no existe en esa RCEG.

### 3.4 DISCUSIÓN

#### 3.4.1 Valores de expresión para la construcción de las RCEG

Al comparar las distribuciones de las correlaciones entre muestras (Figura 3.1), puede observarse que se logra una menor dispersión de los datos en todos los casos (separando tejidos y sin separarlos) con los valores **VST**. Las distribuciones de los datos **RPKM** y **TPM** resultan prácticamente iguales en todos los grupos. Separando los tejidos (Figura 3.1.a), las muestras de hoja son más parecidas entre sí en comparación a las de raíz. En las muestras de hojas de anegamiento prácticamente no se distingue el efecto de las normalizaciones, lo que demuestra que son las muestras más homogéneas del conjunto de datos. Al unir los tejidos (Figura 3.1.b) las dispersiones aumentan por el efecto combinado de las muestras menos parecidas (raíz). De acuerdo con los resultados se seleccionaron los datos **VST** y **RPKM** para construir las redes, descartando la normalización **TPM** dado que no ofreció ninguna ventaja en la homogeneidad de las muestras frente a los valores **RPKM**.

#### 3.4.2 Redes de coexpresión de genes

La construcción de las **RCEG** unificando los datos de expresión sin separar el tejido y la variedad, permitió un enfoque sistémico del comportamiento de los genes, es decir que se analizan las relaciones entre los perfiles de expresión a nivel general y no específicamente por variedad y tejido. Cabe destacar que las redes construidas exhibieron la propiedad de escala libre, la cual caracteriza a muchas de las redes complejas de origen biológico. Esto se confirmó mediante los valores de ajuste  $R^2$  logrados con los valores  $\beta$  seleccionados durante la construcción de las redes (Tabla 3.2).

Durante la construcción de las redes e identificación de módulos, se pudo observar un hecho interesante sobre los conjuntos de datos. Los datos **VST** dieron como resultado muestras más homogéneas en la evaluación de las normalizaciones (Figura 3.1) pero no se logró con ellos una buena conformación de módulos válidos (Tabla 3.3). Es interesante ver que la mayor homogeneidad de las muestras obtenida con los datos **VST**, concuerda con lo observado en el estudio de Giorgi et al. [4] en donde estos valores fueron más semejantes en cuanto a su distribución a los datos de expresión de microarreglos por lo cual fueron seleccionados para la construcción de las **RCEG**. No obstante en esta parte del trabajo, yendo más allá de la construcción de las **RCEG**, al identificar y validar los módulos los datos **VST** no llevaron a un número mayor de módulos válidos en comparación con los datos **RPKM**. Aunque los dos métodos (**VST** y **RPKM**) están pensados para poder realizar comparaciones entre muestras para expresión diferencial, puede ser que la normalización **RPKM** conserve mejor la naturaleza de los datos y esto derive en una mejor conformación de los módulos. Sin embargo, valdría la

pena adelantar experimentos para caracterizar mejor los dos tipos de datos en relación a la construcción de las RCEG y la identificación de módulos, para sacar conclusiones definitivas respecto del más conveniente.

Por otra parte, la construcción de los módulos permitió establecer además relaciones de tipo funcional. Mediante el análisis de rutas se identificaron las funcionalidades principales de los módulos, aportando información importante para dirigir la atención hacia los grupos de genes que puedan tener más intervención en los procesos de estrés hídrico, como por ejemplo los pertenecientes a módulos relacionados con la fotosíntesis (*blue* y *yellow* en DH; *brown* en anegamiento). La caracterización funcional de los módulos también cobra importancia desde el punto de vista de los GED sin información biológica (Tabla 3.8). Estos GED sin caracterizar son importantes pues podrían tratarse de genes específicos de caña de azúcar. Una estrategia para caracterizar este tipo de genes consiste en seguir el principio de CULPABILIDAD POR ASOCIACIÓN (GBA del inglés *Guilt by Association*), que se basa en el hecho de que los genes que intervienen en un proceso biológico tienden a estar coexpresados [13, 14]. De esta manera se puede tener una idea de la funcionalidad de los GED sin caracterizar, usando la información biológica de los módulos a los que pertenecen. Usando los términos GOs representativos de los módulos (Tabla 3.5 y 3.6) puede establecerse una posible funcionalidad para la gran mayoría de los GED sin información (95 %), exceptuando aquellos que pertenecen a módulos no válidos (13 en DH, módulos *greenyellow*, *grey* y *tan*; 14 en anegamiento, módulo *grey*).

Los patrones de expresión identificados permitieron hacer observaciones importantes acerca de la homogeneidad de los datos de expresión en los módulos. En el caso de los patrones de la RCEG de DH, aunque se observa una mayor dispersión de los datos (las barras de error son mas grandes) en algunos de los tratamientos de los módulos *black*, *brown*, *magenta*, *pink*, *purple* y *red*, esta no es tan marcada como en los módulos *greenyellow* y *grey* (últimos en la Figura 3.3.b) en los que se observa dispersión en todos los tratamientos y repeticiones de las tres variedades. Este hecho es interesante dado que estos dos módulos no pasaron la prueba de validación. En el módulo *grey*, las grandes dispersiones estarían corroborando el origen del módulo, dado que aquí se reúnen todos los GED cuyos perfiles de expresión son bastante distintos para no ser asignados por el algoritmo de agrupación a otros módulos. Esto sugiere que las grandes dispersiones en el módulo *greenyellow* son indicación de una diferencia entre los perfiles de expresión de los GED que lo componen, sin embargo no tan grande como para ser descartados en el módulo *grey* pero aún suficiente para que el módulo no pase la prueba de validación que desestima agrupamientos cuya conformación podría lograrse por azar. Una situación similar se encuentra en los patrones de los módulos de la condición de anegamiento, en donde las dispersiones en los datos de expresión se presentan en una mayor proporción en el módulo *grey* (último en la Figura 3.4.b), único módulo no válido en donde se reúnen los GED no asignados a otros módulos. La menor dispersión observada en los demás módulos (válidos) sugiere una mayor homogeneidad de los perfiles de expresión de los GED que conforman cada grupo.

Otro hecho de resaltar en los patrones de expresión, es que se visualiza muy bien la actividad de la expresión en los grupos de acuerdo con los tejidos. Por ejemplo, en los módulos *blue* y *yellow* de la RCEG de DH y en el módulo *brown* de anegamiento, puede verse una actividad muy superior en la expresión en las hojas comparado con la raíz. Al revisar la anotación funcional de estos módulos, puede verse que este comportamiento está perfectamente explicado por el hecho que estos módulos reúnen genes que están involucrados con el proceso de la fotosíntesis (Tabla 3.5 y 3.6) el cual se lleva a cabo en las hojas.

### 3.4.3 Genes importantes en las RCEG por sus propiedades topológicas

La conectividad y la centralidad de intermediación son dos propiedades topológicas de las redes que tienen importancia en el ámbito biológico. La conectividad permite identificar nodos altamente conectados llamados *hubs*, mientras que la centralidad de intermediación permite detectar los nodos que actúan como cuellos de botella (*bottlenecks*) en una red. Se ha observado que estos dos tipos de nodos son importantes pues tienden a ser esenciales en los procesos biológicos en donde participan (revisado en [15]). Mediante el análisis topológico se logró identificar un grupo de genes importantes por su alta conectividad y centralidad de intermediación (Tabla 3.7). Existen estudios sobre homólogos de algunos de estos GED que mencionan su participación en procesos relacionados con el estrés hídrico y en un caso específico con la tolerancia a DH.

En el caso de DH, se sabe que existe un vínculo fuerte entre esta condición y el estrés oxidativo, en el que las reacciones de reducción-oxidación (*redox*) juegan un papel importante [16]. Se ha observado que las thiredoxinas se activan durante el estrés oxidativo en *Arabidopsis* [17] y en papa, en donde este estrés fue causado mediante déficit hídrico [18]. Las ferredoxinas, también involucradas en la oxidación-reducción, han sido inducidas en caña de azúcar bajo estrés por DH [19]. Recientemente una solicitud de patente (EEUU) [20] de un constructo de ADN recombinante que confiere tolerancia a DH en plantas, codifica para una ferredoxina. Genes del tipo *Phosphosulfolactate synthase*, han sido reportados en *Arabidopsis* como necesarios para la tolerancia a estrés por alta temperatura, el cual está muy relacionado con el DH. Las proteínas flavonoides, como la *Glucorunosyltransferase*, son afectadas por el estrés por DH. En tabaco se ha reportado un gen que confiere tolerancia a estrés por DH el cual afecta en gran medida la biosíntesis de estas proteínas [21]. En el caso del estrés por anegamiento, menos estudiado que el DH, solo se encontraron dos reportes que vinculan a dos de los GED sobresalientes por conectividad y BC, con procesos relacionados con esta condición. Proteínas del tipo *Cytochrome p450* son moduladas por genes del tipo *Ethylene Responsive Factor* (ERF) [22], los cuales se ha visto como estrechamente relacionados con la tolerancia a la inundación en arroz [23]. La enzima *Chalcone synthase* está relacionada con la respuesta a estrés oxidativo (revisado en [24]), el cual puede ser debido a bajos niveles de oxígeno [25] como los causados

por el anegamiento. Esta proteína es fundamental en la síntesis de flavonoides, los cuales son antioxidantes que colaboran con los mecanismos de respuesta a estreses abióticos, e incluso se ha visto que la disminución de su concentración en plantas mutantes de *Arabidopsis* las vuelve hipersensibles al estrés por luz ultravioleta (revisado en [26]).

Resulta muy interesante que dos de los genes (homólogos) del grupo **GED** sobresalientes por características topológicas, han sido también *hubs* altamente conectados en un estudio de redes de coexpresión de genes. Lorenz et al. [27] usaron el enfoque **WGCNA** para estudiar la respuesta al estrés por **DH** en pino taeda y encontrar elementos clave en la tolerancia a esta condición. Una thioredoxina y una glucosyltransferasa han sido reportadas en dicho trabajo entre los *hubs* que podrían ser importantes en la mediación del estrés por **DH**. Si bien no se encuentra información sobre todos los **GED** con alta conectividad y/o **BC**, los reportes mencionados anteriormente demuestran una posible conexión entre la relevancia topológica de los **GED** y su importancia en los procesos de estrés hídrico. Teniendo esto en cuenta, aquellos **GED** sobre los cuales no existe información relacionada con los procesos de estrés hídrico, podrían tener un papel importante pero sin ser aún caracterizado. Solamente la experimentación en laboratorio podría corroborar la posible relevancia de estos genes en los procesos biológicos de interés aquí señalados.

### 3.5 REFERENCIAS

- [1] F. G. Vital-Lopez, V. Memišević y B. Dutta, “Tutorial on biological networks”, *Wiley Interdisciplinary Reviews: Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 2, n.º 4, págs. 298-325, jul. de 2012 (vid. pág. 50).
- [2] A.-L. Barabási y Z. N. Oltvai, “Network biology: understanding the cell’s functional organization.”, en, *Nature reviews. Genetics*, vol. 5, n.º 2, págs. 101-13, feb. de 2004 (vid. págs. 50, 54).
- [3] O. D. Iancu, S. Kawane, D. Bottomly et al., “Utilizing RNA-Seq data for de novo coexpression network inference.”, *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 28, n.º 12, págs. 1592-7, jun. de 2012 (vid. págs. 50, 53).
- [4] F. M. Giorgi, C. Del Fabbro y F. Licausi, “Comparative study of RNA-seq- and microarray-derived coexpression networks in *Arabidopsis thaliana*.”, *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 29, n.º 6, págs. 717-24, mar. de 2013 (vid. págs. 50, 66).
- [5] A. Mortazavi, B. A. Williams, K. McCue et al., “Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq.”, *Nature methods*, vol. 5, n.º 7, págs. 621-8, jul. de 2008 (vid. pág. 51).

- [6] G. P. Wagner, K. Kin y V. J. Lynch, "Measurement of mRNA abundance using RNA-seq data: RPKM measure is inconsistent among samples.", *Theory in biosciences = Theorie in den Biowissenschaften*, vol. 131, n.º 4, págs. 281-5, ago. de 2012 (vid. pág. 51).
- [7] S. Anders y W. Huber, "Differential expression analysis for sequence count data.", *Genome biology*, vol. 11, n.º 10, R106, ene. de 2010 (vid. pág. 51).
- [8] B. Zhang y S. Horvath, "A general framework for weighted gene co-expression network analysis.", *Statistical applications in genetics and molecular biology*, vol. 4, Article17, ene. de 2005 (vid. págs. 52, 54).
- [9] P. Langfelder y S. Horvath, "WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis.", *BMC bioinformatics*, vol. 9, n.º 1, pág. 559, ene. de 2008 (vid. pág. 52).
- [10] P. Langfelder, B. Zhang y S. Horvath, "Defining clusters from a hierarchical cluster tree: the Dynamic Tree Cut package for R.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 24, n.º 5, págs. 719-20, mar. de 2008 (vid. pág. 52).
- [11] A. Alexa y J. Rahnenfuhrer, *topGO: Enrichment analysis for Gene Ontology*, 2010. Dirección: <http://www.bioconductor.org/packages/2.11/bioc/html/topGO.html> (vid. pág. 53).
- [12] S. Horvath y J. Dong, "Geometric interpretation of gene coexpression network analysis", *PLoS Computational Biology*, vol. 4, 2008 (vid. pág. 55).
- [13] M. B. Eisen, P. T. Spellman, P. O. Brown et al., "Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 95, n.º 25, págs. 14 863-14 868, dic. de 1998 (vid. pág. 67).
- [14] C. J. Wolfe, I. S. Kohane y A. J. Butte, "Systematic survey reveals general applicability of "guilt-by-association"within gene coexpression networks.", *BMC bioinformatics*, vol. 6, n.º 1, pág. 227, ene. de 2005 (vid. pág. 67).
- [15] E. Prifti, J.-D. Zucker, K. Clément et al., "Interactional and functional centrality in transcriptional co-expression networks.", *Bioinformatics (Oxford, England)*, vol. 26, n.º 24, págs. 3083-9, dic. de 2010 (vid. pág. 68).
- [16] M. Hajheidari, A. Eivazi, B. B. Buchanan et al., "Proteomics uncovers a role for redox in drought tolerance in wheat.", *Journal of proteome research*, vol. 6, n.º 4, págs. 1451-60, abr. de 2007 (vid. pág. 68).
- [17] Y. Meyer, J. P. Reichheld y F. Vignols, "Thioredoxins in Arabidopsis and other plants.", *Photosynthesis research*, vol. 86, n.º 3, págs. 419-33, dic. de 2005 (vid. pág. 68).
- [18] M. Broin, S. Cuiné, G. Peltier et al., "Involvement of CDSP 32, a drought-induced thioredoxin, in the response to oxidative stress in potato plants", *FEBS Letters*, vol. 467, n.º 2-3, págs. 245-248, feb. de 2000 (vid. pág. 68).

- [19] N. Jangpromma, S. Kitthaisong, K. Lomthaisong et al., "A Proteomics Analysis of Drought Stress-Responsive Proteins as Biomarker for Drought-Tolerant Sugarcane Cultivars", 2010 (vid. pág. 68).
- [20] S. M. Allen, L. Stanley, M. Jeffrey et al., *DROUGHT TOLERANT PLANTS AND RELATED CONSTRUCTS AND METHODS INVOLVING GENES ENCODING FERREDOXIN FAMILY PROTEINS*, 2014. Dirección: <http://www.freepatentsonline.com/y2014/0245497.html> (vid. pág. 68).
- [21] Y. Yuan, L. Qi, J. Yang et al., "A *Scutellaria baicalensis* R<sub>2</sub>R<sub>3</sub>-MYB gene, SbMYB8, regulates flavonoid biosynthesis and improves drought stress tolerance in transgenic tobacco", *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, oct. de 2014 (vid. pág. 68).
- [22] C.-Y. Yang, F.-C. Hsu, J.-P. Li et al., "The AP2/ERF transcription factor AtERF73/HRE1 modulates ethylene responses during hypoxia in *Arabidopsis*.", *Plant physiology*, vol. 156, n.<sup>o</sup> 1, págs. 202-12, mayo de 2011 (vid. pág. 68).
- [23] K.-H. Jung, Y.-S. Seo, H. Walia et al., "The submergence tolerance regulator Sub1A mediates stress-responsive expression of AP2/ERF transcription factors.", *Plant physiology*, vol. 152, n.<sup>o</sup> 3, págs. 1674-92, mar. de 2010 (vid. pág. 68).
- [24] I. Couée, C. Sulmon, G. Gouesbet et al., "Involvement of soluble sugars in reactive oxygen species balance and responses to oxidative stress in plants.", *Journal of experimental botany*, vol. 57, n.<sup>o</sup> 3, págs. 449-59, ene. de 2006 (vid. pág. 68).
- [25] O. BLOKHINA, "Antioxidants, Oxidative Damage and Oxygen Deprivation Stress: a Review", *Annals of Botany*, vol. 91, n.<sup>o</sup> 2, págs. 179-194, ene. de 2003 (vid. pág. 68).
- [26] B. Winkel-Shirley, "Biosynthesis of flavonoids and effects of stress", *Current Opinion in Plant Biology*, vol. 5, págs. 218-223, 2002 (vid. pág. 69).
- [27] W. W. Lorenz, R. Alba, Y.-S. Yu et al., "Microarray analysis and scale-free gene networks identify candidate regulators in drought-stressed roots of loblolly pine (*P. taeda* L.)", *BMC genomics*, vol. 12, n.<sup>o</sup> 1, pág. 264, ene. de 2011 (vid. pág. 69).



## PRIORIZACIÓN DE GENES EXPRESADOS DIFERENCIALMENTE

---

### RESUMEN

La selección de genes relevantes para una condición o característica usando datos de expresión, trae consigo el reto de la alta dimensionalidad representado en información de miles de genes provenientes de muy pocos experimentos. Esto concuerda con el problema de **SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS**, el cual ha sido abordado con técnicas de aprendizaje de máquina que permiten procesar grandes cantidades de datos de perfiles de expresión génica obtenidos mediante tecnologías como los microarreglos de **ADN** y **RNA-Seq**. Recientemente en **Cenicaña**, usando datos **RNA-Seq** para el estudio de la expresión génica bajo condiciones de estrés hídrico en caña de azúcar, se han identificado unos 6 000 **GED** activados bajo estrés por déficit hídrico y anegamiento. Aunque estos **GED** representan una pequeña parte de los genes iniciales ( $\sim 13\%$ ) son demasiados para ser usados de manera práctica en estudios agronómicos. La situación plantea al necesidad de seleccionar un grupo reducido de genes relevantes en la tolerancia al estrés hídrico en caña de azúcar en la que no prevalezcan los niveles extremos de expresión y que además supere el problema de la alta dimensionalidad de los datos. Para abordar el problema en este trabajo se aplicó la técnica de aprendizaje de máquina denominada Máquinas de Soporte Vectorial con Eliminación Recursiva de Características (**SVM-RFE** del inglés *Support Vector Machines Recursive Feature Elimination*) para realizar una priorización de los **GED** identificados de acuerdo con su utilidad para diferenciar los datos de expresión entre condiciones control y de estrés hídrico (**DH** o anegamiento). Para la aplicación de la técnica, se desarrolló un proceso de adaptación para el uso de datos **RNA-Seq** que incluyó la selección del tipo adecuado de valores de expresión y su transformación más apropiada, y la determinación de la estabilidad del proceso de priorización. La técnica adaptada se aplicó sobre 4 545 y 3 750 **GED** en las condiciones de **DH** y anegamiento, respectivamente, tanto en las variedades tolerantes como las susceptibles. Como resultado, se obtuvieron 4 cuatro listados de **GED** priorizados en los cuales las primeras posiciones indican genes que podrían tener relevancia en los procesos de estrés por **DH** y anegamiento. Finalmente, entre los **GED** ubicados en los primeros 15 lugares de las priorizaciones de variedades tolerantes de **DH** y anegamiento, se encontraron 4 genes en cada condición los cuales han sido reportados en la literatura como altamente relacionados con la respuesta, y en algunos casos con la tolerancia, a estrés por **DH** y anegamiento, lo cual estaría corroborando la relevancia de estos **GED** en los procesos relacionados con el estrés hídrico en caña de azúcar.

#### 4.1 INTRODUCCIÓN

La selección de genes a partir de datos de expresión puede verse como un problema de **SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS** del campo de las ciencias de la computación. Dado un conjunto de datos conformado por muchas variables llamadas características, el problema básicamente consiste en la selección de un subconjunto de variables relevantes en un determinado contexto, dejando por fuera las redundantes o irrelevantes. En el contexto biológico de la selección de genes a partir de expresión, se tiene generalmente un conjunto de datos que representan los perfiles de expresión de muchos genes, y a partir de este, se desea seleccionar el subconjunto de genes que permita caracterizar bien un proceso biológico (p. ej. una enfermedad o la respuesta a un tratamiento), dejando de un lado los genes irrelevantes o poco relacionados. El reto en este tipo de problemas es la alta dimensionalidad y pocas muestras, pues comúnmente se tienen datos de miles de genes provenientes de muy pocos experimentos. Este problema ha sido abordado con distintas técnicas de aprendizaje de máquina, entre las que se pueden mencionar los árboles de decisión, *k*-vecinos más cercanos y Máquinas de Soporte Vectorial (**SVM** del inglés *Support Vector Machines*). Mediante estas técnicas se procesan datos de expresión generalmente provenientes de microarreglos de **ADN**, los cuales proveen perfiles de expresión de decenas de miles de genes en unas pocas decenas de muestras. Como alternativa a los microarreglos, recientemente la tecnología de secuenciación de segunda generación **RNA-Seq** ha emergido como nueva fuente de información de expresión con grandes ventajas debido a la gran cantidad y calidad de la información producida. Sin embargo, en el contexto de la selección de genes, presenta los mismos retos de dimensionalidad la cual puede ser aún mayor que en los microarreglos.

Utilizando esta nueva tecnología de secuenciación, en **Cenicaña** se han adelantado estudios para analizar la expresión génica en plantas de caña de azúcar bajo condiciones de estrés hídrico. A partir de datos de expresión **RNA-Seq** se lograron identificar genes expresados diferencialmente bajo condiciones de estrés por **DH** y anegamiento en caña de azúcar (**Capítulo 2**). De un total de 43 141 genes, se identificaron 5 920 que mostraron diferencias de expresión entre tratamientos control y de estrés por **DH** y anegamiento. Aunque estos **GED** identificados representan una pequeña parte de los genes iniciales, sigue siendo un número extremadamente grande para estudios agronómicos. Lo anterior ha llevado a la búsqueda de alternativas de análisis de los datos de expresión para reducir aún más el universo de genes al identificar un conjunto pequeño de **GED** con mayores posibilidades de ser relevantes en los procesos biológicos relacionados con el estrés hídrico. Claramente las particularidades de la situación coinciden con el problema de selección de características, el cual puede ser abordado mediante técnicas de aprendizaje de máquina.

Además de seleccionar los **GED** relevantes en los procesos relacionados con estrés hídrico, se requiere que esta selección se realice de una manera en la cual no prevalezcan los niveles de expresión altos o bajos, sino que se tenga en cuenta los patrones de expresión a lo largo de

todos los experimentos. En este sentido, el algoritmo de aprendizaje de máquina denominado Máquinas de Soporte Vectorial con Eliminación Recursiva de Características o **SVM-RFE** es aplicable en estos casos. Usando perfiles de expresión, detecta patrones que le permiten priorizar los genes de acuerdo con su relevancia en el proceso de clasificación de los datos en clases. Este procedimiento ha sido aplicado para seleccionar genes relacionados con cáncer en humanos [1] y más recientemente en plantas, para seleccionar genes relevantes en la resistencia a enfermedades [2] y tolerancia al estrés por sal [3] en arroz y tolerancia al estrés por **DH** en *A. thaliana* [4]. Es importante mencionar que en estos estudios la técnica ha sido aplicada utilizando información de expresión obtenida de microarreglos de **ADN** y hasta el momento no se tienen referencias de su aplicación usando datos de **RNA-Seq**.

Teniendo en cuenta las posibilidades de las técnicas de aprendizaje de máquina para el análisis de datos altamente dimensionales, en este estudio se aplicó el procedimiento **SVM-RFE** para el análisis de los datos **RNA-Seq**, debido a su mayor robustez y efectividad comparadas con otros algoritmos [1]. En este capítulo se presenta la aplicación del método **SVM-RFE** para la priorización de genes a partir de información de expresión, con el objetivo de identificar un grupo pequeño de genes relevantes en la tolerancia a estrés hídrico por **DH** y anegamiento en caña de azúcar. Adicionalmente se presenta el proceso de implementación y adaptación de esta técnica de aprendizaje de máquina para ser usada con datos de expresión **RNA-Seq**. Este es el último de los tres enfoques bioinformáticos de análisis de datos **RNA-Seq** que conforman el modelo presentado en este estudio para asistir la selección de genes candidatos con potencial para conferir tolerancia al estrés hídrico en caña de azúcar. Con los resultados obtenidos, se busca aportar información relevante sobre el papel de los genes expresados diferencialmente durante **DH** y anegamiento, para complementar la selección de genes candidatos basada principalmente en niveles de expresión y anotación funcional.

## 4.2 MATERIALES Y MÉTODOS

### 4.2.1 Selección de datos y preprocessamiento

Los datos utilizados constan de conteos crudos obtenidos del alineamiento de librerías **RNA-Seq** contra la bases de datos **SUCEST** durante el **AED** ([Capítulo 2](#)). El conjunto de datos completo está conformado por muestras provenientes de plantas sometidas a tratamientos control, **EM** y **ES** en las condiciones de **DH** y anegamiento. En la condición de **DH** se tienen 14 muestras de cada una de las variedades tolerantes (CC 93-7711 y SP 71-6949) y susceptible (MZC 74-275) para un total de 42. En la condición de anegamiento se tienen 30 muestras en total, 15 para la variedad tolerante (CC 01-1940) y 15 para la susceptible (CC 93-4418). La [Tabla 4.1](#) y [4.2](#) proveen la descripción detallada de las muestras de la condición de **DH** y anegamiento respectivamente, especificando en la última columna la etiqueta de clase para

el proceso de priorización que corresponde a 1 para muestra control y -1 para muestra de estrés.

A partir de los conteos crudos se estimaron los niveles de expresión génica mediante dos métodos distintos: **RPKM** [5] y la Transformación de Estabilización de la Varianza o **VST**, existente en la implementación del paquete de R/Bioconductor **DESeq** [6].

Tabla 4.1. Muestras de la condición de DH.

No.	Variedad	Tejido	Tratamiento	Repetición	Clase
<b>Tolerante</b>					
1	CC 93-7711	Hoja	Control	1	1
2			Estrés Medio	1	-1
3			Estrés Severo	1	-1
4			Control	2	1
5			Estrés Medio	2	-1
6			Estrés Severo	2	-1
7		Raíz	Control Estrés Medio	1	1
8			Estrés Medio	1	-1
9			Control Estrés Severo	1	1
10			Estrés Severo	1	-1
11			Control Estrés Medio	2	1
12			Estrés Medio	2	-1
13			Control Estrés Severo	2	1
14			Estrés Severo	2	-1
15	SP 71-6949	Hoja	Control	1	1
16			Estrés Medio	1	-1
17			Estrés Severo	1	-1
18			Control	2	1
19			Estrés Medio	2	-1
20			Estrés Severo	2	-1
21		Raíz	Control Estrés Medio	1	1
22			Estrés Medio	1	-1
23			Control Estrés Severo	1	1
24			Estrés Severo	1	-1
25			Control Estrés Medio	2	1
26			Estrés Medio	2	-1
27			Control Estrés Severo	2	1
28			Estrés Severo	2	-1
<b>Susceptible</b>					
29	MZC 74-275	Hoja	Control	1	1
30			Estrés Medio	1	-1
31			Estrés Severo	1	-1
32			Control	2	1
33			Estrés Medio	2	-1
34			Estrés Severo	2	-1
35		Raíz	Control Estrés Medio	1	1
36			Estrés Medio	1	-1
37			Control Estrés Severo	1	1
38			Estrés Severo	1	-1
39			Control Estrés Medio	2	1
40			Estrés Medio	2	-1
41			Control Estrés Severo	2	1
42			Estrés Severo	2	-1

Tabla 4.2. Muestras de la condición de anegamiento.

No.	Variedad	Tejido	Tratamiento	Repetición	Clase
<b>Tolerante</b>					
1	CC 01-1940	Hoja	Control	1	1
2			Estrés Medio	1	-1
3			Estrés Severo	1	-1
4			Control Estrés Medio	2	1
5			Estrés Medio	2	-1
6			Control Estrés Severo	2	1
7			Estrés Severo	2	-1
8		Raíz	Control Estrés Medio	1	1
9			Estrés Medio	1	-1
10			Control Estrés Severo	1	1
11			Estrés Severo	1	-1
12			Control Estrés Medio	2	1
13			Estrés Medio	2	-1
14			Control Estrés Severo	2	1
15			Estrés Severo	2	-1
<b>Susceptible</b>					
16	CC 93-4418	Hoja	Control	1	1
17			Estrés Medio	1	-1
18			Estrés Severo	1	-1
19			Control Estrés Medio	2	1
20			Estrés Medio	2	-1
21			Control Estrés Severo	2	1
22			Estrés Severo	2	-1
23		Raíz	Control Estrés Medio	1	1
24			Estrés Medio	1	-1
25			Control Estrés Severo	1	1
26			Estrés Severo	1	-1
27			Control Estrés Medio	2	1
28			Estrés Medio	2	-1
29			Control Estrés Severo	2	1
30			Estrés Severo	2	-1

#### 4.2.2 Genes de verificación

Con el objetivo de evaluar la priorización de los GED, se incluyó un listado de GENES DE VERIFICACIÓN conformado por genes caracterizados en otras especies de plantas como importantes en los procesos de tolerancia a DH y anegamiento (GENES RELEVANTES), y por genes de los cuales no se tienen reportes sobre la mediación en el estrés por estas dos condiciones (GENES SIN INFORMACIÓN) pero que resultan interesantes por haber presentado niveles altos de sobreexpresión.

Para realizar la selección de los genes relevantes, primero se obtuvo información de bases de datos y literatura relacionada con estrés hídrico. Se realizó una búsqueda de secuencias anotadas con términos relacionados con respuesta y tolerancia a condiciones de estrés por DH y anegamiento, en las bases de datos TAIR (*The Arabidopsis Information Resource*) de *Arabidopsis thaliana* [7], RAP-DB (*The Rice Annotation Project Database*) de arroz [8], y MGDB (*The Maize*

*Genetics and Genomics Database*) de maíz [9]. Se tomaron secuencias reportadas en trabajos relacionados con la expresión génica y/o tolerancia bajo la condición de DH en caña de azúcar [10, 11] y en *A. thaliana* [4], y bajo la condición de anegamiento en arroz [12], maíz [13] y soya [14]. A partir de la información obtenida se realizó la selección de 7 GED de verificación para cada condición.

Para la condición de DH se tomaron los GED presentes solo en las dos variedades tolerantes (CC 93-7711 y SP 71-6949) y se compararon con los reportados en Oliveira [10], tomando los comunes (intersección) para conformar un grupo preliminar de genes exclusivos de caña de azúcar. A continuación se realizaron alineamientos BLAST entre este conjunto y las secuencias obtenidas de las bases de datos (*A. thaliana* y arroz) y fuentes de literatura [4, 11]. Se seleccionaron 4 genes relevantes de acuerdo con tres criterios: (1) reportado como responsable (en transgénicos) o importante (según priorización en [4]) para tolerancia a DH, (2) similitud con caña de azúcar y (3) común a la mayor cantidad de especies (entre caña de azúcar, *A. thaliana* y arroz). Se seleccionaron 3 genes sin información tomando GED exclusivos de caña de azúcar con expresión diferencial alta (preferiblemente) de los cuales no se tuvieran reportes sobre su importancia en la tolerancia al estrés por DH.

En el caso de anegamiento se tomaron los GED del genotipo tolerante (CC 01-1940) y se alinearon mediante BLAST a las secuencias obtenidas de las bases de datos (*A. thaliana*, arroz y maíz) y la literatura [12-14]. Se seleccionaron 3 genes relevantes siguiendo tres criterios: (1) reportado como responsable (en transgénicos) para tolerancia a anegamiento, (2) similitud con caña de azúcar y (3) común a la mayor cantidad de especies (entre caña de azúcar, *A. thaliana*, arroz y maíz). Se seleccionaron 4 genes sin información tomando GED exclusivos de caña de azúcar (preferiblemente) con alto nivel de expresión diferencial de los que no se tuvieran reportes sobre su relevancia en la tolerancia al estrés por anegamiento.

#### 4.2.3 Procedimiento de priorización de genes mediante SVM-RFE

Se desarrolló un procedimiento de priorización de genes mediante la clasificación con Máquinas de Soporte Vectorial con Eliminación Recursiva de Características o SVM-RFE. El procedimiento es una adaptación del método descrito por Liang et al. [4], quienes realizan una modificación del algoritmo propuesto por Guyon et al. [1]. Fue implementado en lenguaje R usando la biblioteca libsvm [15] mediante el paquete e1071 [16].

En líneas generales, el procedimiento consiste en usar la fase de entrenamiento de las SVM como medio para ordenar. Las SVM se entrena para que aprendan a clasificar los datos de expresión entre las clases control y tratamiento (estrés en este caso), y durante esta fase, se establece un orden en las características (genes), o en otras palabras, se priorizan. Este orden se asigna usando un CRITERIO DE PRIORIZACIÓN, el cual se define mediante una función de costo  $J$  que indica qué tan informativa es una característica para establecer la

separación correcta de los datos entre las clases control/estrés durante el entrenamiento. La idea es realizar, por cada característica, un entrenamiento en el que se elimina del conjunto de datos la característica con el menor valor de la función de costo (criterio de priorización). Es por esto que el método se considera de eliminación recursiva. Generalmente la función de costo ( $J$ ) en los procedimientos de clasificación, se define como una aproximación de una función objetivo ideal por conveniencia y eficiencia en los cálculos. Siguiendo esta idea, Guyon et al. [1] proponen el cambio en la función de costo  $DJ(i)$  causado por la eliminación de una característica dada, para establecer el criterio de priorización. Para ello usan la aproximación de  $DJ(i)$  definida en el algoritmo **OBD** (*Optimal Brain Damage*) que expande la serie de Taylor al segundo orden (revisado en [1]). Ignorando el primer término se tiene:

$$DJ(i) = (1/2) \frac{\partial^2 J}{\partial w_i^2} (Dw_i)^2$$

donde  $w$  es el peso de la función de decisión, propia de las **SVM** (revisado en [1]).

El cambio en el peso  $Dw_i = w_i$  responde a eliminar la  $i$ -ésima característica. Para el caso del procedimiento **SVM-RFE** propuesto por Guyon et al., el criterio de priorización es  $(w_i)^2$ . Los pasos del procedimiento **RFE** así como el algoritmo completo **SVM-RFE** ([Algoritmo 1.1](#)) pueden consultarse en la [Sección 1.6](#). Más detalles acerca de todo el procedimiento de priorización pueden ser consultados en [1].

Para tratar el inconveniente de seleccionar un conjunto de datos de entrenamiento adecuado teniendo pocas muestras en el conjunto de datos, se usó una aproximación similar a la propuesta por Liang et al., que usa **v**olución cruzada dejando uno fuera o validación cruzada dejando uno fuera (**LOOCV** del inglés *Leave One Out Cross Validation*). A continuación se describen los pasos del procedimiento desarrollado.

1. El conjunto de muestras que se utilizará para la priorización (p. ej. **DH** tolerantes) se divide aleatoriamente en  $n$  subgrupos equilibrados denominados  $n$ -CV. Por ejemplo, un conjunto de 14 muestras puede ser dividido en subgrupos de 7-CV cada uno con dos muestras.
2. Se deja por fuera un  $n$ -CV seleccionado aleatoriamente, con lo cual se toman  $n - 1$  subgrupos como conjunto de entrenamiento.
3. A continuación se ejecuta el entrenamiento de la **SVM** y se elimina la característica con menor valor de criterio de priorización. Esta característica se sitúa en la última posición del listado ordenado.
4. Se repiten los pasos 2 al 3 hasta que todas las características hayan sido eliminadas, es decir que se hayan priorizado todos los genes, con lo cual se obtiene una lista ordenada.
5. Se almacena la lista ordenada

Dado que el proceso de selección del conjunto de entrenamiento es aleatorio, cada proceso de priorización tendrá un resultado diferente, es decir que los genes tendrán una ubicación distinta en el listado. Esto se debe a que en cada oportunidad la **SVM** prioriza sobre un conjunto de datos diferente, esto es con una división  $n$ -CV aleatoria y además excluyendo un subgrupo  $n$ -CV. Por esto, el proceso completo (pasos 1 a 4) se repite  $m$  veces para asegurar que la **SVM** realice múltiples priorizaciones considerando distintas configuraciones de los datos. Lo anterior significa que se obtienen  $m$  listados ordenados. Luego de esto, es generado un listado final de todo el proceso con la priorización definitiva, en el que el orden de cada gen está dado por el promedio de sus posiciones a lo largo de los  $m$  listados. La Figura 4.1 describe el procedimiento completo mediante un diagrama de flujo.

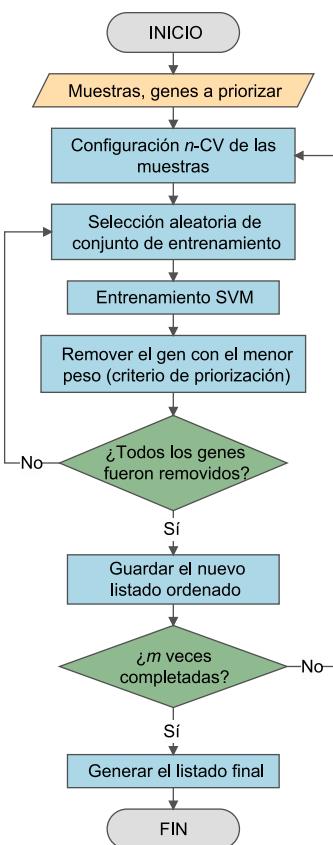


Figura 4.1. Diagrama de flujo del proceso de priorización de genes mediante **SVM-RFE**.

#### 4.2.4 Preparación del procedimiento de priorización de genes desarrollado

Con el objetivo de adaptar el proceso de priorización para el funcionamiento adecuado con los datos de expresión derivados de **RNA-Seq**, se realizaron distintas pruebas que cubrieron aspectos diferentes de todo el procedimiento como son, el tipo de valores de expresión, la

transformación de los valores de expresión y la variabilidad en los resultados de la priorización.

#### 4.2.4.1 Pruebas para elección del tipo de valor de expresión

Se ejecutaron pruebas de priorización en cada grupo de muestras correspondiente a las cinco variedades de caña de azúcar estudiadas. Esta pruebas se realizaron con el objetivo observar el comportamiento de los tipos de valores de expresión estimados y hacer la elección del más adecuado para la priorización de todos los GED. Cada prueba consistió en la ejecución de 2 rondas de 200 iteraciones del procedimiento SVM-RFE implementado, usando primero valores RPKM y luego valores VST. Debido al alto costo computacional de la priorización, las pruebas se realizaron sobre un conjunto de 500 GED (conjunto de prueba), conformado por los 7 genes de verificación de la condición correspondiente y 493 seleccionados de manera aleatoria.

#### 4.2.4.2 Pruebas para elección de la transformación del valor de expresión

Con el objetivo de determinar un método de normalización/estandarización de los datos apropiado para el buen desempeño de las SVM, se ejecutaron pruebas sobre el grupo de muestras de cada variedad de caña de azúcar disponible en este estudio. Cada prueba consistió en la ejecución de 2 rondas de 200 iteraciones del procedimiento SVM-RFE implementado, sobre el conjunto de prueba de 500 GED usando cinco transformaciones distintas de los datos.

Sea un conjunto de  $M$  muestras o experimentos y  $N$  genes, la matriz  $\mathbf{X} = [\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_N]^T \in \mathbb{R}^{M \times N}$ , representa la tabla de valores de expresión de los genes a lo largo de los experimentos. De esta manera  $\mathbf{x}_i$  es el vector que representa el perfil de expresión del gen  $i$ . Así,  $x_{ij}$  es el valor de expresión del gen  $\mathbf{x}_i$  en el experimento o muestra  $j$ . Aplicando una transformación se obtiene un valor  $x'_{ij}$ . Las transformaciones aplicadas a los datos fueron:

1. Estandarización z-score:

$$x'_{ij} = \frac{x_{ij} - \bar{\mathbf{x}}_i}{\sigma_{\mathbf{x}_i}},$$

donde  $\bar{\mathbf{x}}_i$  es la media y  $\sigma_{\mathbf{x}_i}$  es la desviación estándar.

2. Transformación logarítmica:

$$x'_{ij} = \log_2(x_{ij} + \alpha), \quad \alpha = 0.01$$

3. Norma euclíadiana:

$$x'_{ij} = \frac{x_{ij}}{\|\mathbf{x}_i\|}, \quad \|\mathbf{x}_i\| = \sqrt{x_{i1}^2 + x_{i2}^2 + \dots + x_{in}^2}$$

#### 4.2.4.3 Pruebas de estabilidad del procedimiento de priorización

Debido a la aleatoriedad en la selección de conjuntos de entrenamiento del procedimiento de priorización, distintas ejecuciones del mismo proveen listados en los que la posición de los genes puede variar. Para determinar el número de ejecuciones necesarias para alcanzar un listado final en donde la posición promedio de los genes tenga una variación aceptable, se realizaron pruebas incrementales de priorización. Estas pruebas consistieron en rondas sucesivas de múltiples ejecuciones del proceso de priorización (iteraciones) sobre el conjunto de GED de prueba.

El procedimiento de las pruebas implementado es el siguiente. Se crea un conjunto de prueba de 500 de genes (7 genes de verificación y 493 seleccionados aleatoriamente) el cual es priorizado repetidamente en rondas sucesivas. Cada ronda comprende múltiples priorizaciones con el procedimiento SVM-RFE. Al final de cada ronda de priorización, se crea un listado final de genes ordenado de acuerdo con la posición promedio a lo largo de los listados de cada iteración (listados parciales). Cada ronda subsiguiente adiciona listados parciales a los de la ronda anterior, con lo cual cada nueva lista final de genes se realiza de manera acumulativa obteniendo el promedio de las posiciones del total de listados (los actuales junto con los obtenidos en las rondas anteriores). A partir de la segunda ronda se evalúa la variación en la posiciones de los genes, comparando el listado final obtenido en la primera ronda, con el listado final obtenido en la ronda que acaba de terminar. Si el 90 % de los  $n$  primeros genes del primer listado final se mantuvo dentro de las primeras  $n$  posiciones del listado final más reciente, entonces el proceso de rondas sucesivas se detiene. A esta condición se le denominó CRITERIO DE PARADA. En la Figura 4.2 se ilustra el procedimiento completo en forma de diagrama de flujo.

En estas pruebas, la ronda inicial de priorización fue establecida en 100 iteraciones y las sucesivas en 50 iteraciones. Se ejecutó una prueba en cada característica (tolerante y susceptible) de las dos condiciones. Así, para la condición de DH en la característica de tolerante, se priorizó con un total de 28 muestras provenientes de las variedades CC 93-7711 y SP 71-6949 (14 muestras cada una), y en la característica de susceptible, se priorizó usando 14 muestras de la variedad MZC 74-275. Para el caso de anegamiento, se priorizó con 15 muestras de la variedad CC 01-19-40 en la característica de tolerante y 15 muestras de la variedad CC 93-4418 en la característica de susceptible.

#### 4.2.5 Priorización de genes mediante SVM-RFE

Concluidas las pruebas y preparado el procedimiento SVM-RFE, se ejecutó la priorización sobre 4 545 y 3 750 genes en DH y anegamiento, respectivamente, los cuales corresponden a los GED identificados para cada condición cuya expresión promedio ( $\log_2(FC)$  entre réplicas) observada en el AED fue al menos 2 veces superior (sobreexpresados) o inferior (represados)

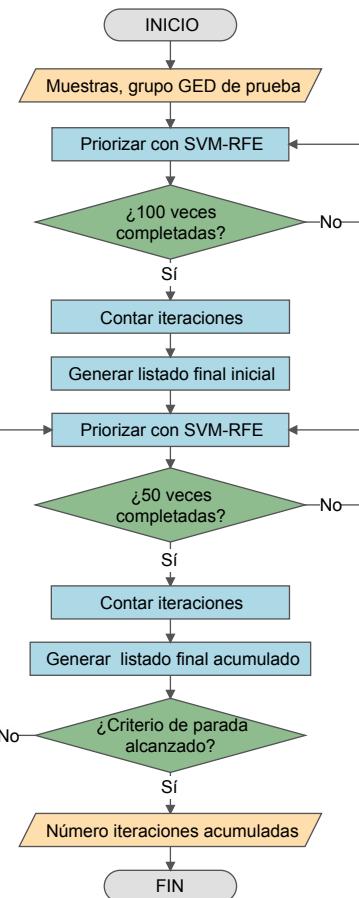


Figura 4.2. Diagrama de flujo de las pruebas de estabilidad del proceso de priorización.

a las condiciones control (Tabla A.2). En cada conjunto se verificó la existencia de los genes de verificación correspondientes. El proceso completo consistió en la ejecución de 5 rondas de 200 iteraciones del procedimiento **SVM-RFE**, en cada característica (tolerante y susceptible) de DH y anegamiento.

Para la condición de DH, se usó una configuración 7-CV (división del grupo de muestras en 7 subgrupos) sobre un conjunto de 28 muestras de las variedades CC 93-7711 y SP 71-6949 para la característica tolerante, y 14 muestras de la variedad MZC 74-275 para la característica susceptible. En el caso de anegamiento, se utilizó una configuración 5-CV sobre un conjunto de 15 de muestras de la variedad CC 01-1940 en la característica de tolerante, y 15 muestras de la variedad CC 93-4418 para la característica de susceptible.

## 4.3 RESULTADOS

### 4.3.1 Genes de verificación

En la Tabla 4.3 se presenta el listado completo de los genes de verificación seleccionados en cada condición indicando la expresión diferencial promedio (control vs EM y control vs ES), las especies en las que se encontraron homólogos y las fuentes (bases de datos y literatura) a partir de las cuales se seleccionaron.

Tabla 4.3. Genes de verificación para priorización mediante SVM-RFE

No.	Cate-goría	Id SUCEST	Descripción	Expresión promedio (FC)	Especies comunes	Fuentes
<b>Déficit Hídrico</b>						
1	RT	SCBGLR1002A09.g	<i>TPA: AP2 EREBP transcription factor superfamily protein</i>	1.58	CA, At, A	TAIR, [4, 10, 11]
2	RT	SCVPLR2027F02.g	<i>TPA: AP2 EREBP transcription factor superfamily protein</i>	2.25	CA, A	RAP-DB, [10]
3	RT	SCJFRZ2007A03.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>	4.30	CA, At, A	TAIR, [4, 10]
4	RT	SCVPFL3046C06.b	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>	20.13	CA, At	[4, 10]
5	SI	SCEPSB1135C05.g	<i>Late embryogenesis abundant protein d-34-like</i>	30.10	CA	[10]
6	SI	SCSFSD1066A01.g	<i>EC metallothionein (class II)</i>	31.75	CA	[10]
7	SI	SCAGCL6013C12.g	<i>NADP-dependent malic enzyme</i>	70.42	CA	[10]
<b>Anegamiento</b>						
8	RT	SCRLCL6033B02.g	<i>Alcohol partial</i>	8.32	CA, At, A	TAIR, [12]
9	RT	SCCCCL4006H08.g	<i>Alcohol dehydrogenase family-2</i>	5.17	CA, At, A	TAIR, [14]
10	RT	SCACHR1038D01.g	<i>Ethylene-responsive element binding protein 2</i>	3.53	CA, At, A	RAP-DB, [8, 12]
11	SI	SCRLST3165C09.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing expressed</i>	2.90	CA, A	RAP-DB
12	SI	SCUTAD1030F05.g	<i>Pyruvate decarboxylase</i>	29.41	CA, At	TAIR
13	SI	SCVPRT2077G01.g	<i>Salt gene product</i>	132.13	CA	
14	SI	SCEPLR1051B12.g	<i>Uncharacterized WD repeat-containing</i>	3.55	CA, M	MaizeGDB, [13]

RT = Relevante para Tolerancia. SI = Sin Información. CA = Caña de Azúcar. A = Arroz.

At = *Arabidopsis thaliana*. M = Maíz.

### 4.3.2 Preparación del procedimiento de priorización

#### 4.3.2.1 Elección del tipo de valor de expresión

Los resultados de las pruebas de normalización son presentados en la Figura 4.3. Se muestra un arreglo de gráficos de cajas que representan la distribución de las posiciones de los genes de verificación, a lo largo de los listados obtenidos durante las sucesivas iteraciones de priorización en las condiciones de DH (Figura 4.3.a) y anegamiento (Figura 4.3.b). Teniendo en cuenta la dispersión y la consistencia de las posiciones de los genes, se eligieron los da-

tos RPKM como el tipo de valor de expresión a ser utilizado en la priorización del conjunto completo de GED del estudio (detalles en la Subsección 4.4.1).

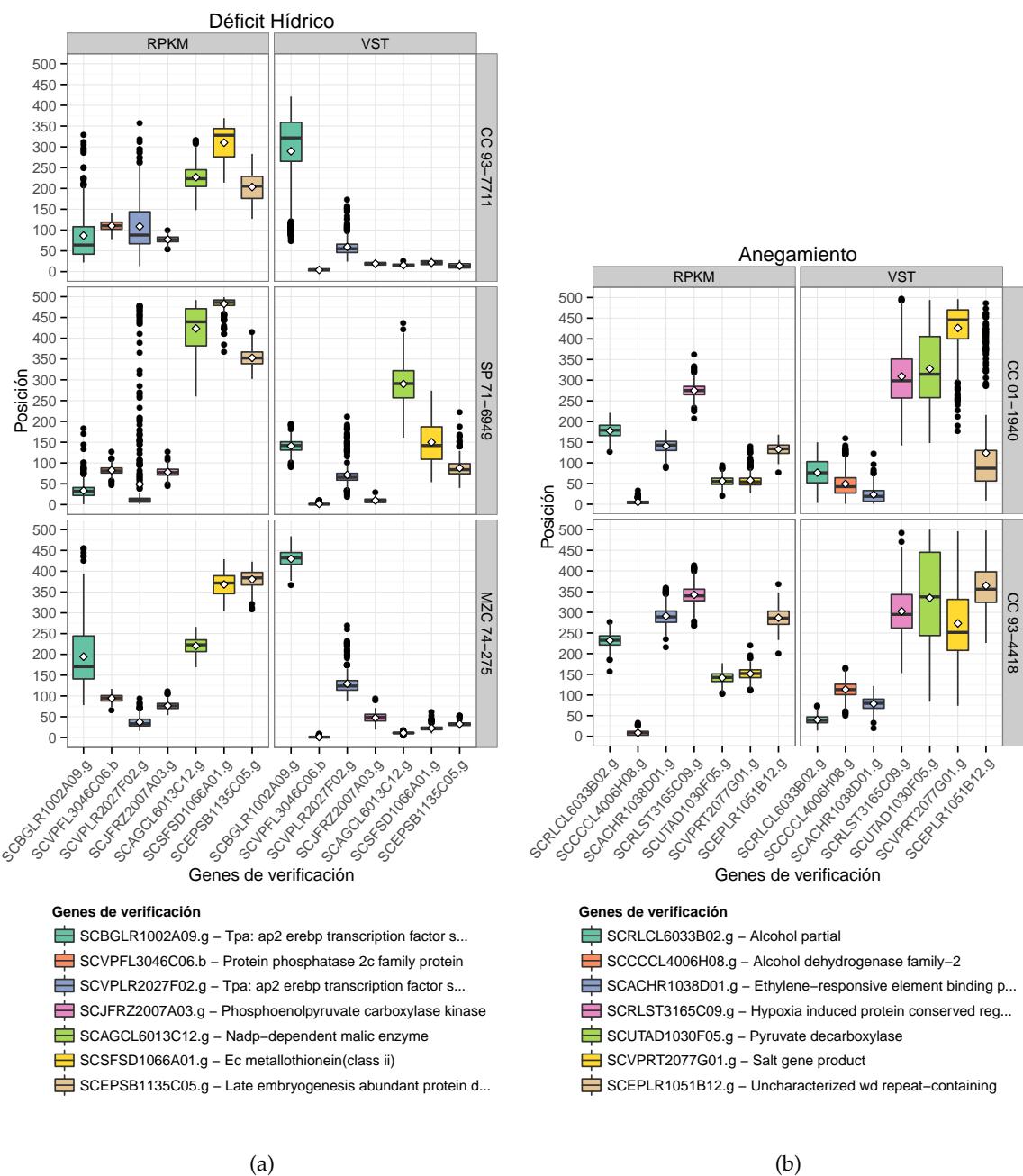


Figura 4.3. Distribución de las posiciones de los genes de verificación en pruebas de valor de expresión. Se muestra la distribución de posiciones a lo largo de listados generados con 2 rondas de 100 priorizaciones, usando valores RPKM y VST. Los puntos en forma de diamante indican las posiciones promedio. (a) Déficit Hídrico. (b) Anegamiento.

Algo importante de mencionar es que durante la ejecución de las pruebas, en algunos de los entrenamientos de las **SVM** se obtuvieron mensajes de advertencia de la biblioteca LIBSVM, informando haber alcanzado el máximo número de iteraciones especificadas en su implementación del algoritmo de máquinas de soporte vectorial.

#### 4.3.2.2 Elección de la transformación del valor de expresión

En la [Figura 4.4](#) y [4.5](#) se muestran los resultados obtenidos en las pruebas de transformación del valor de expresión, mediante un arreglo de gráficos de caja. Se presenta la distribución de las posiciones de los genes de verificación, a lo largo de los listados ordenados obtenidos en cada priorización aplicada. De acuerdo con la consistencia entre la dispersión y patrones de posiciones promedio (puntos en forma de diamante) y posiciones típicas de los genes (2º cuartil de las cajas) de los datos **RPKM** y estandarización *z-score*, esta última fue elegida para ser usada en la priorización general de los **GED** (detalles en la [Subsección 4.4.1](#)). A diferencia de los datos **RPKM** planos, durante los entrenamientos **SVM** de las pruebas, no se presentaron advertencias de límite de iteraciones alcanzado con ninguna de las transformaciones aplicadas.

#### 4.3.2.3 Determinación de la estabilidad del procedimiento de priorización

A partir de los listados obtenidos en las pruebas para determinar la estabilidad del procedimiento **SVM-RFE** de priorización, se crearon gráficos para inspeccionar visualmente la variación de las posiciones de los genes. Los gráficos, denominados **GRÁFICOS DE RANKING**, muestran la posición promedio (puntos) y los cuartiles primero y tercero (límites inferior y superior del área sombreada) de la distribución de posiciones de cada gen a lo largo de los listados finales obtenidos en cada ronda de priorizaciones. Se muestran los 100 primeros genes priorizados del grupo de prueba en la condición de **DH** en la [Figura 4.6](#) y de anegamiento en la [Figura 4.7](#).

#### 4.3.3 Priorización de genes mediante SVM-RFE

Luego de la ejecución de los procedimientos de priorización sobre los conjuntos completos de **GED**, se obtuvieron 4 listados priorizados, 2 por cada condición correspondientes a la característica de tolerante y susceptible. En la [Tabla 4.4](#) y [4.5](#) se muestran los primeros 100 **GED** priorizados de **DH** y anegamiento, respectivamente, en variedades tolerantes. Para cada gen, se muestra la desviación estándar de la posición en la priorización y la posición que ocupó en la priorización de la variedad susceptible.

Buscando integrar la información obtenida del análisis de expresión diferencial y las redes de coexpresión, se muestra en los listados los niveles de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ ) de cada gen y el módulo al que pertenece en la correspondiente **RCEG**. Al analizar la correspondencia

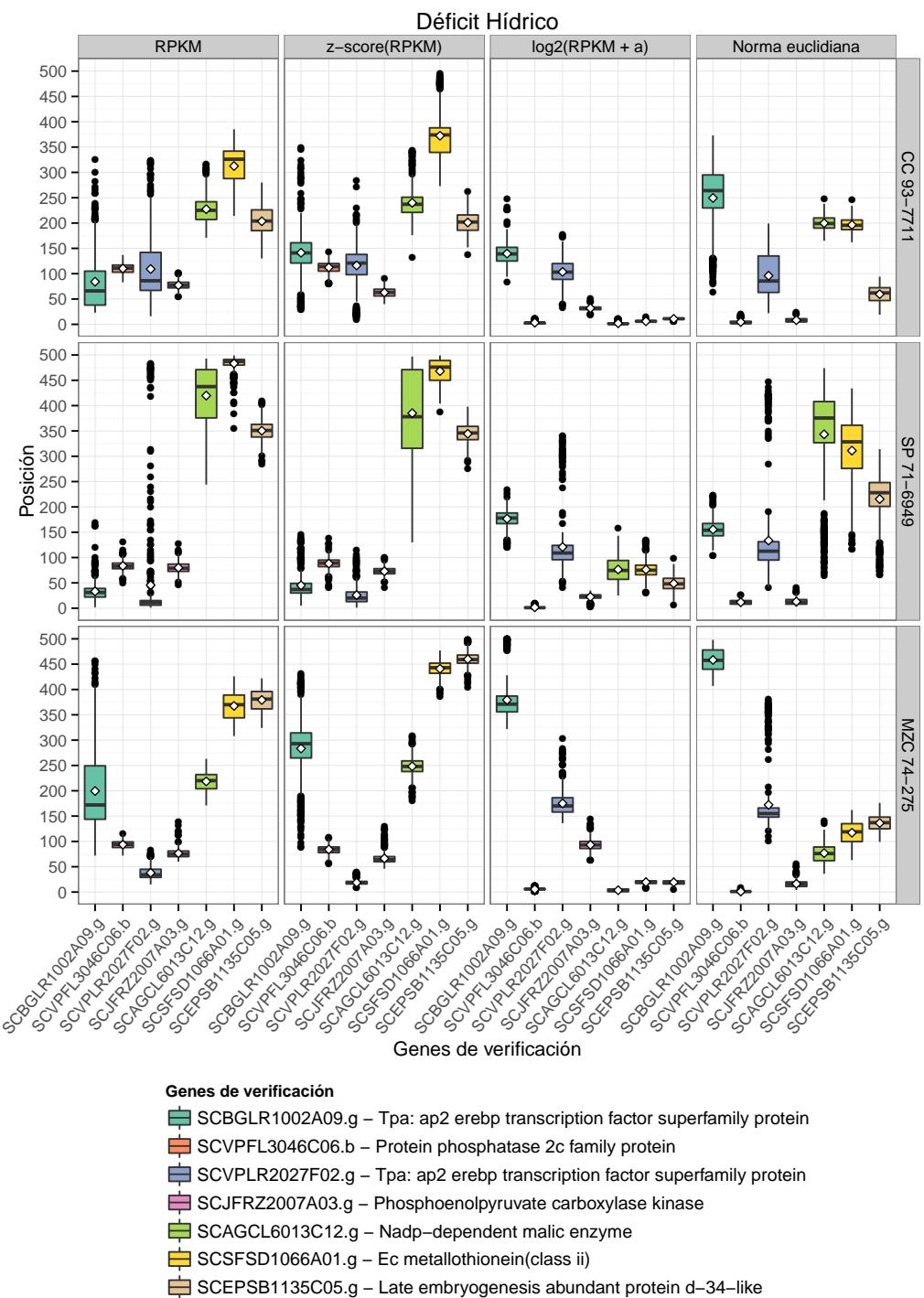


Figura 4.4. Distribución de las posiciones de los genes de verificación de la condición de DH en pruebas de normalización. Se muestra la distribución de posiciones a lo largo de listados generados con 2 rondas de 100 priorizaciones, usando valores RPKM y tres transformaciones sobre este tipo de datos: z-score(RPKM),  $\log_2(RPKM + \alpha)$ , y Norma euclidiana. Los puntos en forma de diamante indican las posiciones promedio.

## PRIORIZACIÓN DE GENES EXPRESADOS DIFERENCIALMENTE

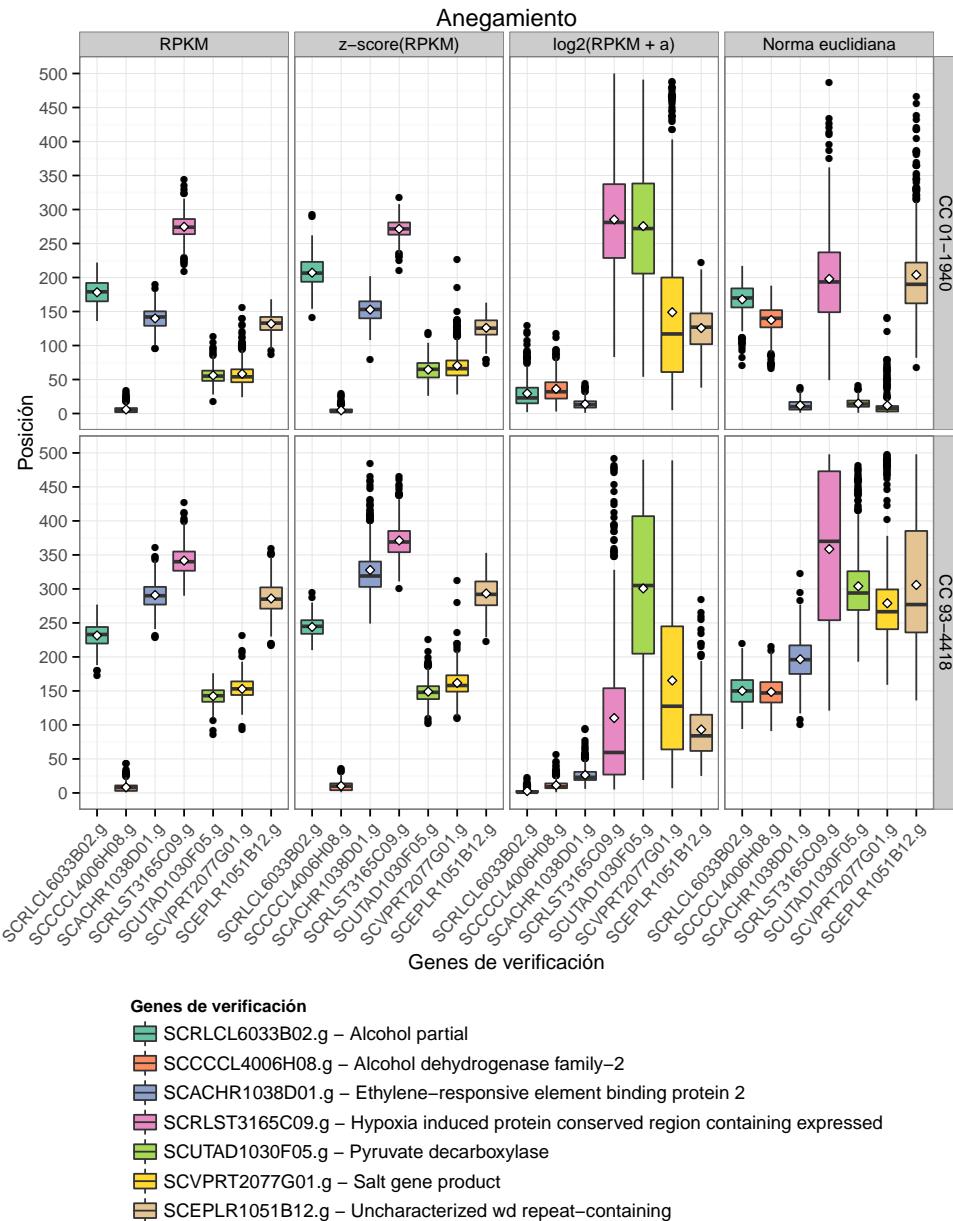


Figura 4.5. Distribución de las posiciones de los genes de verificación de la condición de anegamiento en pruebas de normalización. Se muestra la distribución de posiciones a lo largo de listados generados con 2 rondas de 100 priorizaciones, usando valores RPKM y tres transformaciones sobre este tipo de datos: z-score(RPKM), log<sub>2</sub>(RPKM +  $\alpha$ ), y Norma euclidiana. Los puntos en forma de diamante indican las posiciones promedio.

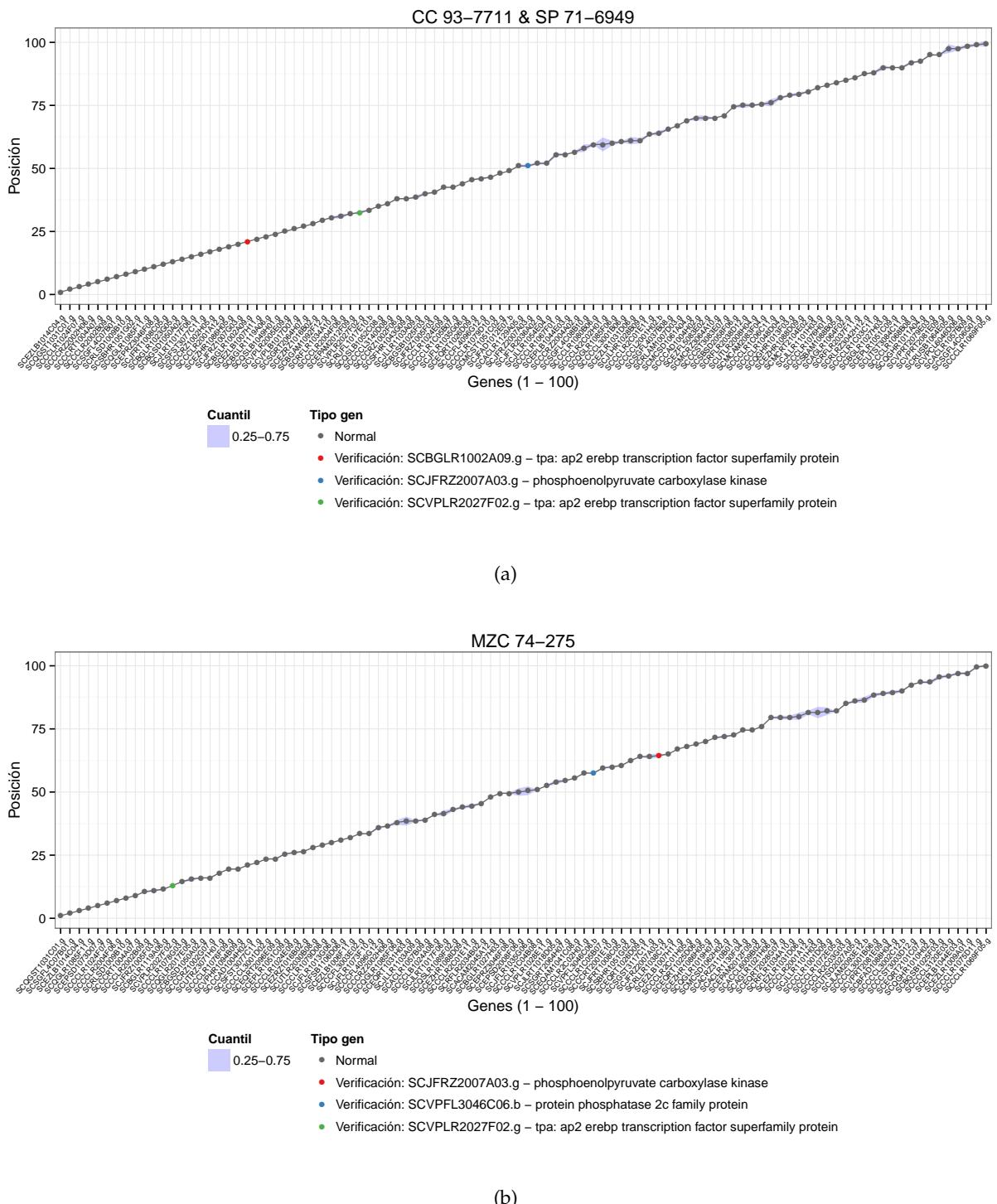


Figura 4.6. Gráficos de ranking de las pruebas de determinación de estabilidad de la priorización SVM-RFE en DH. Los puntos negros representan los genes seleccionados aleatoriamente y los puntos de colores representan los genes de verificación. (a) Variedades tolerantes. (b) Variedad susceptible.

## PRIORIZACIÓN DE GENES EXPRESADOS DIFERENCIALMENTE

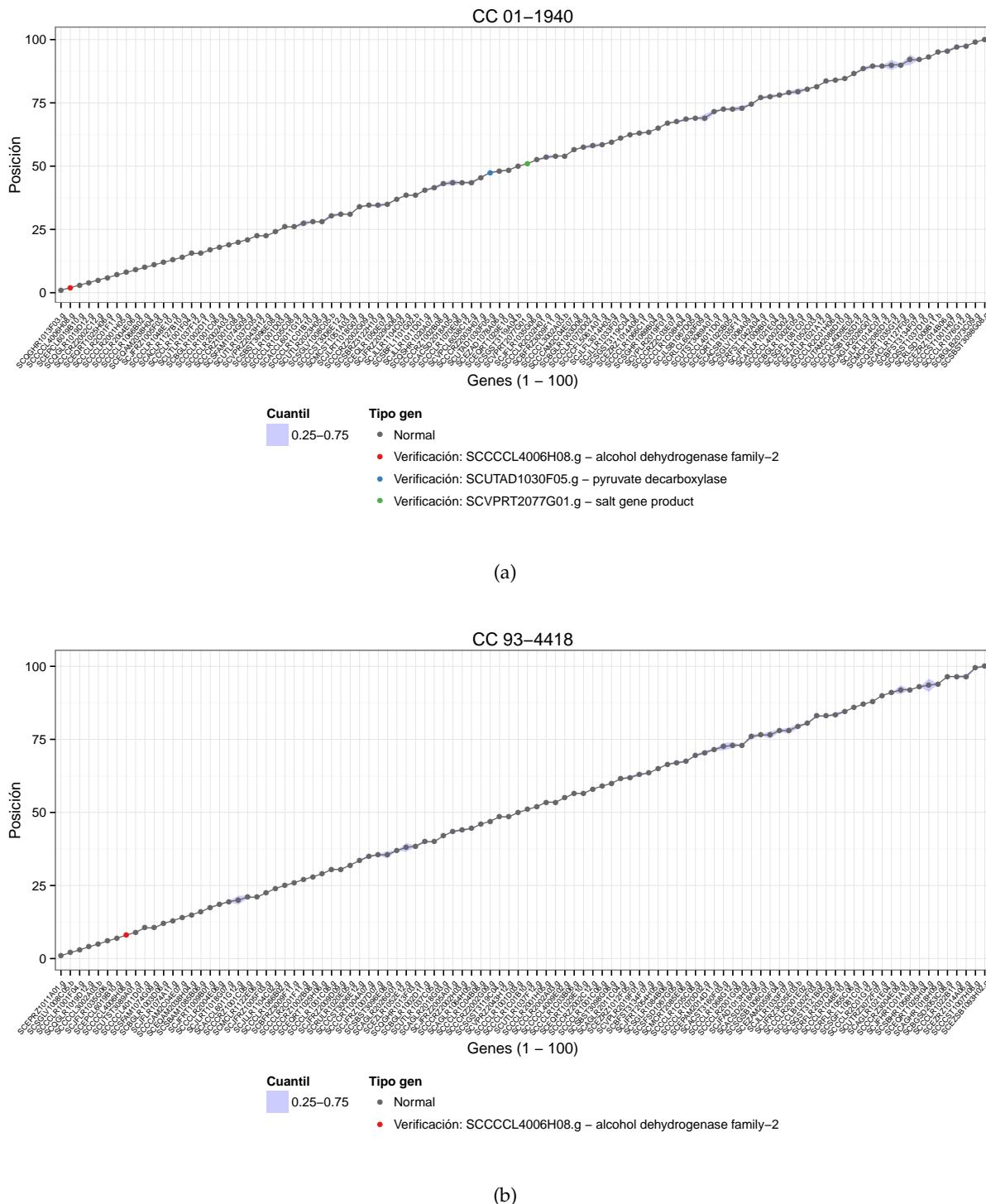


Figura 4.7. Gráficos de *ranking* de las pruebas de determinación de estabilidad de la priorización SVM-RFE en anegamiento. Los puntos negros representan los genes seleccionados aleatoriamente y los puntos de colores representan los genes de verificación. (a) Variedad tolerante. (b) Variedad susceptible.

entre los 30 primeros GED de cada característica en la condición de DH, en las variedades tolerantes los genes se distribuyen en 6 de los 13 módulos (46 % de todos los módulos: *blue*, *brown*, *magenta*, *pink*, *turquoise*, y *yellow*). Para el caso de anegamiento, los genes de la variedad tolerante se distribuyen en 3 de los 6 módulos detectados (50 %; *blue*, *brown* y *yellow*).

Adicionalmente se crearon gráficos de cajas para visualizar la distribución de las posiciones ocupadas por los genes de verificación entre todos los GED priorizados. En la Figura 4.8 se presentan los resultados para las variedades tolerantes y susceptibles de DH y anegamiento.

Tabla 4.4. Resultado de la priorización de los GED de la condición de DH. Se presentan los 100 primeros genes en las variedades tolerantes

Pos.	Id SUCEST	Descripción	Desv. est.	Pos. var. susceptible	Módulo RCEG	Nivel de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ )					
						CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949	
						Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1	SCJFLR1017E09.g	Probable galactinol–sucrose galactosyltransferase 2-like	0.00	27	brown	2.47	4.75	2.94	3.44	2.56	4.23
2	SCJLLR1054F03.g	Vacuolar processing enzyme 4	0.45	50	turquoise	-1.47	-0.88	-	-0.41	-	-0.80
3	SCCCLR1066F06.g *	Chlorophyll a-b binding protein 2	0.45	14	blue	-1.07	-	-1.10	-	-1.75	-
4	SCVPRZ2041D10.g *	Ring-h2 finger protein	0.89	7	pink	2.41	2.17	2.78	1.86	2.33	1.77
5	SCEQLB1063G04.g	Carbonic anhydrase	0.45	77	yellow	0.98	-	1.32	-	1.95	-
6	SCCCCL3001C09.g	Kda class ii heat shock protein	0.45	333	magenta	3.17	3.22	2.84	2.72	3.14	4.18
7	SCEQLR1029H08.g	Glycine-rich rna-binding protein 2	0.55	1021	brown	-	1.57	-0.49	0.89	-0.81	1.44
8	SCCCLR1022B07.g	Abscisic stress ripening	0.84	87	yellow	0.76	-	0.88	-0.51	1.02	-0.65
9	SCSBHR1050F02.g	Carbonic anhydrase	0.89	73	yellow	-	1.16	-	1.22	-	-
10	SCVPHR1094H06.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g038810	0.00	30	turquoise	-1.02	-0.82	-1.03	-0.89	-1.49	-1.69
11	SCJLLR1104C06.b	Ethylene-dependent gravitropism-deficient and yellow-green-like 3 protein	0.45	120	yellow	2.33	-	2.64	-	2.88	-
12	SCJFRT2059H08.g	Transcription factor myb1r1-like	0.00	22	yellow	1.54	1.14	1.43	-	1.17	1.20
13	SCCCCL3001G12.b	-NA-	1.79	2281	turquoise	2.14	2.38	1.96	1.93	0.95	2.42
14	SCQGST1031C01.g *	-NA-	0.45	8	brown	3.82	3.85	1.62	2.52	2.75	3.10
15	SCACLR1057A05.g	-NA-	2.07	81	brown	0.75	2.28	1.15	2.41	0.75	2.09
16	SCBFRZ2019D01.g	Atp-dependent zinc metalloprotease chloroplastic-like	0.71	75	blue	0.41	-	0.43	1.28	0.43	1.52
17	SCAGFL1086E09.g *	Photosystem ii 22 kda protein	0.55	10	yellow	1.23	-	1.22	-	1.69	-
18	SCCCCL4006D01.g *	Ring-h2 finger protein	0.84	18	pink	2.70	2.25	2.88	1.63	2.64	1.63
19	SCCCCL3001H04.g	-NA-	1.58	57	brown	4.87	7.68	3.96	5.48	4.83	7.17
20	SCVPLR2027D02.g *	Chalcone synthase	1.48	6	turquoise	-	-1.14	-	-0.61	1.22	-1.04
21	SCCCLR1C03D07.g	Salt gene product	13.03	4153	blue	-	6.20	0.52	1.66	-	-
22	SCCCCL3001C09.b	Kda class ii heat shock protein	1.30	594	magenta	3.13	3.13	2.85	2.66	3.14	4.32
23	SCJLLR1104C06.g	Sterol regulatory element-binding protein site 2	1.92	97	yellow	2.22	-	2.30	3.60	2.22	-
24	SCBGLR1002B09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g038810	0.89	58	turquoise	-1.27	-1.05	-0.97	-1.30	-1.51	-1.90
25	SCCCLR2C02D12.g	Chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	0.45	21	blue	-0.66	-	-0.72	-	-1.32	-
26	SCEZLB1014C04.g	Protein phosphatase 2c	2.07	39	turquoise	2.91	3.09	2.71	1.75	2.14	2.03
27	SCEZAM2059G02.g	Thioredoxin superfamily protein	1.52	36	pink	1.88	1.46	2.48	1.65	2.30	1.88
28	SCMLCR1053G09.g	Kda proline-rich protein	2.59	2380	blue	-2.19	-3.12	-2.57	-1.58	-0.92	-2.34
29	SCACLR2007B05.g *	Chlorophyll a-b binding protein cp24 chloroplastic-like	1.87	17	blue	-0.67	-	-0.66	-	-1.44	-
30	SCSGHR1070B01.g	Stress responsive protein	1.22	143	turquoise	0.42	1.61	-	1.62	0.46	1.68
31	SCJFLR1013A09.g	Cysteine proteinase 1-like	2.86	2115	blue	-	-0.25	-	-0.70	-	-0.53
32	SCJLFL1054C07.g	Eid1-like f-box protein 3-like	4.27	257	turquoise	4.05	2.52	4.57	0.79	3.23	-
33	SCCCRZ2001G05.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g001320 [Sorghum bicolor]	8.47	3	turquoise	-	-1.30	-	-1.56	-	-2.23
34	SCCCST3001H11.g *	16kda membrane protein	1.67	9	blue	-0.83	-	-0.73	-	-1.16	-
35	SCSGCL6070D03.g	-NA-	1.48	49	yellow	2.75	2.63	2.78	3.20	2.88	2.94

\* GED posicionado entre los 20 primeros lugares de la priorización de la variedad susceptible

Continúa en la página siguiente

Tabla 4.4. (Continuación)

Pos.	Id SUCEST	Descripción	Desv. est.	Pos. var. susceptible	Módulo RCEG	Nivel de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ )					
						CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949	
						Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
36	SCCCRZ1002B08.g	Glycine-rich rna-binding protein 2	2.17	745	brown	1.56	-0.92	0.96	-0.80	1.42	
37	SCUTST3086G11.g *	Chlorophyll a-b binding protein	0.89	2	blue	-0.71	-0.67			-0.96	
38	SCCLLR1075C10.g	Galactinol synthase 3	1.48	28	yellow	2.80	2.45	2.71	2.73	3.53	2.40
39	SCCCCL3080A01.g	Metallothionein-like protein type 2	1.30	56	brown	0.94	3.97	1.21	2.60	1.18	3.63
40	SCEZLR1009E05.g *	Farnesylated protein 2	0.89	4	turquoise	1.25	3.82	1.32	2.41	1.50	3.27
41	SCSGHR1069B04.g	-NA-	0.55	62	brown	3.45	3.92	1.86	2.59	2.56	3.17
42	SCCLLR2002F08.g	Auxin-repressed kda protein	1.14	263	turquoise	-0.07	1.25	0.08	0.94	0.00	1.04
43	SCJFAD1013H02.g	16kda membrane protein	0.55	45	blue	-0.93		-0.83		-1.26	
44	SCQGHR1012B09.g	Senescence-associated protein	9.07	1796	brown	-0.07	1.73		1.00	0.53	0.89
45	SCCLLR1001A05.g	Sucrose synthase	1.52	163	turquoise		-1.71	-1.21	-1.43		-1.45
46	SCCCRT1004A07.g *	Cortical cell-delineating protein precursor	4.16	1	turquoise		-2.85		-2.60		-3.24
47	SCCLLR2C03E03.g	Integral membrane protein	1.87	119	blue		2.19	-0.07	1.78	-0.02	2.09
48	SCJLST1019A04.g	-NA-	1.34	2274	brown	-0.33		-1.21	-1.25		-1.89
49	SCJLRT1006E03.g	Probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like	0.89	93	brown	1.48	4.70	1.71	3.41	1.48	4.22
50	SCEQRT2091A09.g	Tpa: beta-amylase	1.10	102	yellow	2.60	3.02	2.84	3.47	2.63	2.82
51	SCRFLB1053B01.g	Ankyrin repeat domain-containing protein 2	0.89	100	yellow	1.17	2.35	1.31	1.92	1.08	
52	SCSBFL5022A10.g	70 kda peptidyl-prolyl isomerase	1.58	2969	magenta	3.27	-0.45	2.95		2.77	1.06
53	SCCLLR2001A08.g	R40c1 protein - rice	2.00	162	brown	2.21	2.33	1.80	1.54	1.85	2.06
54	SCSBST3096E08.g	Chlorophyll a-b binding protein of lhcii type iii	3.35	541	blue	-0.97		-1.17		-0.90	
55	SCQSLR1018H02.g	Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit	1.10	130	yellow		2.69			0.08	2.83
56	SCQGLR1085F11.g *	Dhn9	1.67	20	green	7.02	6.45	4.73	4.72	6.80	5.85
57	SCCCST1001B11.g	Chlorophyll a-b binding protein 1	1.14	192	blue	-0.50		-0.77		-0.98	
58	SCAGLR1021F10.g	Lysine and serine-rich isoform x1	8.58	34	blue	-1.04		-1.11		-1.60	
59	SCCCCL4007H11.g	Udp-glucose 4-epimerase	0.71	31	pink	1.33	1.19	1.41	1.46	1.92	1.64
60	SCUTLR1058C02.g	Gdp-l-galactose phosphorylase 2-like	2.61	357	yellow	1.55	-0.82			1.38	
61	SCCCST3002H03.g	Abscisic stress ripening	1.22	482	yellow	0.82		1.13		0.94	
62	SCAGLR2011D03.g	Stress responsive protein	1.10	903	brown	1.26	1.32	1.38	0.95		0.88
63	SCCCRZ2001F10.g	Aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial-like	2.92	306	blue	-0.89		-0.90		-0.99	0.65
64	SCUTLR1058B02.g	S-adenosylmethionine synthetase 1	4.09	343	turquoise	0.89	-0.37	1.12	0.43	1.18	-0.22
65	SCBFRT1071C11.g	Abc transporter f family member 5-like	1.14	1185	yellow			1.21		0.44	
66	SCMCRT2105E09.g	50s ribosomal protein chloroplastic-like	1.30	52	yellow	0.72		0.65	1.25	1.07	
67	SCRUFL3060E12.g	Kda class i heat shock	2.59	2420	yellow	2.97	1.39	3.48		0.17	
68	SCCCCL3120D11.b	Uncharacterized protein LOC100383843	2.24	26	turquoise	0.66	2.64	0.66	2.27	1.00	3.02
69	SCQSLB1049H01.g	Glycine-rich rna-binding protein 2	2.07	275	brown		1.56		1.00		1.41
70	SCCLLR2C02H09.g *	Histone h1	2.51	11	brown	1.10	1.95	1.07	1.22		1.46
71	SCCCCL3001F01.g	Dynamin-like protein arc5-like	1.48	1500	brown	-0.19	2.42		1.45		1.55
72	SCJFRT1060F11.g	Cytosolic orthophosphate dikinase	12.60	400	yellow	0.06		0.76	-1.98	0.26	-3.20
73	SCEQRT2099C08.g	Protein phosphatase 2c	1.30	66	turquoise	2.64	2.34	2.53	1.73	2.40	1.98

\* GED posicionado entre los 20 primeros lugares de la priorización de la variedad susceptible

Continúa en la página siguiente

Tabla 4.4. (Continuación)

Pos.	Id SUCEST	Descripción	Desv. est.	Pos. var. susceptible	Módulo RCEG	Nivel de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ )					
						CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949	
						Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
74	SCCCLR1077E12.g	Farnesylated protein 2	0.89	54	turquoise	1.17	3.75	1.35	2.59	1.43	3.28
75	SCCCRT1001D02.g	Pathogenesis-related protein 1-like	1.67	24	turquoise		-1.01		-0.87		-1.12
76	SCCCLR1024F07.g	Histidine decarboxylase-like	1.22	78	yellow	1.77		1.76	1.08	2.17	1.17
77	SCOSLR1018D09.g	Probable serine incorporator-like isoform x1	1.30	562	yellow	1.31		1.77		1.44	
78	SCEQRT1028C03.g	Pathogenesis-related protein 1-like	3.27	32	turquoise		-0.94		-0.89		-1.15
79	SCCCLR1001E04.g	Ribulose- bisphosphate carboxylase oxygenase small subunit	16.02	1687	yellow	-0.03		0.68			
80	SCJFRT1008C05.g	Hypersensitive-induced response protein	3.21	440	blue	-1.47	-1.15	-1.73	-0.84	-1.67	-0.91
81	SCJFRZ3C03H10.g	Shoot1 protein	4.51	331	yellow	1.31		1.73		2.07	
82	SCCCRZ2C03E03.g	Lipoxygenase homology domain-containing protein 1-like	2.61	136	brown	1.83	1.60	2.55	1.31	1.97	1.37
83	SCJLLR1011H09.g	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase chloroplastic-like	1.64	71	turquoise		-1.17		-0.90		-1.21
84	SCRLSD1009B10.g	Chlorophyll a b-binding apoprotein cp26 precursor	2.00	108	blue	-0.77		-1.01		-1.40	
85	SCJFLR1073E07.g	Photosystem ii 10 kda polypeptide	10.51	575	yellow	-0.10		0.01		-0.14	
86	SCRFST3142G07.g	Atp-dependent zinc metalloprotease ftsh chloroplastic-like	3.27	789	yellow	4.46		3.30		4.32	
87	SCRULR1020D11.g	Fructose-bisphosphate aldolase	18.88	116	yellow	-0.07		0.26		0.16	
88	SCAGLR1043F02.g	Probable mediator of rna polymerase ii transcription subunit 37c-like	3.03	63	red	2.64	1.62	3.00	1.36	2.46	1.97
89	SCRUFL3065E09.g	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkbp62-like	0.71	2530	magenta	3.41	-0.41	2.88			0.72
90	SCCCCL3120D11.g	Auxin-repressed protein	2.07	46	turquoise	1.28	2.67	0.87	2.41	0.90	3.11
91	SCCCCL4015F02.g	5-methyltetrahydropteroylglutamate-homocysteine expressed	2.19	90	turquoise		-1.91		-1.11		-1.64
92	SCCCCL7002D01.g	Heat shock 22 kda protein	17.90	800	magenta	3.19	0.20	3.39		3.21	0.55
93	SCBGHR1058A02.g	-NA-	2.17	166	green	4.29	3.93	2.36	2.85	2.44	3.27
94	SCCCRZ1001B08.g	Triosephosphate isomerase	2.05	1190	blue						-0.38
95	SCQSR1034F02.g	Aps reductase	1.82	197	yellow	1.07		1.60		1.77	
96	SCCCCL3003B02.b	Peroxidase 12	2.74	549	brown	1.52	1.26	2.51	1.69	2.95	1.08
97	SCBFRLR1026C09.g	-NA-	5.17	1723	blue	-0.65	1.69	-0.35		-0.34	1.90
98	SCCCLR1C05G07.g	S-adenosylmethionine decarboxylase	2.49	865	green	1.02	0.77	0.39	0.97	1.12	0.78
99	SCVPRT2075C09.g	Cytosolic orthophosphate dikinase	5.37	42	yellow		-2.83	0.41	-1.86	0.41	-3.23
100	SCCCLR1C03C05.g	Bzip transcription factor abi5	1.00	59	yellow	3.14		3.03	1.31	2.97	1.62

\* GED posicionado entre los 20 primeros lugares de la priorización de la variedad susceptible

Tabla 4.5. Resultado de la priorización de los GED de la condición de anegamiento. Se presentan los 100 primeros genes en la variedad tolerante

Pos.	Id SUCEST	Descripción	Desv. est.	Pos. var. susceptible	Módulo RCEG	Nivel de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ )			
						CC 01-1940		CC 934418	
						Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1	SCJFRT1060F11.g	Cytosolic orthophosphate dikinase	0.55	687	brown	0.55	2.13	0.22	0.22
2	SCMCLR1053G09.g *	Kda proline-rich protein	2.35	1	brown	-1.09	-1.20	-1.20	-1.20
3	SCQGHR1013F03.g	Thiol protease sen102-like	0.00	87	brown	1.39	-2.80	1.53	1.53
4	SCCCLR1075C10.g	Galactinol synthase 3	1.52	523	brown	0.95	-3.49	0.96	0.96
5	SCCCRZ2001F03.g *	Fructose-bisphosphate aldolase	1.00	2	blue		1.86		
6	SCCCLR1001E06.g *	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	0.84	9	blue		3.49		
7	SCEZHR1048C09.g	Thiol protease sen102-like	2.05	26	brown	1.62	-2.37	1.51	1.51
8	SCVPRZ2041B10.g *	Cysteine protease 1 precursor	0.55	6	blue		6.88		
9	SCEQAM2038H04.g	Gdp-l-galactose phosphorylase 2-like	0.00	51	brown	0.99	-2.12	1.25	1.25
10	SCCCLR1048E10.g	Lhy protein	0.00	222	brown	1.34		0.90	0.90
11	SCMCRT2089E02.g	Pyruvate decarboxylase	0.00	25	blue		6.42		
12	SCEPCL6019B10.g	Gdp-mannose pyrophosphorylase	0.00	21	brown	1.36		1.42	1.42
13	SCBGLR1023D05.g	Zinc finger protein lsd1	0.89	882	brown	-1.08	2.44	-1.03	-1.03
14	SCEQRT1024C07.g *	Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	0.71	16	blue		7.80		
15	SCUTLR1058C02.g *	Gdp-l-galactose phosphorylase 2-like	0.55	11	brown	0.86	-1.85	1.01	1.01
16	SCEQAM1036A06.g	Sucrose phosphate synthase	1.22	41	brown	1.08		1.11	1.11
17	SCUTLR2008C10.g	Iron-sulfur cluster assembly protein 1-like	1.00	417	brown	-0.59	-1.66		
18	SCJFRZ1005F03.g *	Chlorophyll a-b binding protein 2	1.48	10	brown	-0.38		-0.43	-0.43
19	SCMCAM2081F05.g	Soluble inorganic pyrophosphatase	0.55	75	brown	0.99	-2.06	1.61	1.61
20	SCCCCL4006H08.g	Alcohol dehydrogenase family-2	1.14	23	blue		4.48		
21	SCJFRT2009B07.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g047250	1.67	110	brown	-0.52	-1.53	-0.22	-0.22
22	SCCCRZ2001C12.g	60s ribosomal protein l23	2.05	204	yellow	-0.81	-0.68	-1.10	-1.10
23	SCCCLR2001H05.g	Alcohol dehydrogenase 1	1.79	108	blue		3.42		
24	SCCCLR1066A10.g *	Protein doublesex-like	2.70	4	blue		2.66		
25	SCEQRT1025H06.g	Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	2.45	59	blue		7.64		
26	SCCCLR1C01H02.g	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp20- chloroplastic-like	8.17	585	brown	-0.71		-1.02	-1.02
27	SCJFRT1005G08.g	Anthranilate n-benzoyltransferase protein 1	0.45	69	brown	1.17	-1.99	1.24	1.24
28	SCCCCL4011D12.g	Pyruvate decarboxylase	2.59	191	blue		3.53		
29	SCCCLR1069A12.g	60s ribosomal protein l9	2.28	487	yellow	-0.74	-0.62	-1.09	-1.09
30	SCEPCL6019C02.g	Leucine-rich repeat-containing protein ddb-g0290503-like	6.88	112	brown	1.33		1.42	1.42
31	SCSBSB1096D03.g	Fructose-bisphosphate aldolase	3.21	30	brown	0.94		1.12	1.12
32	SCCCCL4001E09.g	Pyruvate decarboxylase	2.97	109	blue		6.55		
33	SCCCLR1C02E07.g	60s ribosomal protein l22-2	2.68	711	yellow	-0.76	-0.75	-1.08	-1.08
34	SCCCLR1065E11.g	Wheat cold induced 16	4.00	581	brown	-0.73	-0.76	-1.03	-1.03
35	SCVPRT2074C02.g	Gdp-mannose pyrophosphorylase	2.17	78	brown	1.60		1.52	1.52
36	SCCCLR2004B05.g	Monoglyceride lipase-like	1.87	121	blue	-0.72	-1.73		
37	SCCCCL3002C09.b	Glutathione s-transferase gstd2	1.48	254	turquoise		-0.88		
38	SCQSRT1034F02.g	Aps reductase	15.33	140	brown	1.19		0.59	0.59
39	SCCCLR1079D09.g	Heat shock cognate 70 kda protein 2	5.59	249	brown	1.15		0.90	0.90
40	SCCCRZ1002F06.g	Enolase	0.89	84	blue		2.22		

\* GED posicionado entre los 20 primeros lugares de la priorización de la variedad susceptible

Continúa en la página siguiente

Tabla 4.5. (Continuación)

Pos.	Id SUCEST	Descripción	Desv. est.	Pos. var. susceptible	Módulo RCEG	Nivel de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ )			
						CC 01-1940		CC 934418	
						Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
41	SCCCLR1001C06.g	Stem-specific protein <i>tsjt1</i> -like	1.00	66	blue	2.97			
42	SCCCLR1024B02.g	Galactinol synthase 3	11.00	439	brown	1.29	-3.83		
43	SCCCCL4002B07.g	Ethylene-responsive factor-like protein 1	1.34	67	blue		4.84		
44	SCCCST1008B08.g	Ribonucleoprotein chloroplastic-like	3.70	694	brown	-0.89		-0.99	-0.99
45	SCJLLR1107B04.g	60s ribosomal protein l31	1.82	263	yellow	-0.90	-1.42		
46	SCCCLR1C04A09.g	<i>Tpa</i> : heavy metal transport detoxification superfamily protein	2.70	1429	turquoise	0.57	1.22		
47	SCBGLR1002G12.g	Alcohol dehydrogenase 1	1.52	264	blue		3.66		
48	SCRLSD2009F04.g	Hypothetical protein	4.55	714	brown	-0.55			
49	SCCCCL3005B06.b *	<i>Yt521-b</i> -like family expressed	3.83	12	blue		1.27		
50	SCSFLR2024A02.g	Probable calcium-binding protein <i>cml15</i> -like	6.22	2344	brown		-0.97		
51	SCUTAM2009B05.g	Nadp-dependent malic enzyme	16.16	589	brown	-0.08	2.68	-0.07	-0.07
52	SCCCLR2C02C11.g	60s ribosomal protein l38	1.64	356	yellow	-0.91	-0.98		
53	SCEQLR1029H08.g	Glycine-rich rna-binding protein 2	2.77	28	brown	-0.90	-0.56	-1.29	-1.29
54	SCJLRT1014E07.g	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1-like	1.34	268	blue		7.80		
55	SCJFRT1009E03.g	Cysteine proteinase	1.30	494	blue		7.26		
56	SCCCSD2092A12.g	Thylakoid membrane protein <i>slr0575</i> -like	14.49	2793	brown	-0.75			
57	SCCCLR1048B08.g	Triosephosphate chloroplastic-like	18.67	479	brown	-0.23			
58	SCUTLR2015A04.g	Chaperone protein dnaj	1.82	2188	brown	-0.82		-0.80	-0.80
59	SCJFLR1073D03.g	Glutamate-1-semialdehyde - chloroplastic-like	13.86	1129	brown	-0.97		-1.47	-1.47
60	SCJFRT1005D04.g	Pyruvate decarboxylase isozyme 2	1.64	245	blue		2.44		
61	SCCCRZ1002E05.g	Pyruvate kinase	1.64	118	blue		2.31		
62	SCCCLR1001F04.g	Cold acclimation protein	3.03	34	turquoise	-0.59	-1.25	-0.79	-0.79
63	SCCCLR1C04H09.g	<i>Yt521-b</i> -like family expressed	4.18	83	blue		1.29		
64	SCEZAD1C05E07.g	Magnesium-chelatase subunit chloroplastic-like	7.67	250	brown		-0.20	-0.20	
65	SCVPRT2073F02.g	Ap2 domain transcription factor erebp	3.29	103	blue		5.38		
66	SCCCLR1070D08.g	Glycine-rich rna-binding protein 7	0.84	852	grey	-0.93	-0.70	-1.05	-1.05
67	SCCCLR1048D04.g	Glutathione transferase	15.04	815	brown	-1.24	2.10	-1.22	-1.22
68	SCQSRT1035E10.g	Phosphoserine chloroplastic-like	4.16	56	blue		1.85		
69	SCJFHR1C03C09.g	Hypothetical protein	5.27	47	brown	0.60		0.65	0.65
70	SCBFLR1039E05.g	40s ribosomal protein s23	1.82	262	yellow	-0.79	-1.28		
71	SCCCLR1001E04.g	Ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase small subunit	13.20	170	brown	-0.22		-0.43	-0.43
72	SCCCRZ2C01E09.g	Mitochondrial uncoupling protein 5-like	8.79	308	turquoise	-0.25	-1.82		
73	SCCCLR2004E03.g	60s ribosomal protein l23	3.42	248	yellow	-0.95	-0.99		
74	SCMCL6053D03.g	Dof zinc finger protein	3.21	470	yellow	1.74	2.48		
75	SCCCLR2004G12.g	Aci112 protein	5.24	68	brown	1.00		0.99	0.99
76	SCCCLR2002D05.g	60s ribosomal protein l39	2.86	301	yellow		-0.90		
77	SCCCRZ1002E08.g	Plasma membrane intrinsic protein	28.79	404	blue	0.80	-0.78	0.67	0.67
78	SCMCSD1063G06.g	<i>Af378856-1 at4g19390 t5k18-170</i>	7.40	202	brown	0.76		0.80	0.80
79	SCBGLR1116G07.g	Glycerol-3-phosphate transporter 1-like	7.96	57	blue	1.35	1.04	1.50	1.50
80	SCVPRT2075C09.g	Cytosolic orthophosphate dikinase	12.82	546	brown	0.23	2.13	-0.03	-0.03

\* GED posicionado entre los 20 primeros lugares de la priorización de la variedad susceptible

Continúa en la página siguiente

Tabla 4.5. (Continuación)

Pos.	Id SUCEST	Descripción	Desv. est.	Pos. var. susceptible	Módulo RCEG	Nivel de expresión ( $\log_2(\text{FC})$ )			
						CC 01-1940		CC 934418	
						Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
81	SCEQRT2101D07.g	<i>Uncharacterized protein loc101780407</i>	7.76	58	<i>blue</i>	6.79			
82	SCQGLR1041G12.g	-NA-	3.78	614	<i>yellow</i>	-1.11			
83	SCCCCL4004C09.g	<i>Octicosapeptide phox bem1p domain-containing family protein</i>	6.16	799	<i>blue</i>	0.97			
84	SCJLHR1027A10.g	<i>Psbp domain-containing protein chloroplastic-like</i>	9.34	678	<i>brown</i>	-1.05		-1.19	-1.19
85	SCEZRZ1014A06.g	<i>Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein</i>	3.49	164	<i>grey</i>	1.00	-1.30	1.17	1.17
86	SCSGLV1008C05.b *	<i>Fructose-bisphosphate cytoplasmic isozyme 1-like</i>	5.86	14	<i>brown</i>	0.72		0.92	0.92
87	SCCCLR1076E12.g	<i>Mitochondrial uncoupling protein 5-like</i>	8.80	323	<i>turquoise</i>	0.04	-2.00		
88	SCCCRZ2003B05.g	<i>Enzyme of the cupin superfamily</i>	21.48	843	<i>brown</i>	-0.13			
89	SCSGRT2064G11.g	<i>Map kinase family protein</i>	15.81	906	<i>brown</i>	1.14		1.03	1.03
90	SCCCCL3120G07.g	<i>Probable mediator of rna polymerase ii transcription subunit 37c-like</i>	18.19	338	<i>grey</i>	1.27	0.76	0.20	0.20
91	SCCCCL4011H08.g	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphotransferase subunit beta-like</i>	5.18	130	<i>blue</i>	2.44			
92	SCEZLB1012C10.g *	<i>Soluble inorganic pyrophosphatase</i>	12.11	17	<i>brown</i>	0.53	-1.69	1.48	1.48
93	SCCCLR1C01B10.g	<i>Persulfide dioxygenase ethel mitochondrial-like</i>	5.94	86	<i>blue</i>	2.55			
94	SCAGAM2123H11.g	<i>Adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>	7.98	1322	<i>brown</i>	1.21			
95	SCCCCL3001B07.b	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphotransferase subunit alpha-like</i>	4.53	226	<i>blue</i>	2.48			
96	SCQSHR1020A07.g	<i>60s ribosomal protein</i>	9.26	517	<i>grey</i>	0.72			
97	SCCCCL3004A08.b	<i>Early nodulin 93</i>	4.53	409	<i>blue</i>	5.12			
98	SCACCL6011G12.g	<i>Early light-induced protein</i>	20.77	119	<i>brown</i>	1.53	2.41		
99	SCRULB1060G07.g	<i>Cobw domain-containing protein 1-like</i>	2.17	3323	<i>brown</i>	-1.15			
100	SCJLLR1011C10.g	<i>Aspartate aminotransferase</i>	6.65	64	<i>blue</i>	2.55			

\* GED posicionado entre los 20 primeros lugares de la priorización de la variedad susceptible

## PRIORIZACIÓN DE GENES EXPRESADOS DIFERENCIALMENTE

Por último se presentan los gráficos de *ranking* de los primeros 100 genes en las priorizaciones realizadas en la condición de DH en la Figura 4.9, y en anegamiento en la Figura 4.10.

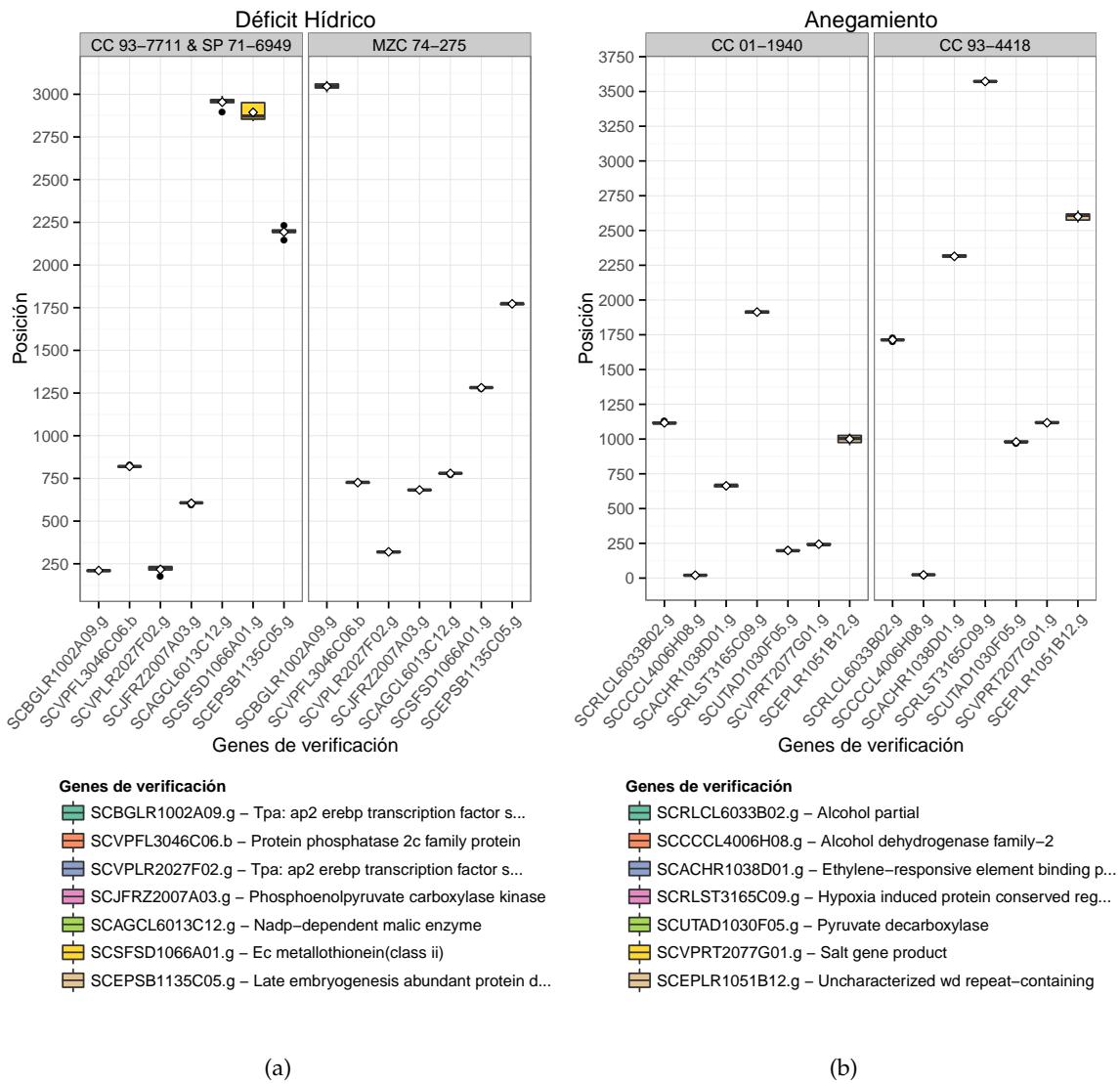


Figura 4.8. Distribución de las posiciones de los genes de verificación en la priorización de los conjuntos completos de GED. Se muestra la distribución de posiciones a lo largo de los listados generados durante el el proceso de priorización. Los puntos en forma de diamante indican las posiciones promedio. (a) Déficit Hídrico. (b) Anegamiento.

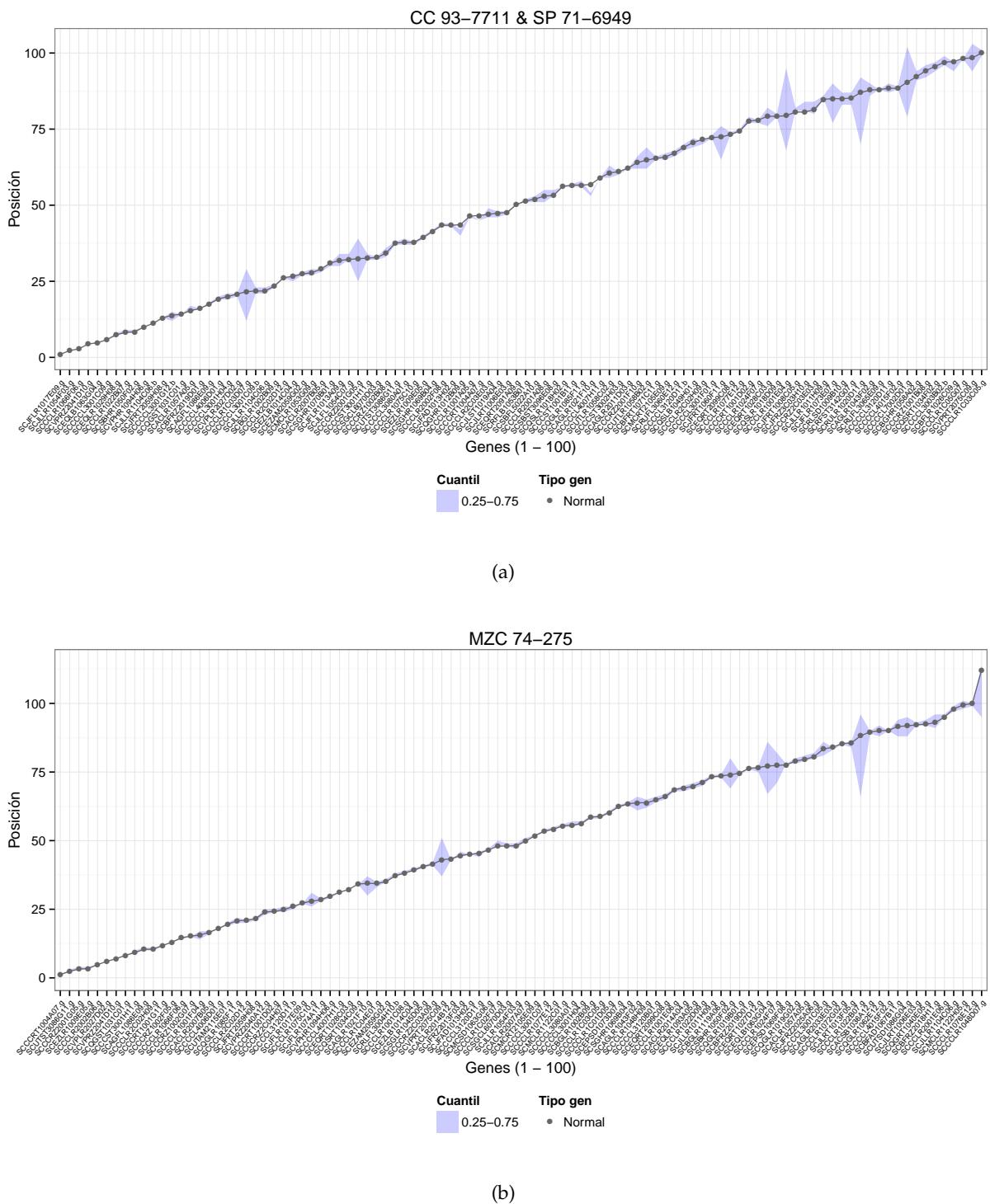


Figura 4.9. Gráficos parciales de la priorización del conjunto completo de GED de DH. Los puntos representan la posición media de los genes y el área sombreada delimita el primer y tercer cuartil de la distribución de las posiciones de cada gen. Se presentan los primeros 100 lugares en cada característica. (a). Priorización variedades tolerantes. (b). Priorización variedad susceptible.

## PRIORIZACIÓN DE GENES EXPRESADOS DIFERENCIALMENTE

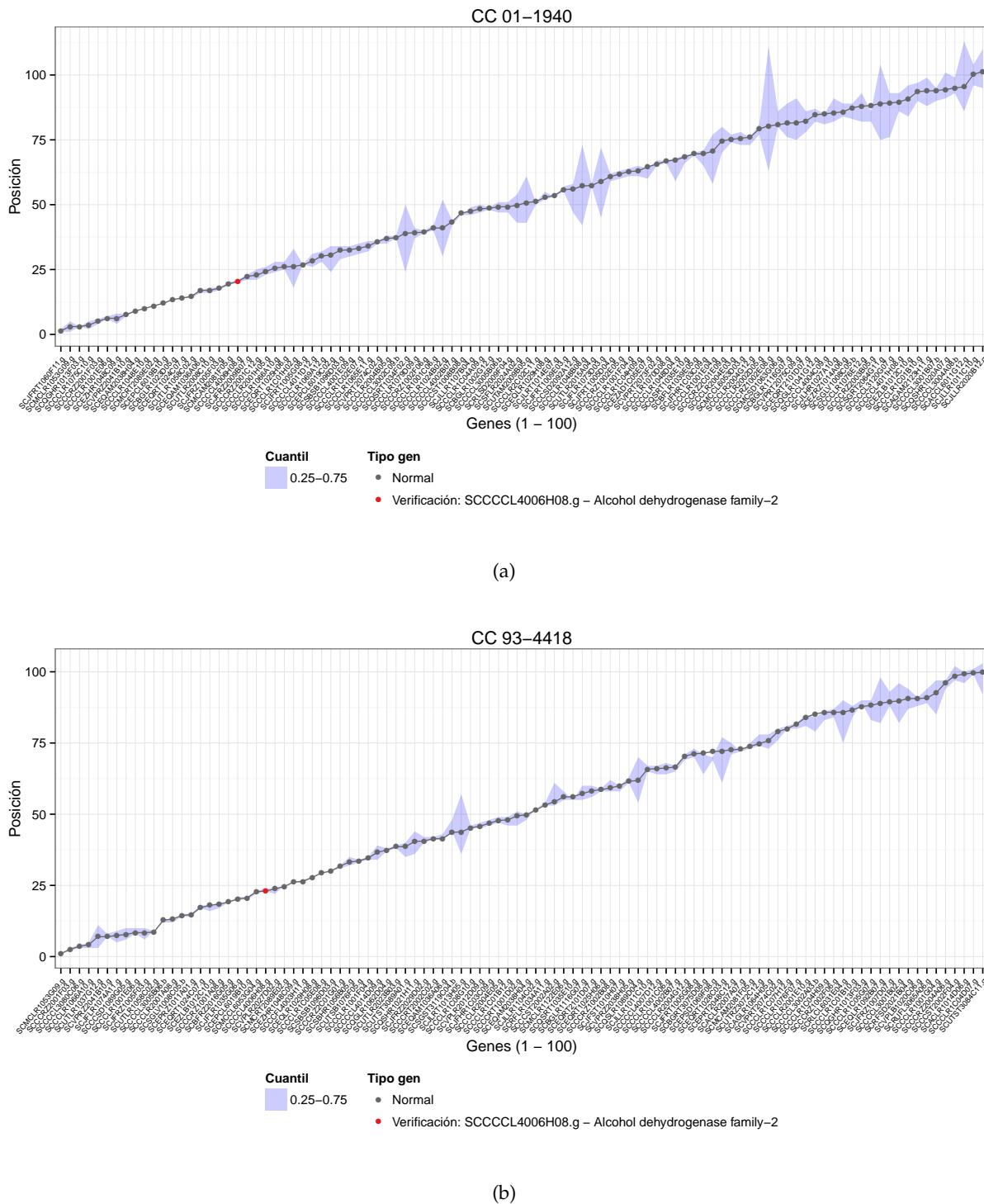


Figura 4.10. Gráficos parciales de la priorización del conjunto completo de GED de anegamiento. Los puntos representan la posición media de los genes y el área sombreada delimita el primer y tercer cuartil de la distribución de las posiciones de cada gen. En color rojo se encuentra resaltado uno de los genes de verificación. Se presentan los primeros 100 lugares en cada característica. (a). Priorización variedades tolerantes. (b). Priorización variedad susceptible.

## 4.4 DISCUSIÓN

### 4.4.1 Procedimiento de priorización SVM-RFE

La aplicación de las **SVM** en el ámbito biológico con información de expresión génica, se encuentra muy bien documentada en la literatura para el caso de los datos provenientes de microarreglos de **ADN** pero no para aquellos obtenidos mediante **RNA-Seq**. Entendiendo las diferencias entre estas dos tecnologías, la aplicación del método **SVM-RFE** usando información **RNA-Seq**, supuso la revisión de aspectos importantes sobre los datos y sobre el mismo procedimiento de priorización.

En cuanto a los datos, el primer aspecto revisado fue el tipo de valor de expresión a ser utilizado en el proceso de priorización, por lo cual se compararon los métodos **RPKM** y **VST**. Mediante las pruebas realizadas, se buscó hacer la elección del tipo más adecuado, teniendo como base la menor variación en la posición de los genes a lo largo de los listados generados en las múltiples priorizaciones ejecutadas sobre el conjunto de prueba.

En la condición de **DH**, al analizar los resultados ([Figura 4.3.a](#)) no es claro cuál de los dos tipos de datos presentó en general la menor dispersión en las posiciones. Por ejemplo el gen 1 (SCBGLR1002A09.g) muestra una dispersión amplia en los datos **RPKM** en las variedades CC 93-7711 y MZC 74-275 pero se ve estable en la variedad SP 71-6949. Con excepción de los genes 2 y 4, los otros genes tienen diferencias marcadas en sus dispersiones entre las tres variedades. De la misma manera en los datos **VST** genes como el 5, 6 y 7 (SCAGCL6013C12.g, SCSFSD1066A01.g y SCEPSB1135C05.g) que aparecen muy estables en las variedades CC 93-7711 y MZC 74-275, tienen una amplia dispersión en la variedad SP 71-6949. Al analizar los resultados desde el punto de vista de las categorías de los genes de verificación (relevantes/sin información) puede observarse consistencia. Con datos **RPKM** los genes relevantes (1 al 4) ocupan lugares en el primer tercio de las listas (posición 1 a la 167) en las tres variedades. Esto concuerda con lo esperado pues genes importantes en los procesos relacionados con la condición de interés (**DH** en este caso) deberían estar situados en lugares cercanos al principio de la priorización [[3](#), [4](#)]. Los genes sin información ocupan lugares más allá del primer tercio con este mismo tipo de datos. Una observación importante es el hecho de que estos genes sin información tienen niveles de expresión más altos que los relevantes, lo que indica que la priorización mediante **SVM-RFE** no estuvo basada exclusivamente en los niveles de expresión. Con datos **VST** hay menor consistencia en las posiciones de los genes. Tres de los genes relevantes (2 al 4) se ubican en el primer tercio de los listados y en general son más consistentes en las tres variedades en comparación con los genes sin información (4 al 7), los cuales están ubicados en los primeros lugares de los listados solo en las variedades CC 93-7711 y MZC 74-275. En resumen, los datos **RPKM** muestran más consistencia en la priorización en la condición de **DH** en comparación con los datos **VST**.

Para la condición de anegamiento ([Figura 4.3.b](#)), puede observarse que los datos **RPKM**, muestran menor dispersión de las posiciones en ambas variedades en comparación con lo observado en los datos **VST**. Con los datos **VST** se presenta una dispersión mucho mayor en los genes sin información. Desde este punto de vista, los datos **RPKM** resultan ser más apropiados en la condición de anegamiento.

A partir de los resultados de las pruebas de priorización sobre los dos tipos de datos, puede observarse que los valores **RPKM** muestran una vez más la consistencia necesaria para el análisis que se busca, en este caso la priorización **SVM-RFE**, de igual manera como ocurrió previamente con las redes de coexpresión de genes ([Capítulo 3](#)). Teniendo en cuenta las razones expuestas anteriormente, los datos **RPKM** fueron seleccionados como el tipo de valor de expresión para ejecutar las priorización general sobre todo el conjunto de datos.

El segundo aspecto considerado sobre los datos fue el preprocesamiento mediante una transformación. Durante las pruebas de valor de expresión se presentó un comportamiento anómalo en algunos entrenamientos **SVM** (detalles en la sección [4.3.2.2](#)), el cual se detectó por los mensajes de la biblioteca LIBSVM informando haber alcanzado el máximo número de iteraciones del algoritmo **SVM** implementado. Esto significa que en algunos casos el entrenamiento pudo haberse interrumpido, con lo cual, es probable que el hiperplano de separación encontrado por el algoritmo no haya sido el mejor. Este error posiblemente se debe a dos razones: (1) una falta de normalización y/o escalamiento de los datos, o (2) a desbalance en las clases, es decir el número de muestras etiquetadas con la clase control (etiqueta 1) es muy superior a las etiquetadas con clase estrés (etiqueta -1) o viceversa. Dado que el último problema no se presenta con los datos procesados, se hizo más factible la posibilidad de que el error se debiera a la primera razón. Además, esta posibilidad se ve apoyada por el hecho de que los datos **RPKM** utilizados tienen valores en rangos amplios, con 0.0 - 21839.27 para el conjunto de **DH** y 0.0 - 7387.97 para el de anegamiento, lo que puede afectar el desempeño de las **SVM** al procesar datos con magnitudes grandes. Debido a esto, surgió la necesidad de encontrar una transformación de los datos **RPKM** que no afectara los resultados de la priorización y que favoreciera la correcta ejecución del entrenamiento.

En los resultados de las pruebas, en la condición de **DH** ([Figura 4.4](#)), al comparar los datos **RPKM** crudos (primera columna) con las transformaciones, se observa que con la estandarización **z-score** se conserva el patrón de posiciones promedio y dispersión de las posiciones de los genes, en las tres variedades. Por el contrario, el patrón de posiciones cambia completamente con la transformación logarítmica y de norma euclíadiana. En el caso de anegamiento ([Figura 4.5](#)) también se observan patrones de posiciones muy parecidos entre la estandarización **z-score** y los valores **RPKM** sin estandarizar. En esta condición se tiene además una mayor dispersión en las posiciones de los genes con la transformación logarítmica y la norma euclíadiana. En general, puede corroborarse con los gráficos el efecto de la estandarización **z-score**, que realiza un reescalamiento de los datos conservando su distribución, lo cual no afecta en gran medida las posiciones de los genes en la priorización. Considerando lo anterior, la estandari-

zación z-score resultó ser la más  adecuada para aplicarse a los datos de expresión RPKM con el objetivo de ejecutar las priorizaciones del conjunto de datos completo del estudio.

Como parte del proceso de priorización también se evaluó la estabilidad de las posiciones. De acuerdo con los resultados de las pruebas realizadas (Figura 4.6 y 4.7.), en general se alcanzó una buena estabilidad con las iteraciones del procedimiento SVM-RFE ejecutado tanto en DH como en anegamiento. El área sombreada en los gráficos, que representa los cuantiles 0.25 y 0.75 de la distribución de las posiciones, evidencia pocas variaciones en la priorización. Es de especial atención la primera mitad del listado en donde se ubican los genes más informativos para hacer la diferencia entre condiciones control y estrés. En esta parte se observan variaciones mínimas en las variedades tolerantes de cada condición (Figura 4.6.a y 4.7.a). Las variedades susceptibles presentan variaciones ligeramente mayores que las tolerantes en esta parte de los listados. De acuerdo con los resultados, se estableció en 200 el número de ejecuciones SVM-RFE en una ronda, 50 iteraciones más de las calculadas en las pruebas mediante el criterio de parada. Además, para disminuir aún más la variabilidad, se estableció la ejecución de cinco rondas completas para realizar la priorización general de un conjunto de datos.

La implementación del método SVM-RFE presentado es un logro importante por dos razones. En primer lugar, se adaptó el proceso en datos RNA-Seq realizando un cuidadosa revisión de aspectos sobre los datos y además de la estabilidad del proceso de priorización, lo cual no está documentado anteriormente, y en segundo lugar, se ha implementado una técnica de aprendizaje de máquina para el estudio de la expresión génica en plantas, un campo en el cual estas técnicas han sido poco exploradas.

#### 4.4.2 Priorización general de GED mediante SVM-RFE

Con los parámetros establecidos mediante las pruebas se logró priorizar los conjuntos de GED para cada condición en las variedades tolerantes y susceptibles. Antes de analizar los listados obtenidos, vale la pena revisar de manera general el funcionamiento del procedimiento SVM-RFE para entender mejor el significado de la priorización de los genes. El algoritmo SVM-RFE asigna el orden a los genes teniendo en cuenta lo informativo o relevante que es cada uno al momento de separar los datos entre las clases control y estrés. Desde este punto de vista, los primeros lugares de la priorización representan los genes cuyo patrón de expresión fue más consistente para diferenciar entre condiciones control y estrés, de acuerdo con los datos de los experimentos suministrados para el entrenamiento de las SVM. De esta manera los listados proveen pistas importantes acerca de los genes más relevantes en los procesos de estrés por DH y anegamiento.

Teniendo en cuenta lo anterior, y sabiendo que para cada condición se tiene un listado proveniente de variedades tolerantes y otro de las susceptibles, para seleccionar los genes que tengan mayor posibilidad de estar involucrados en la tolerancia a una condición, se deben

analizar en conjunto los dos listados. Partiendo de la idea de que variedades tolerantes expresan algunos de sus genes de manera distinta a las variedades susceptibles, entonces conviene ver las diferencias y coincidencias entre listados de las dos categorías. Aquellos **GED** bien ubicados en los dos listados, tienen relevancia en los procesos de estrés hídrico tanto en las variedades tolerantes como en las susceptibles y podrían considerarse como genes activados de manera genérica en respuesta a las condiciones de estrés, por lo cual es probable que no tengan un gran impacto en la mediación de estas condiciones. Por el contrario, los **GED** bien posicionados únicamente en las variedades tolerantes, son objeto de especial interés pues podrían tratarse de genes que juegan un papel importante en la tolerancia al estrés hídrico.

En los listados de los genes priorizados de las variedades tolerantes ([Tabla 4.4](#) y [4.5](#)), están marcados con un asterisco (\*) los genes que tienen una buena posición en la priorización de la variedad susceptible (en los 20 primeros lugares). Haciendo a un lado estos genes, se tienen entonces los **GED** bien ubicados en priorización de las variedades tolerantes pero con mala ubicación en las variedades susceptibles. Estos **GED** son interesantes pues podrían ser genes que intervienen en los mecanismos que les permiten a las variedades tolerantes soportar mejor las condiciones de estrés hídrico. Cabe aclarar que el límite de 20 lugares para hacer la exclusión de los genes bien ubicados en los listados de las variedades susceptibles, se ha establecido arbitrariamente con fines ilustrativos.

Existen reportes de estudios anteriores en los que genes homólogos a los **GED** bien posicionados únicamente en las variedades tolerantes de **DH**, tienen relación con la respuesta a esta condición e incluso son responsables en algunos casos de la tolerancia a la misma. Por ejemplo, se sabe que las enzimas de tipo *Galactinol-Sucrose Galactosyltransferase* (posición 1) son necesarias para la biosíntesis de oligosacáridos *Raffinose*, importantes en la tolerancia a disecación en semillas de soya y maíz, y además en *A. thaliana*, la sobreexpresión de una enzima de este tipo mejoró la tolerancia a **DH** (revisado [\[17\]](#)). Se ha observado que genes del tipo *Carbonic Anhydrase* (CA) (posición 5 y 9) aumentan su actividad durante los primeros períodos de **DH** en genotipos de trigo tolerantes a **DH** [\[18\]](#). Genes de la familia *Glycine-Rich RNA-binding Protein* (GR-RBP) (posición 7) han mostrado ser activados bajo distintos estreses abióticos (revisado en [\[19\]](#)) y han sido caracterizados como importantes en los procesos de deshidratación y rehidratación en plantas de *Boea hygrometrica* [\[20\]](#). Se ha demostrado también que un gen de este tipo (GR-RBP1) es sobreexpresado en una especie de manzana altamente tolerante a **DH** (*Malus prunifolia* (Willd.) Borkh.) [\[21\]](#). Por último, se ha reportado que la represión de genes del tipo *Chlorophyll A-B Binding Protein* en *A. thaliana* reduce la tolerancia a **DH** mediante la regulación de la apertura de los estomas.

En el caso de los genes bien ubicados de manera exclusiva en la priorización de la variedad tolerante de anegamiento, también se tienen reportes de su relación con la respuesta a esta condición. Se ha reportado que genes del tipo *Cytosolic Pyruvate Phosphate Dikinase* (PPDK) (posición 1) posiblemente tengan un papel importante en la tolerancia a anegamiento en arroz y *Rorippa sylvestris* (revisado en [\[22\]](#)). Se sabe además que enzimas PPDK se activan en caña

de azúcar en respuesta a otros estreses abióticos como bajas temperaturas y DH (revisado en [23]). Se tienen reportes en maíz acerca de proteínas del tipo *Cysteine Protease*, también conocidas como *Thiol Proteases* (posición 3 y 7), las cuales están relacionadas con la tolerancia a anoxia (ausencia de oxígeno) (revisado en [24]), condición que junto con la hipoxia (bajo nivel de oxígeno) pueden ser causadas por anegamiento. Se sabe que proteínas del tipo LHY (posición 10) codifican factores de transcripción MYB los cuales han sido reportados como altamente expresados en trigo bajo condiciones de hipoxia [25]. Finalmente, se sabe que en arroz bajo condiciones de escasez de oxígeno, se ha observado la inducción de la enzima *Pyruvate Decarboxilase* (PDC) (posición 11) junto con la enzima *Alcohol Dehydrogenase*, la cual se ha demostrado tener relevancia en la tolerancia a anegamiento en soya [14].

Por otro lado, conviene analizar los resultados de la priorización desde el punto de vista de la estabilidad del procedimiento SVM-RFE. Puede verse mediante la Figura 4.8 que el proceso fue más estable hacia la primera parte de los listados, lo cual significa que los genes más informativos fueron priorizados más consistentemente en sus posiciones en comparación con los ubicados en la parte final de los listados los cuales son menos informativos. Esto se evidencia con la desviación estándar de las posiciones (Tabla 4.4 y 4.5) cuyos valores tienden al aumento conforme se avanza en los lugares de la priorización, lo cual se refleja en el área sombreada que representa la dispersión de las posiciones en los gráficos de la Figura 4.9 y 4.10. Comparando los valores de desviación estándar y áreas sombreadas de los gráficos, se nota que la priorización en los primeros 100 lugares fue más estable para la condición de DH que para anegamiento.

Sobre la ubicación de los genes de verificación en la priorización general, llama la atención que solamente uno de los 14 seleccionados para DH y anegamiento, se ubicó entre los 100 primeros lugares de las priorizaciones. Solamente en la condición de anegamiento el GED SCCCCL4006H08.g – *Alcohol dehydrogenase family–2*, se ubicó en las posiciones 20 y 23 de los listados finales de la variedad tolerante y susceptible, respectivamente. Desde el punto de vista de las pistas que aporta la priorización, cabe pensar que los genes mejor ubicados que los probados en otras especies (genes relevantes de verificación), sean genes importantes cuya relación e influencia en las condiciones de estrés hídrico no han sido aún suficientemente caracterizadas.

Otro aspecto que vale la pena mencionar, es la relación de la priorización con la información obtenida de las redes de coexpresión de genes. Bajo el hecho de que los módulos agrupan los genes cuyos patrones de expresión son más parecidos, se esperaría una relación entre este hecho y la priorización de los genes, es decir que grupos de genes ubicados en posiciones seguidas o muy cercanas correspondan a un mismo módulo. No es clara esta correspondencia de acuerdo con lo observado en la primera parte de estos listados, pues al tomar un número pequeño de ellos (30 primeros genes), estos se distribuyen en la mitad (o más) de los módulos detectados de las RCEG respectivas.

Haber obtenido una priorización de los **GED** es importante para lograr una selección de genes candidatos relacionados con tolerancia a estrés hídrico, pues aporta información valiosa sobre la relevancia de los genes dentro de los procesos complejos que se desencadenan bajo condiciones **DH** y anegamiento. Lo anterior, hace que la priorización se convierta en una muy buena herramienta para guiar el proceso de selección enfocando la atención en genes que tienen mayores probabilidades de ser determinantes en la mediación del estrés por **DH** y anegamiento en caña de azúcar.

#### 4.5 REFERENCIAS

- [1] I. Guyon, J. Weston, S. Barnhill et al., "Gene Selection for Cancer Classification using Support Vector Machines", en, *Machine Learning*, vol. 46, n.<sup>o</sup> 1-3, págs. 389-422, 2002 (vid. págs. 75, 78, 79).
- [2] Y. Ren, D. Wang, Y. Wang et al., "Prediction of disease-resistant gene in rice based on SVM-RFE", en *2010 3rd International Conference on Biomedical Engineering and Informatics*, vol. 6, IEEE, oct. de 2010, págs. 2343-2346 (vid. pág. 75).
- [3] J. Wang, F. Zhang, Y. Wang et al., "Identification of Salt Tolerance Genes in Rice from Microarray Data using SVM-RFE.", *International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (BICoB)*, 3rd, n.<sup>o</sup> 1, págs. 30-35, 2011 (vid. págs. 75, 101).
- [4] Y. Liang, F. Zhang, J. Wang et al., "Prediction of drought-resistant genes in Arabidopsis thaliana using SVM-RFE.", *PloS one*, vol. 6, n.<sup>o</sup> 7, D. Zhu, ed., e21750, ene. de 2011 (vid. págs. 75, 78, 79, 84, 101).
- [5] A. Mortazavi, B. A. Williams, K. McCue et al., "Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq.", *Nature methods*, vol. 5, n.<sup>o</sup> 7, págs. 621-8, jul. de 2008 (vid. pág. 76).
- [6] S. Anders y W. Huber, "Differential expression analysis for sequence count data.", *Genome biology*, vol. 11, n.<sup>o</sup> 10, R106, ene. de 2010 (vid. pág. 76).
- [7] P. Lamesch, T. Z. Berardini, D. Li et al., "The Arabidopsis Information Resource (TAIR): Improved gene annotation and new tools", *Nucleic Acids Research*, vol. 40, n.<sup>o</sup> Database issue, págs. D1202-10, ene. de 2012 (vid. pág. 77).
- [8] H. Sakai, S. S. Lee, T. Tanaka et al., "Rice annotation project database (RAP-DB): An integrative and interactive database for rice genomics", *Plant and Cell Physiology*, vol. 54, n.<sup>o</sup> 2, e6, feb. de 2013 (vid. págs. 77, 84).
- [9] M. L. Schaeffer, L. C. Harper, J. M. Gardiner et al., "MaizeGDB: Curation and outreach go hand-in-hand", *Database*, vol. 2011, bar022, ene. de 2011 (vid. pág. 78).

- [10] J. F. N. C. de Oliveira, "Caracterização fisiológica e perfil de expressão gênica de cultivares de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp) contrastantes para o deficit hídrico", Tesis doct., Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2012, pág. 327 (vid. págs. 78, 84).
- [11] F. R. Rocha, F. S. Papini-Terzi, M. Y. Nishiyama et al., "Signal transduction-related responses to phytohormones and environmental challenges in sugarcane.", *BMC genomics*, vol. 8, n.º 1, pág. 71, ene. de 2007 (vid. págs. 78, 84).
- [12] K. Xu, X. Xu, T. Fukao et al., "Sub1A is an ethylene-response-factor-like gene that confers submergence tolerance to rice.", *Nature*, vol. 442, n.º 7103, págs. 705-8, ago. de 2006 (vid. págs. 78, 84).
- [13] X. Zou, Y. Jiang, L. Liu et al., "Identification of transcriptome induced in roots of maize seedlings at the late stage of waterlogging.", *BMC plant biology*, vol. 10, pág. 189, ene. de 2010 (vid. págs. 78, 84).
- [14] M. Tougou, A. Hashiguchi, K. Yukawa et al., "Responses to flooding stress in soybean seedlings with the alcohol dehydrogenase transgene", *Plant Biotechnology*, vol. 29, n.º 3, págs. 301-305, 2012 (vid. págs. 78, 84, 105).
- [15] C.-C. Chang y C.-J. Lin, *LIBSVM: A library for support vector machines*, 2011 (vid. pág. 78).
- [16] E. Dimitriadou, K. Hornik, F. Leisch et al., *e1071: Misc Functions of the Department of Statistics (e1071)*, TU Wien. R package version 1.6-4, 2014. Dirección: <http://cran.r-project.org/web/packages/e1071/index.html> (vid. pág. 78).
- [17] V. Amiard, A. Morvan-Bertrand, J.-P. Billard et al., "Fructans, but not the sucrosyl-galactosides, raffinose and loliose, are affected by drought stress in perennial ryegrass.", *Plant physiology*, vol. 132, n.º 4, págs. 2218-2229, ago. de 2003 (vid. pág. 104).
- [18] N. Guliyev, S. Bayramov y H. Babyev, "Effect of Water Deficit on Rubisco and Carbonic Anhydrase Activities in Different Wheat Genotypes", *Photosynthesis. Energy from the Sun. 14th International Congress on Photosynthesis*, n.º 1993, págs. 1465-1468, 2008 (vid. pág. 104).
- [19] Z. J. Lorković, "Role of plant RNA-binding proteins in development, stress response and genome organization.", *Trends in plant science*, vol. 14, n.º 4, págs. 229-36, mayo de 2009 (vid. pág. 104).
- [20] L. Wang, H. Shang, Y. Liu et al., "A role for a cell wall localized glycine-rich protein in dehydration and rehydration of the resurrection plant *Boea hygrometrica*", *Plant Biology*, vol. 11, págs. 837-848, 2009 (vid. pág. 104).
- [21] S. Wang, D. Liang, S. Shi et al., "Isolation and Characterization of a Novel Drought Responsive Gene Encoding a Glycine-rich RNA-binding Protein in *Malus prunifolia* (Willd.) Borkh", *Plant Molecular Biology Reporter*, vol. 29, págs. 125-134, 2011 (vid. pág. 104).

- [22] A. Mustroph, N. Hess y R. Sasidharan, "Hypoxic Energy Metabolism and PPi as an Alternative Energy Currency", en *Low-Oxygen Stress in Plants*, J. T. van Dongen y F. Licausi, eds., 2014, págs. 165-184 (vid. pág. [104](#)).
- [23] R. A. Azevedo, R. F. Carvalho, M. C. Cia et al., "Sugarcane Under Pressure: An Overview of Biochemical and Physiological Studies of Abiotic Stress", *Tropical Plant Biology*, vol. 4, n.º 1, págs. 42-51, ene. de 2011 (vid. pág. [105](#)).
- [24] C. C. Subbaiah, "Molecular and Cellular Adaptations of Maize to Flooding Stress", *Annals of Botany*, vol. 91, n.º 2, págs. 119-127, ene. de 2003 (vid. pág. [105](#)).
- [25] N. Kuno, S. G. Møller, T. Shinomura et al., "The novel MYB protein EARLY-PHYTOCHROME- RESPONSIVE1 is a component of a slave circadian oscillator in Arabidopsis.", *The Plant cell*, vol. 15, n.º October, págs. 2476-2488, 2003 (vid. pág. [105](#)).

# 5

## MODELO PARA ASISTIR LA SELECCIÓN DE GENES CANDIDATOS

---

### 5.1 INTRODUCCIÓN

Características agronómicas como la tolerancia al estrés hídrico son posibles gracias al funcionamiento conjunto de muchos genes a la vez, lo cual dificulta la tarea de identificar los genes directamente responsables por su activación. Un enfoque muy común para encontrar los genes responsables de una característica, son los estudios de expresión diferencial dado que permiten identificar los genes que se activan o reprimen (**GED**) durante una condición de estrés de interés. Así, este enfoque permite restringir la búsqueda al subconjunto del genoma del organismo que se encuentra expresado (transcriptoma). Sin embargo, estos estudios son bastante sensibles y pueden detectar cambios de expresión en genes que no son directamente responsables por la condición de interés. Por ejemplo, si las condiciones de temperatura son más altas de lo normal en el momento de la toma de muestras de tejido de plantas bajo estrés por déficit hídrico, los análisis de expresión pueden revelar activación de genes no relacionados con la respuesta a la escasez de agua sino con la respuesta a los choques térmicos. De esta manera, la cantidad de **GED** identificados llega a ser de varios cientos e incluso de miles, lo cual es poco práctico para estudios funcionales. Aunque se realizan repeticiones biológicas para contrarrestar estos efectos ambientales alternos, factores como el tiempo o los costos de secuenciación (en el caso **RNA-Seq**) pueden limitar el número de experimentos que se pueden realizar. Estos inconvenientes llevan a plantear alternativas para la selección de genes relevantes para características de interés en las que no se consideren exclusivamente los altos o bajos niveles de expresión génica.

En este trabajo, se han descrito previamente diferentes enfoques de análisis de datos de expresión con el objetivo de identificar, a partir de datos **RNA-Seq**, los genes más  relevantes relacionados con la tolerancia a estrés hídrico en caña de azúcar. En este capítulo se han organizado todos los análisis descritos con el objetivo de construir un modelo que integre los resultados más  relevantes encontrados hasta el momento.

### 5.2 DESCRIPCIÓN DEL MODELO

La necesidad inicial fue la de encontrar una manera de facilitar el proceso de selección de un grupo pequeño de genes candidatos con posibilidades de conferir tolerancia a estrés por déficit hídrico y anegamiento en caña de azúcar, partiendo de los miles de **GED** identificados

a través del AED sobre datos RNA-Seq. Para lograr esto se consideró desarrollar un modelo que facilitara la selección a partir de la información obtenida mediante tres análisis o enfoques diferentes de los datos de expresión génica existentes. La idea fue tomar lo mejor de cada enfoque mediante la definición de categorías para tomar los genes sobresalientes de cada análisis.

En primer lugar, siguiendo uno de los métodos de selección de genes frecuentemente utilizados, se tomó la información de niveles de expresión y anotación funcional. Mediante este enfoque se toman en cuenta aquellos genes que se convierten en candidatos naturales debido a dos razones fundamentales: sus altos niveles de sobreexpresión o represión durante condiciones de estrés hídrico, y su participación en procesos biológicos relacionados con las condiciones de estrés hídrico. De acuerdo con la expresión, se seleccionan los GED con mayores niveles de sobreexpresión y represión durante las condiciones de DH y anegamiento en todo el estudio, en cada tejido y en las variedades tolerantes; además se seleccionan los GED con la mayor diferencia de expresión al comparar los niveles de expresión observados en las variedades tolerantes con los de la variedad susceptible. De acuerdo con su anotación funcional, se seleccionan los GED involucrados en rutas metabólicas relacionadas con la fotosíntesis, producción de biomasa y producción de sacarosa, las cuales pueden jugar un papel fundamental en la tolerancia al estrés abiótico [1, 2]. Siguiendo esta idea, se definieron 16 categorías para este análisis las cuales se presentan en la Tabla 5.1 (1 a 16).

Aunque este primer enfoque ha sido utilizado comúnmente, la posible influencia de factores ambientales diferentes al estrés hídrico sobre los niveles de expresión, hace deseable encontrar métodos alternativos para obtener información que permita seleccionar genes de una manera en la que no prevalezcan los niveles de expresión extremos (sobreexpresión o represión). Teniendo esto en mente se buscaron análisis que permitieran obtener información relevante a partir de los patrones existentes en los perfiles de expresión génica.

Se consideró entonces en segundo lugar la información proveniente de redes complejas, usando el análisis de las RCEG. A partir de este análisis se obtienen los GED sobresalientes de acuerdo con sus valores de conectividad y centralidad de intermediación (en cada módulo de las RCEG), características topológicas relacionadas con la relevancia en los procesos biológicos. Debido a la naturaleza de este análisis la información obtenida no proviene de niveles de expresión puntuales de un gen durante un experimento específico (variedad-tejido-tratamiento), sino de todo su perfil de expresión a lo largo de todos los experimentos sobre las plantas de caña de azúcar. Así, la información obtenida de este análisis provee un punto de vista sistémico de la expresión de los genes durante condiciones de estrés por déficit hídrico o anegamiento. Además, la identificación de módulos en las redes permite enfocarse en los GED pertenecientes a módulos cuyas funcionalidades estén más relacionadas con los procesos de respuesta y mediación a las condiciones de estrés hídrico. Las 3 categorías definidas para este análisis se presentan en la Tabla 5.1 (17 a 19).

En tercer lugar, se tomó información obtenida mediante la técnica de aprendizaje de máquina denominada **SVM-RFE**. Tal como se explicó anteriormente ([Capítulo 4](#)), con este análisis se obtuvo una priorización (lista ordenada) de los **GED** identificados de acuerdo con su utilidad para diferenciar los datos de expresión entre condiciones de estrés (por déficit o anegamiento) y control. De esta manera, los **GED** ubicados en posiciones altas de los listados podrían ser relevantes en los procesos de tolerancia al estrés hídrico. Lo importante de este análisis es que todo el proceso se lleva a cabo de manera automática sin intervención humana para decidir sobre la priorización, lo que asegura que no existe sesgo alguno. A partir de este análisis se seleccionan los **GED** mejor posicionados en las priorizaciones de las variedades tolerantes y aquellos con mayor diferencia al comparar las posiciones en las priorizaciones de variedades tolerantes con las de la susceptible, a nivel de cada condición y también por cada tejido. En la [Tabla 5.1](#) se presentan las 6 categorías definidas para este análisis (20 a 25).

Una vez se cuenta con los resultados de todos los análisis, se seleccionan los **GED** sobresalientes de cada enfoque, usando las categorías definidas para cada uno. Por cada categoría se obtiene un grupo de  $n$  genes ordenado descendente, así por ejemplo, a partir de la categoría No. 1, se pueden seleccionar los 5 **GED** más sobreexpresados de todo el estudio. Esto es aplicable para todas las categorías con excepción de la correspondiente a las rutas metabólicas ([Tabla 5.1](#), No. 16), para la cual se seleccionan todos los **GED** asociados con las rutas metabólicas de interés. Al obtener un número determinado de genes sobresalientes por cada categoría, se cuenta con un grupo reducido de genes a partir del cual el investigador realiza la selección final de los genes candidatos. Si bien el modelo no realiza la selección directa de los genes candidatos definitivos, asiste el proceso ofreciendo información biológica relevante al investigador que le permite tomar la decisión sobre los genes que seleccionará.

Aunque puede pensarse en una manera automática de realizar la selección directa de los genes candidatos, podría no ser la más conveniente. Una posibilidad que se estudió para lograr esto, fue mediante la reclasificación o reordenamiento de todos los **GED** sobresalientes usando la asignación de puntajes. En cada grupo de **GED** sobresalientes obtenidos de una categoría se asignan puntajes según su posición. Así por ejemplo, en el grupo obtenido de la categoría No. 1, el gen más sobreexpresado de todo el estudio recibe mejor puntaje que el segundo y así sucesivamente. Luego, sumando los puntajes en cada **GED**, se podría obtener un listado definitivo ordenado de manera descendente en donde los genes ubicados en la parte superior sería los más relevantes para conferir tolerancia al estrés hídrico. Aquí hay que mencionar se pueden tener dos opciones para la asignación de los puntajes: (1) los puntajes son distintos para cada análisis, o (2) son iguales. En el primer caso se requiere inevitablemente otorgar más puntaje a un análisis sobre los otros. En el segundo caso, para obtener una reclasificación se requiere que un **GED** haya sido seleccionado a partir de dos o más análisis o de lo contrario todos los **GED** estarían iguales en puntaje. Dado que cada uno de los análisis considera los datos de expresión desde una perspectiva distinta, no se puede establecer un criterio por medio del cual se pueda otorgar mayor importancia a un análisis determinado, pues de lo

contrario se estaría introduciendo un sesgo, algo que siempre se evitó durante este trabajo. Lo anterior lleva directamente a la inviabilidad del primer caso. De otra parte, por la diferencia de perspectivas de los análisis y de acuerdo a los resultados observados en los capítulos anteriores, es poco probable que un [GED](#) sea sobresaliente en más de un análisis, lo cual hace inviable el segundo caso. De esta manera la reclasificación de los [GED](#) a través de puntajes fue descartada como opción para integrar la información.

Lo anterior lleva a preferir la manera de estructurar el modelo de manera que sirva de guía para el investigador con conocimientos biológicos avanzados que realiza la selección definitiva de los genes candidatos. El modelo implementado puede verse en parte como un filtro sobre los [GED](#) para tener un grupo más pequeño con posibilidades de ser relevantes en la tolerancia al estrés por [DH](#) y anegamiento. Lo importante de este enfoque es que la información es obtenida mediante métodos computacionales ejecutados sobre los datos de expresión e implementados para evitar la menor introducción de sesgos en los resultados.

Finalmente, con la ayuda de este modelo implementado, se ha realizado en [Cenicaña](#) la selección de un grupo de genes candidatos para conferir tolerancia a estrés por [DH](#) y anegamiento en caña de azúcar, los cuales han entrado en fase de pruebas funcionales en laboratorio en plantas modelo de *Arabidopsis thaliana*.

Tabla 5.1. Categorías de selección definidas para escoger los GED sobresalientes de cada uno de los análisis de datos de expresión ejecutados.

No.	Categoría
<b>Expresión diferencial y anotación funcional</b>	
1	Gen más sobreexpresado en todo el estudio
2	Gen más represado en todo el estudio
3	Gen más sobreexpresado en variedades tolerantes
4	Gen más represado en variedades tolerantes
5	Mayor diferencia en expresión ( $FC_{tolerante} - FC_{susceptible}$ )
6	Gen más sobreexpresado en hojas
7	Gen más represado en hojas
8	Gen más sobreexpresado en hojas de la variedad tolerante
9	Gen más represado en hojas de la variedad tolerante
10	Mayor diferencia en expresión ( $FC_{tolerante} - FC_{susceptible}$ ) en hojas
11	Gen más sobreexpresado en la raíz
12	Gen más represado en la raíz
13	Gen más sobreexpresado en raíz de la variedad tolerante
14	Gen más represado en raíz de la variedad tolerante
15	Mayor diferencia en expresión ( $FC_{tolerante} - FC_{susceptible}$ ) en raíz
16	Genes que intervienen en rutas metabólicas relacionadas con los procesos de estrés hídrico
<b>Redes de Coexpresión de Genes</b>	
17	Mayor intermediación/módulo (subred)
18	Mayor conectividad/módulo (subred)
19	Mayor intermediación y conectividad ( <i>intermediación + conectividad</i> )
<b>Priorización SVM-RFE</b>	
20	Gen mejor posicionado en variedades tolerantes
21	Mayor diferencia en posición ( $Postolerante - Pos_{susceptible}$ )
22	Gen mejor posicionado en variedades tolerantes, expresado solo en hojas
23	Mayor diferencia en posición ( $Postolerante - Pos_{susceptible}$ ), expresado solo en hojas
24	Gen mejor posicionado en variedades tolerantes, expresado solo en raíces
25	Mayor diferencia en posición ( $Postolerante - Pos_{susceptible}$ ), expresado solo en hojas

### 5.3 REFERENCIAS

- [1] R. A. Azevedo, R. F. Carvalho, M. C. Cia et al., "Sugarcane Under Pressure: An Overview of Biochemical and Physiological Studies of Abiotic Stress", *Tropical Plant Biology*, vol. 4, n.º 1, págs. 42-51, ene. de 2011 (vid. pág. 110).
- [2] H. M. Iskandar, R. E. Casu, A. T. Fletcher et al., "Identification of drought-response genes and a study of their expression during sucrose accumulation and water deficit in sugarcane culms.", *BMC plant biology*, vol. 11, n.º 1, pág. 12, ene. de 2011 (vid. pág. 110).





## ANEXO. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES

---

### A.1 LIBRERÍAS RNA-SEQ UTILIZADAS EN EL ESTUDIO

Tabla A.1. Detalle de las librerías RNA-Seq utilizadas en el estudio.

No.	Caracte- rística	Variedad	Tejido	Trata- miento	Repeti- ción	Nombre Librería	Direc- ción
<b>Déficit Hídrico</b>							
1	Tolerante	CC 93-7711	Hoja	C	1	CC937711_LEAF_C_R1.1.fastq	forward
2						CC937711_LEAF_C_R1.2.fastq	reverse
3			Hoja	C	2	CC937711_LEAF_C_R2.1.fastq	forward
4						CC937711_LEAF_C_R2.2.fastq	reverse
5			Hoja	EM	1	CC937711_LEAF_M_R1.1.fastq	forward
6						CC937711_LEAF_M_R1.2.fastq	reverse
7			Hoja	EM	2	CC937711_LEAF_M_R2.1.fastq	forward
8						CC937711_LEAF_M_R2.2.fastq	reverse
9			Hoja	ES	1	CC937711_LEAF_S_R1.1.fastq	forward
10						CC937711_LEAF_S_R1.2.fastq	reverse
11			Hoja	ES	2	CC937711_LEAF_S_R2.1.fastq	forward
12						CC937711_LEAF_S_R2.2.fastq	reverse
13			Raíz	CEM	1	CC937711_ROOT_MC_R1.1.fastq	forward
14						CC937711_ROOT_MC_R1.2.fastq	reverse
15			Raíz	CEM	2	CC937711_ROOT_MC_R2.1.fastq	forward
16						CC937711_ROOT_MC_R2.2.fastq	reverse
17			Raíz	EM	1	CC937711_ROOT_M_R1.1.fastq	forward
18						CC937711_ROOT_M_R1.2.fastq	reverse
19			Raíz	EM	2	CC937711_ROOT_M_R2.1.fastq	forward
20						CC937711_ROOT_M_R2.2.fastq	reverse
21			Raíz	CES	1	CC937711_ROOT_SC_R1.1.fastq	forward
22						CC937711_ROOT_SC_R1.2.fastq	reverse
23			Raíz	CES	2	CC937711_ROOT_SC_R2.1.fastq	forward
24						CC937711_ROOT_SC_R2.2.fastq	reverse
25			Raíz	ES	1	CC937711_ROOT_S_R1.1.fastq	forward
26						CC937711_ROOT_S_R1.2.fastq	reverse
27			Raíz	ES	2	CC937711_ROOT_S_R2.1.fastq	forward
28						CC937711_ROOT_S_R2.2.fastq	reverse
29		SP 71-6949	Hoja	C	1	SP716949_LEAF_C_R1.1.fastq	forward
30						SP716949_LEAF_C_R1.2.fastq	reverse
31			Hoja	C	2	SP716949_LEAF_C_R2.1.fastq	forward
32						SP716949_LEAF_C_R2.2.fastq	reverse
33			Hoja	EM	1	SP716949_LEAF_M_R1.1.fastq	forward
34						SP716949_LEAF_M_R1.2.fastq	reverse
35			Hoja	EM	2	SP716949_LEAF_M_R2.1.fastq	forward
36						SP716949_LEAF_M_R2.2.fastq	reverse
37			Hoja	ES	1	SP716949_LEAF_S_R1.1.fastq	forward
38						SP716949_LEAF_S_R1.2.fastq	reverse
39			Hoja	ES	2	SP716949_LEAF_S_R2.1.fastq	forward
40						SP716949_LEAF_S_R2.2.fastq	reverse
41			Raíz	CEM	1	SP716949_ROOT_MC_R1.1.fastq	forward
42						SP716949_ROOT_MC_R1.2.fastq	reverse
43			Raíz	CEM	2	SP716949_ROOT_MC_R2.1.fastq	forward
44						SP716949_ROOT_MC_R2.2.fastq	reverse
45			Raíz	EM	1	SP716949_ROOT_M_R1.1.fastq	forward
46						SP716949_ROOT_M_R1.2.fastq	reverse
47			Raíz	EM	2	SP716949_ROOT_M_R2.1.fastq	forward
48						SP716949_ROOT_M_R2.2.fastq	reverse
49			Raíz	CES	1	SP716949_ROOT_SC_R1.1.fastq	forward

C = Control. EM = Estrés Medio. ES = Estrés Severo. CEM = Control Estrés Medio. CES = Control Estrés Severo  
Continúa en la página siguiente

ANEXO. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES

Tabla A.1. (Continuación)

No.	Caracte- rística	Variedad	Tejido	Trata- miento	Repeti- ción	Nombre Librería	Direc- ción
50						SP716949_ROOT_SC_R1.2.fastq	reverse
51			Raíz	CES	2	SP716949_ROOT_SC_R2.1.fastq	forward
52			Raíz	ES	1	SP716949_ROOT_SC_R2.2.fastq	reverse
53			Raíz	ES	2	SP716949_ROOT_S_R1.1.fastq	forward
54			Raíz	ES	2	SP716949_ROOT_S_R1.2.fastq	reverse
55			Raíz	ES	2	SP716949_ROOT_S_R2.1.fastq	forward
56			Raíz	ES	2	SP716949_ROOT_S_R2.2.fastq	reverse
57	Susceptible	MZC 74-275	Hoja	C	1	MZC74275_LEAF_C_R1.1.fastq	forward
58			Hoja	C	2	MZC74275_LEAF_C_R1.2.fastq	reverse
59			Hoja	C	2	MZC74275_LEAF_C_R2.1.fastq	forward
60			Hoja	EM	1	MZC74275_LEAF_M_R1.1.fastq	reverse
61			Hoja	EM	1	MZC74275_LEAF_M_R1.2.fastq	forward
62			Hoja	EM	2	MZC74275_LEAF_M_R2.1.fastq	reverse
63			Hoja	EM	2	MZC74275_LEAF_M_R2.2.fastq	forward
64			Hoja	ES	1	MZC74275_LEAF_S_R1.1.fastq	reverse
65			Hoja	ES	2	MZC74275_LEAF_S_R1.2.fastq	forward
66			Hoja	ES	2	MZC74275_LEAF_S_R2.1.fastq	reverse
67			Hoja	ES	2	MZC74275_LEAF_S_R2.2.fastq	forward
68			Raíz	CEM	1	MZC74275_ROOT_MC_R1.1.fastq	forward
69			Raíz	CEM	2	MZC74275_ROOT_MC_R1.2.fastq	reverse
70			Raíz	CEM	2	MZC74275_ROOT_MC_R2.1.fastq	forward
71			Raíz	CEM	2	MZC74275_ROOT_MC_R2.2.fastq	reverse
72			Raíz	EM	1	MZC74275_ROOT_M_R1.1.fastq	forward
73			Raíz	EM	2	MZC74275_ROOT_M_R1.2.fastq	reverse
74			Raíz	EM	2	MZC74275_ROOT_M_R2.1.fastq	forward
75			Raíz	EM	2	MZC74275_ROOT_M_R2.2.fastq	reverse
76			Raíz	CES	1	MZC74275_ROOT_SC_R1.1.fastq	forward
77			Raíz	CES	2	MZC74275_ROOT_SC_R1.2.fastq	reverse
78			Raíz	CES	2	MZC74275_ROOT_SC_R2.1.fastq	forward
79			Raíz	CES	2	MZC74275_ROOT_SC_R2.2.fastq	reverse
80			Raíz	ES	1	MZC74275_ROOT_S_R1.1.fastq	forward
81			Raíz	ES	1	MZC74275_ROOT_S_R1.2.fastq	reverse
82			Raíz	ES	2	MZC74275_ROOT_S_R2.1.fastq	forward
83			Raíz	ES	2	MZC74275_ROOT_S_R2.2.fastq	reverse
84							
<b>Anegamiento</b>							
85	Tolerante	CC 01-1940	Hoja	C	1	CC011940_LEAF_C_R1.1.fastq	forward
86			Hoja	CEM	2	CC011940_LEAF_C_R1.2.fastq	reverse
87			Hoja	CEM	2	CC011940_LEAF_MC_R2.1.fastq	forward
88			Hoja	EM	1	CC011940_LEAF_MC_R2.2.fastq	reverse
89			Hoja	EM	1	CC011940_LEAF_M_R1.1.fastq	forward
90			Hoja	EM	2	CC011940_LEAF_M_R1.2.fastq	reverse
91			Hoja	EM	2	CC011940_LEAF_M_R2.1.fastq	forward
92			Hoja	EM	2	CC011940_LEAF_M_R2.2.fastq	reverse
93			Hoja	CES	2	CC011940_LEAF_SC_R2.1.fastq	forward
94			Hoja	CES	2	CC011940_LEAF_SC_R2.2.fastq	reverse
95			Hoja	ES	1	CC011940_LEAF_S_R1.1.fastq	forward
96			Hoja	ES	1	CC011940_LEAF_S_R1.2.fastq	reverse
97			Hoja	ES	2	CC011940_LEAF_S_R2.1.fastq	forward
98			Hoja	ES	2	CC011940_LEAF_S_R2.2.fastq	reverse
99			Raíz	CEM	1	CC011940_ROOT_MC_R2.1.fastq	forward
100			Raíz	CEM	2	CC011940_ROOT_MC_R2.2.fastq	reverse
101			Raíz	CEM	2	CC011940_ROOT_MC_R3.1.fastq	forward
102			Raíz	CEM	2	CC011940_ROOT_MC_R3.2.fastq	reverse
103			Raíz	EM	1	CC011940_ROOT_M_R2.1.fastq	forward
104			Raíz	EM	1	CC011940_ROOT_M_R2.2.fastq	reverse
105			Raíz	EM	2	CC011940_ROOT_M_R3.1.fastq	forward
106			Raíz	EM	2	CC011940_ROOT_M_R3.2.fastq	reverse
107			Raíz	CES	1	CC011940_ROOT_SC_R2.1.fastq	forward
108			Raíz	CES	2	CC011940_ROOT_SC_R2.2.fastq	reverse
109			Raíz	CES	2	CC011940_ROOT_SC_R3.1.fastq	forward
110			Raíz	CES	2	CC011940_ROOT_SC_R3.2.fastq	reverse
111			Raíz	ES	1	CC011940_ROOT_S_R2.1.fastq	forward
112			Raíz	ES	2	CC011940_ROOT_S_R2.2.fastq	reverse
113			Raíz	ES	2	CC011940_ROOT_S_R3.1.fastq	forward

C = Control. EM = Estrés Medio. ES = Estrés Severo. CEM = Control Estrés Medio. CES = Control Estrés Severo  
Continúa en la página siguiente

Tabla A.1. (Continuación)

No.	Caracte- rística	Variedad	Tejido	Trata- miento	Repeti- ción	Nombre Librería	Direc- ción
114						CC011940_ROOT_S_R3.2.fastq	reverse
115	Susceptible	CC 93-4418	Hoja	C	1	CC934418_LEAF_C_R1.1.fastq	forward
116			Hoja	CEM	2	CC934418_LEAF_C_R1.2.fastq	reverse
117			Hoja	EM	1	CC934418_LEAF_MC_R2.1.fastq	forward
118			Hoja	EM	2	CC934418_LEAF_MC_R2.2.fastq	reverse
119			Hoja	ES	1	CC934418_LEAF_M_R1.1.fastq	forward
120			Hoja	ES	2	CC934418_LEAF_M_R1.2.fastq	reverse
121			Hoja	ES	1	CC934418_LEAF_M_R2.1.fastq	forward
122			Hoja	ES	2	CC934418_LEAF_M_R2.2.fastq	reverse
123			Hoja	CES	2	CC934418_LEAF_SC_R2.1.fastq	forward
124			Hoja	CES	1	CC934418_LEAF_SC_R2.2.fastq	reverse
125			Hoja	ES	1	CC934418_LEAF_S_R1.1.fastq	forward
126			Hoja	ES	2	CC934418_LEAF_S_R1.2.fastq	reverse
127			Hoja	ES	1	CC934418_LEAF_S_R2.1.fastq	forward
128			Hoja	ES	2	CC934418_LEAF_S_R2.2.fastq	reverse
129			Raíz	CEM	1	CC934418_ROOT_MC_R2.1.fastq	forward
130			Raíz	CEM	2	CC934418_ROOT_MC_R2.2.fastq	reverse
131			Raíz	EM	1	CC934418_ROOT_MC_R3.1.fastq	forward
132			Raíz	EM	2	CC934418_ROOT_MC_R3.2.fastq	reverse
133			Raíz	EM	1	CC934418_ROOT_M_R2.1.fastq	forward
134			Raíz	EM	2	CC934418_ROOT_M_R2.2.fastq	reverse
135			Raíz	CES	1	CC934418_ROOT_M_R3.1.fastq	forward
136			Raíz	CES	2	CC934418_ROOT_M_R3.2.fastq	reverse
137			Raíz	ES	1	CC934418_ROOT_SC_R2.1.fastq	forward
138			Raíz	ES	2	CC934418_ROOT_SC_R2.2.fastq	reverse
139			Raíz	CES	1	CC934418_ROOT_SC_R3.1.fastq	forward
140			Raíz	CES	2	CC934418_ROOT_SC_R3.2.fastq	reverse
141			Raíz	ES	1	CC934418_ROOT_S_R2.1.fastq	forward
142			Raíz	ES	2	CC934418_ROOT_S_R2.2.fastq	reverse
143			Raíz	ES	1	CC934418_ROOT_S_R3.1.fastq	forward
144			Raíz	ES	2	CC934418_ROOT_S_R3.2.fastq	reverse

C = Control. EM = Estrés Medio. ES = Estrés Severo. CEM = Control Estrés Medio. CES = Control Estrés Severo

## A.2 GED IDENTIFICADOS EN EL ESTUDIO

Tabla A.2. GEDs identificados en el estudio con valor de expresión diferencial promedio  $|\log_2(\text{FC})| > \log_2(2.0)$ . Los valores corresponden al promedio de las comparaciones entre tratamientos (Control vs EM! y Control vs ES!) en las réplicas 1 y 2 de cada variedad y tejido.

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418		
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	
2	SCACAD1036B09.g	<i>Soluble starch synthase i</i>	1.76		1.76	2.6		2.31			7.84		6.82
3	SCACAD1037A09.g	<i>Proton translocating pyrophosphatase</i>			2.77	2.52	2.92	3.82		2.94			1.18
4	SCACAD1037B06.g	<i>Aconitate hydratase</i>											-2.4
5	SCACAD1037E11.g	<i>Abc transporter g family member 16-like</i>											-2.13
6	SCACAD1039E02.g	<i>O-succinylhomoserine sulfhydrylase</i>	-1.32				-1.26		-1.68		-2.26		
7	SCACAD1039H02.g	<i>Cytochrome p450 78a3-like</i>									-1.8		
8	SCACAM1070C12.g *	<i>Transcription elongation factor spt6-like</i>			-1.75							3.49	
9	SCACAM1070E07.g *	<i>Protein kinase</i>											
10	SCACAM1072H07.g	<i>Gcn5-related n-acetyltransferase family protein</i>	1.47				1.46						
11	SCACAM2041D01.g	<i>Chloroplast post-illumination chlorophyll fluorescence increase protein</i>				-2.71		-1.56				-1.07	
12	SCACAM2043C06.g *	<i>Trihelix transcription factor gtl1-like</i>		1.36									
13	SCACAM2043H01.g *	<i>-NA-</i>		2.4									
14	SCACAM2045A12.g	<i>-NA-</i>											
15	SCACCL6006A12.g	<i>Poly -specific endoribonuclease-b</i>	1.58		1.79		-1.02		1.31				
16	SCACCL6007A08.g	<i>Glutathione s-transferase gstd2</i>					-1.14				-1.1		-1.3
17	SCACCL6007G08.g *	<i>Pyruvate orthophosphate dikinase</i>		1.03		1.21		-1.19			7.03		7.27
18	SCACCL6008E05.g *	<i>3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase 3</i>	2.6				2.71						
19	SCACCL6008G11.g *	<i>Alternative oxidase</i>									1.57		
20	SCACCL6008H06.g	<i>Hydrophobic protein lti6b</i>		1.47								-1.52	
21	SCACCL6009B02.g	<i>Protein</i>	6.09	4.21	5.87	3.67	6.07	2.95			1.53	2.41	-1.65
22	SCACCL6011G12.g	<i>Early light-induced protein</i>		4.1	5.78		1.4						3.96
23	SCACFL5027B01.g *	<i>Galactose oxidase kelch repeat superfamily protein isoform 1</i>										3.04	
24	SCACFL5030B04.g	<i>-NA-</i>											3.09
25	SCACFL5031A01.g *	<i>Unc93-like protein</i>			-1.26						-2.21		-2.03
26	SCACFL8019G10.g *	<i>Histone h1</i>			1.19			1.43					
27	SCACFL8022D03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g032030</i>				-2.29		-2.93					
28	SCACFL8022H02.g	<i>F-box protein at1g65770-like</i>									2.86		2.54
29	SCACHR1035A05.g *	<i>Transcription factor blhl36</i>							-3.37				
30	SCACHR1035B07.g *	<i>O-methyltransferase zrp4-like</i>	1.53								1.4		
31	SCACHR1035G08.g	<i>Root-specific protein rcc3</i>			-3.45		-3.06		-3.22				
32	SCACHR1035H03.g	<i>-NA-</i>					1.83						
33	SCACHR1036C12.g	<i>Hypersensitive-induced response protein</i>		-1.48		-1.64		-1.74			1.67		1.98
34	SCACHR1037A06.g	<i>Inorganic pyrophosphatase 2</i>									-1.47		-1.65
35	SCACHR1037D11.g *	<i>Subtilisin-like protease-like</i>							-1.13				-1.61

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
36	SCACHR1037H10.g	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>							1.42	1.67		
37	SCACHR1038D01.g	<i>Ethylene-responsive element binding protein 2</i>							2.66	2.48		
38	SCACHR1038E08.g	<i>Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 6-like</i>			-2.02	-2.55			-1.61	-2.03		
39	SCACHR1038F01.g	<i>Btb poz domain-containing protein</i>				1.54						
40	SCACHR1038F11.g	-NA-					-3.66					
41	SCACHR1039B09.g	<i>Membrane protein</i>					-1.37		-2.14	-2.4		
42	SCACHR1039F08.g *	<i>Abc transporter b family member 8-like</i>		-2.15								
43	SCACHR1041F08.g	<i>TPA; hypothetical protein ZEAMMB73-612936</i>							1.62	1.47		
44	SCACLB1045C07.g	-NA-		-1.56				-1.02		-1.14		
45	SCACLB1046C01.g *	<i>Zim motif family protein</i>		-1.34		-3.34		-3.48		-1.39		
46	SCACLB1046D04.g *	<i>Cysteine protease 1 precursor</i>		-1.44								
47	SCACLB1046E02.g	<i>Probable gmp synthase</i>		-2.85		-2.14		-1.35		-1.26	-1.9	
48	SCACLB1047C01.g *	<i>Auxin-responsive family protein</i>					1.17					
49	SCACLB1048E11.g	<i>Serine esterase family protein</i>			2.37	2.29						
50	SCACLR1014D06.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g030570</i>				2.17						
51	SCACLR1014E09.g	<i>Bag family molecular chaperone regulator 6-like</i>			1.55	2.25	1.22	1.69				
52	SCACLR1036B06.g	<i>Cbl-interacting protein kinase 6-like</i>		2.08		1.31		1.16				
53	SCACLR1036D09.g	<i>Patellin-4-like</i>				-3.9						
54	SCACLR1036E03.g *	<i>Calreticulin-3-like isoform x2</i>	-1.4	-1.19	-1.39		-1.07					
55	SCACLR1036F02.g *	<i>Beta-expansin 1a expressed</i>		-3.62		-3.89		-3.46		1.12		
56	SCACLR1036F04.g	<i>Probable cellulose synthase a catalytic subunit 5</i>		-2.5		-2.48		-1.99		-1.18	-1.16	
57	SCACLR1036F06.g	<i>4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase</i>								-1.98	-2.12	
58	SCACLR1036F12.g	<i>Uncharacterized oxidoreductase at4g09670-like</i>									-1.52	
59	SCACLR1036G02.g	<i>Syntaxin 121</i>				-1.35				-1.25	-1.39	
60	SCACLR1057A03.g	-NA-				4.38		4.04				
61	SCACLR1057A05.g	-NA-			2.28	2.09	1.15	2.41				
62	SCACLR1057A09.g	<i>Copper-transporting atpase hma5-like</i>									1.45	
63	SCACLR1057A12.g	<i>Nicotiana lesion-inducing like protein</i>				-1.02						
64	SCACLR1057C07.g *	<i>Two-component response regulator-like prr73</i>		-1.41						-1.32	-1.45	
65	SCACLR1057C11.g	<i>Probable phosphatidylinositol 4-kinase type 2-beta at1g26270-like</i>				1.47						
66	SCACLR1057F02.g *	<i>26s proteasome non-atpase regulatory subunit 12-like</i>						-1.32				
67	SCACLR1057G03.g	<i>Protein kinase superfamily protein</i>							1.15			
68	SCACLR1057G05.g	<i>Acyl-coenzyme a oxidase peroxisomal-like</i>									-1.39	
69	SCACLR1057G08.g *	<i>Activator of 90 kda heat shock protein atpase</i>				2.42						
70	SCACLR1057H07.g	<i>Oil yellow1</i>			-1.11						-1.05	
71	SCACLR1126B12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g022720</i>			-4.94		-4.33					
72	SCACLR1126C04.g *	<i>Mate efflux family protein</i>	1.72							1.23	1.5	
73	SCACLR1126C07.g *	-NA-		1.08	1.03							
74	SCACLR1126F12.g	<i>Late embryogenesis abundant protein</i>		5.31		5.13		5.36				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418		
			Hoja	Raíz									
75	SCACLR1126G04.g	<i>Fiber protein fb34</i>		-1.3		-1.41		-1.2		-1.8		-2.21	
76	SCACLR1127A11.g	<i>Transcription factor blhh92</i>				-3.58		-3.52		-2.29		-2.37	
77	SCACLR1127E02.g *	<i>Hydrophobic protein lti6a</i>						-1.25					
78	SCACLR1127F10.g	<i>14-3-3-like partial</i>				3.46		2.73					
79	SCACLR1127H10.g	<i>Plasma membrane atpase 1-like</i>	2.59	3.94	3.23		2.68		-2.69		-3.34		
80	SCACLR1128D07.g	<i>Homeodomain leucine zipper protein cphb-5</i>							1.07		1.17		
81	SCACLR1128E07.g *	<i>Bax inhibitor 1</i>							1.48		1.69		
82	SCACLR1128F10.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g024240</i>	1.7		1.38	1.09	1.32						
83	SCACLR1129A05.g *	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like</i>			-2.04	5.22			-1.55		-2.29		
84	SCACLR1129A10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g039730</i>							3.12		4.1		
85	SCACLR1129A12.g *	-NA-		3.26							-3.75		
86	SCACLR1129C02.g	-NA-		1.72		1.54		1.12		1.46		1.18	
87	SCACLR1129E10.g *	<i>Dehydration-responsive element-binding protein 1a-like</i>		2.99					-2.03		-2.69		
88	SCACLR1130B08.g	<i>40s ribosomal protein s25-1</i>									-1.29		
89	SCACLR1130B10.g *	<i>Cbf protein 1</i>						-2.82		-2.31		-3.41	
90	SCACLR1130C02.g	-NA-							2.56		2.28		
91	SCACLR1130C06.g	<i>Probable cellulose synthase a catalytic subunit 5</i>		-2.99		-3.05					-1.71		
92	SCACLR1132C02.g	<i>Probable sugar phosphate phosphate translocator at3g13820-like</i>									-1.36		
93	SCACLR2007A04.g	<i>Pfkб-type carbohydrate kinase family protein</i>		-1.31		-1.82				-1.3		-1.96	
94	SCACLR2007A06.g *	<i>Formin-like protein 18-like</i>	1.59										
95	SCACLR2007A07.g *	-NA-		1.03				1.24		-1.21			
96	SCACLR2007B05.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein cp24 chloroplastic-like</i>			-1.44								
97	SCACLR2007B12.g *	<i>Quinone-oxidoreductase-like chloroplastic</i>	1.35	1.25			1.62		1.26		1.3		
98	SCACLR2007C12.g	<i>Rac gtpase activating protein 2</i>								2.83		3.85	
99	SCACLR2007E01.g *	<i>Shaggy-related protein kinase eta</i>		-1.16									
100	SCACLR2007G12.g	<i>Cellular retinaldehyde-binding triple c-terminal</i>		1.66		1.82				1.46		1.57	
101	SCACLR2007H02.g *	<i>Non-specific lipid-transfer protein at2g13820-like</i>	-1.43	1.18		1.21							
102	SCACLR2014A01.g	<i>Auxin-induced protein 6b-like</i>									2.91		
103	SCACLR2014A04.g *	<i>Histone h1</i>		1.92		1.55		1.07		1.33		1.08	
104	SCACLR2014A10.g	<i>Atp binding cassette subfamily b4 isoform 2</i>		-2.2		-1.69							
105	SCACLR2014B05.g	<i>Probable polyamine transporter at3g19553-like</i>							-1.41		-1.57		
106	SCACLR2014B12.g *	-NA-							-1.34				
107	SCACLR2014E06.g *	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>		1.05					1.47		1.58		
108	SCACLR2014F01.g	<i>Farnesylated protein 2</i>	1.45	3.38	1.39	3.43	1.4	2.01					
109	SCACLR2014F07.g *	<i>Uncharacterized protein LOC100278671</i>				-1.56	4.43	-1.84			-1.26		
110	SCACLR2014G05.g	-NA-			-1.19				3.75				
111	SCACLR2014G12.g *	-NA-				-1.76			-1.46	2.4	-1.32		
112	SCACLR2014H03.g	<i>Vamp protein sec22</i>		-1.48							-2.11		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
113	SCACLR2022A03.g	40s ribosomal protein s29					-1.18					
114	SCACLR2022B05.g	Glucuronosyltransferase pgip7-like					-1.77					
115	SCACLR2022C02.g	Gamyb-binding protein					1.08					
116	SCACLR2022D03.g	Ethylene-responsive transcription factor 4	-1.3		-2.46							
117	SCACLR2022H05.g	Acyl carrier protein 3					-1.03					
118	SCACLR2022H12.g *	Activator of 90 kDa heat shock protein atpase					3.31					
119	SCACLR2029A03.g *	Ctp synthase	2.61									
120	SCACLR2029A12.g	Cell division protein aaa atpase family									1.08	
121	SCACLR2029B08.g *	Catalase					-1.84	1.63	2.58	-1.94		
122	SCACLR2029C12.g	Uncharacterized protein loc100276940		-1.49			-1.46				1.09	
123	SCACLR2029F06.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g027860									1.02	
124	SCACLR2029H06.g *	Thaumatin-like										-1.33
125	SCACLV1021E03.g	Glycine-rich rna-binding protein 2		2.1			1.4		1.25			
126	SCACLV1022D02.g	-NA-					1.15					
127	SCACRZ3033B04.g *	Probable receptor-like protein kinase atlg33260-like		-1.24			-3.03		-3.33	-1.21		
128	SCACRZ3034A10.g	S-type anion channel slah1-like								2.05	2.32	
129	SCACRZ3034B10.g	Xyloglucan endotransglycosylase hydrolase protein 8					-1.1					
130	SCACRZ3034F07.g	-NA-	-1.75		-1.97			-2.17				
131	SCACRZ3035B05.g *	Nitrate transporter -like	3.24	4.01			3.63	2.56	3.15		-4.6	
132	SCACRZ3035D01.g *	Iaa23-auxin-responsive aux iaa family member					-1.68	1.32		-1.6	-1.37	
133	SCACRZ3035G04.g	Wrky transcription factor					-1.55		-2		-1.63	
134	SCACRZ3036A04.g *	Probable sulfate transporter -like		1.41								
135	SCACRZ3036E03.g	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-737187 [Zea mays]					-1.24		-1.03	-1.06	-1.34	
136	SCACRZ3107F05.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g022340							-4.38			
137	SCACRZ3110A09.g	-NA-					-1.22					
138	SCACRZ3110B01.g	C2 domain-containing protein					-1.01					
139	SCACRZ3111B08.g *	Probable xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein 23-like		3.2								
140	SCACSB1035A04.g	-NA-					-2.07					
141	SCACSB1036A12.g	-NA-	1.28	2.88	1.12	2.63	1.01	2.06			1.95	1.84
142	SCACSB1037G08.g *	Fructose-bisphosphate aldolase										
143	SCACSB1117F03.g	Sucrose synthase 1		-1.55			-1.5		-1.47			
144	SCACSB1125C08.g	K(+) efflux antiporter chloroplastic-like			1.31							
145	SCACSB1125H02.g	Protein - partial	2.55		3.32			3.25				
146	SCACSD1014H04.g	Cytochrome p450 superfamily protein								-2.31	-2.9	
147	SCACSD1014H09.g	-NA-					1.72					
148	SCACSD1017A09.g *	-NA-					-1.35					
149	SCACSD1017E10.g	Probable carboxylesterase 15-like			-1.49							
150	SCACSD2014A09.g	-NA-	5.58		5.91			4.94			2.81	2.92
151	SCACSD2017E01.g	Chch domain containing protein										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
152	SCACSD2017H06.g	<i>Rna recognition domain-containing protein wtf1</i>							-1.43		-1.44	
153	SCACSD2018G06.g	-NA-		5.83		6.11		5.97				
154	SCACST3158G10.g	<i>Unnamed protein product</i>									-1.16	
155	SCACST3159E04.g	<i>Myb-related protein hv33</i>									-2.93	
156	SCACST3159E08.g *	<i>Ferredoxin-nitrite chloroplastic-like</i>	1.44									
157	SCACST3159H02.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like</i>					-2.63		-1.53		-2.75	
158	SCACST3160H08.g	<i>Probable mitochondrial chaperone bcs1-b-like</i>									-2.69	
159	SCAGAD1073C02.g	<i>Cytochrome p450 78a5-like</i>									-2.96	
160	SCAGAD1074C03.g	<i>Shoot1 protein</i>	1.53		2.14		2.02					
161	SCAGAD1074D07.g *	<i>Electron carrier electron transporter iron ion binding protein</i>	-1.62				-1.04					
162	SCAGAD1075C03.g *	<i>Nodulin-like protein</i>		1.14						-1.83		-2
163	SCAGAD1075D12.g	<i>Lysine ketoglutarate reductase trans-splicing related 1-like</i>								1.34		1.43
164	SCAGAD1075E03.g	<i>Regulatory subunit</i>				1.34		1.55				
165	SCAGAD1076A03.g	<i>Benzyl alcohol o-benzoyltransferase-like</i>				-2.06				-2.18		-2.34
166	SCAGAD1076G06.g	<i>Hlh dna-binding domain superfamily protein</i>				-2.46		-2.44				-2.71
167	SCAGAD1077F02.g	<i>Plant synaptotagmin</i>									2	
168	SCAGAD1077F09.g *	-NA-		3.93								
169	SCAGAM2017G02.g	<i>Phytochrome a</i>								2.44		2.41
170	SCAGAM2018A09.g *	<i>Lob domain-containing protein 38-like</i>	-1.42	1.33	-1.14					-1.82		-2.27
171	SCAGAM2122E08.g	-NA-			-1.96							
172	SCAGAM2122H01.g *	-NA-								1.14		
173	SCAGAM2123H11.g	<i>Adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>							1.21			
174	SCAGAM2124E01.g	<i>Anthocyanidin -o-glucosyltransferase</i>								2.96		3.48
175	SCAGAM2125E03.g	<i>Hypothetical protein SORBiDRAFT-02g006080</i>										
176	SCAGCL6012C06.g *	<i>Cysteine proteinase rd21a-like</i>	1.01		-3.06	-2.3						
177	SCAGCL6012G12.g	<i>Caffeoyl 3-o-methyltransferase</i>				1.03						
178	SCAGCL6013A07.g *	<i>Pyruvate decarboxylase</i>		-1.04		-1.42				-1.25		-1.88
179	SCAGCL6013C09.g	<i>Ribosome maturation protein sbds-like</i>			1.33	1.88	2.11	2.04		1.99		1.97
180	SCAGCL6013C12.g	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>		9.39	6.8	6.28	5.8	7.28	4.64			
181	SCAGCL6013D01.g	<i>Scarecrow-like protein</i>					1.66					
182	SCAGCL6013G04.g	<i>Udp-glucuronic acid decarboxylase 1-like</i>					-1.2		-1.13		-1.27	
183	SCAGCL6013H08.g *	<i>Stem-specific protein tsjt1-like</i>			1.96		1.96		1.4		3.36	
184	SCAGCL6016A03.g	<i>Probable exocyst complex component 6-like</i>									2.9	
185	SCAGCL6017A02.g	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>					4.15					2.69
186	SCAGFL1086E09.g	<i>Photosystem ii 22 kda protein</i>	1.23		1.69		1.22					
187	SCAGFL1088D06.g	<i>Probable sugar phosphate phosphate translocator at3g11320-like</i>								-1.26		-1.36
188	SCAGFL1089C03.g	<i>Glutathione s-transferase gstf2</i>					-1.22				-1.07	
189	SCAGFL1092A11.g	-NA-		3.58		3.01		2.31				-1.22

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
190	SCAGFL1093G01.g	-NA-					1.91					
191	SCAGFL1094C08.g	<i>Cell wall protein dan4-like</i>									1.34	
192	SCAGFL3020D05.g	<i>Cellulose synthase family expressed</i>									-3.06	
193	SCAGFL3022A04.g	<i>Histone h1</i>		2.45			1.54		1.63		1.23	1.36
194	SCAGFL3022D06.g	<i>Helix-loop-helix dna-binding domain containing expressed</i>			-1.74							
195	SCAGFL3022F05.g	-NA-									4.41	
196	SCAGFL3024C12.g *	<i>Small heat shock protein</i>	3.95	2.25	5.63					-3.64		-3.59
197	SCAGFL3024G12.g	<i>Probable sulfate transporter -like</i>							1.38			
198	SCAGFL8004A08.g	<i>Protein srg1-like</i>		1.64			1.59				-1.01	
199	SCAGFL8006D04.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g046600</i>									-1.81	
200	SCAGFL8007D06.g	<i>Probable nadph:quinone oxidoreductase 1-like</i>										
201	SCAGFL8009B07.g *	<i>Betaine proline transporter</i>								-3.21		
202	SCAGFL8010A11.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g008170</i>		4.25			3.81					
203	SCAGFL8040B08.g	<i>3-ketoacyl- thiolase peroxisomal-like</i>								-1.87		-2.18
204	SCAGFL8043B07.g	<i>Aquaporin pip1-1-like</i>	2.55	1.57	2.28	1.4	2.63			-1.2		
205	SCAGHR1016C01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g030750</i>									2.45	
206	SCAGHR1018F03.g	<i>Sugar transporter erd6-like 16-like</i>				1.94						
207	SCAGHR1018G09.g	<i>Alpha- glucan-protein synthase</i>				-1.31					-1.19	
208	SCAGHR1018H09.g	<i>Protein aspartic protease in guard cell 2-like</i>		-3.36		-2.81				-2.01		-2.05
209	SCAGHR1019C10.g *	-NA-		-1.7							1.01	
210	SCAGHR1019F07.g	<i>Protein kinase capable of phosphorylating tyrosine family protein</i>										
211	SCAGLB1069B04.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase el5-like</i>				1.48						-1.31
212	SCAGLB1069F01.g	<i>Nc domain-containing protein</i>										
213	SCAGLB1069G04.g	<i>Salt tolerance-like protein</i>		1.38		1.39		1.12				
214	SCAGLB1069G08.g	<i>14-3-3-like protein</i>									-1.08	
215	SCAGLB1070C03.g	<i>Heparan-alpha-glucosaminide n-acetyltransferase-like isoform x3</i>		1.67		1.68				-1.62		-1.8
216	SCAGLB1070G01.g	<i>Duf231 domain containing family protein</i>								-1.13		-1.31
217	SCAGLB1071C03.g	<i>Peroxisomal multifunctional enzyme type 2</i>										-1.17
218	SCAGLB1071F05.g *	<i>Bzip transcription factor superfamily protein</i>	1.04	1.06						1.55		1.6
219	SCAGLB2046F01.g *	<i>Bowman birk trypsin inhibitor</i>	-1.04							-2.04	1.82	-2.48
220	SCAGLB2046H07.g *	<i>Peptidoglycan binding domain containing protein</i>	-2.05				-2.28					
221	SCAGLB2047F07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g011430</i>	4.07		3.77	4.21		1.14			1.18	
222	SCAGLR1021A10.g	<i>Prostatic spermine-binding</i>		-1.19	-1.23	-1.24						
223	SCAGLR1021A12.g	<i>Histone h2a</i>			-2.19					3.11		3.11
224	SCAGLR1021B01.g	-NA-			3.77							
225	SCAGLR1021B04.g	-NA-		1.84	1.64							
226	SCAGLR1021B05.g	<i>Alpha- glucan-protein synthase</i>										-1
227	SCAGLR1021B11.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g56130-like isoform x3</i>					-1.41		-1.05		-1.07	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
228	SCAGLR1021C07.g	<i>Peptide-n4-(n-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase a-like</i>							1.33		1.53	
229	SCAGLR1021D01.g	<i>Thioredoxin h2</i>				2.37						
230	SCAGLR1021D06.g *	<i>Uncharacterized protein loc100275720</i>				-1.39				-2.04		
231	SCAGLR1021D07.g	<i>Acetolactate synthase</i>	1.24		-1.91	1.51			1.22			
232	SCAGLR1021D12.g *	<i>Udp-n-acetylglucosamine pyrophosphorylase</i>							-1.32			
233	SCAGLR1021E02.g	<i>Transmembrane protein</i>			2.34							
234	SCAGLR1021E11.g *	<i>Metallothionein-like protein 1</i>		1.42								
235	SCAGLR1021F02.g	<i>Y domain containing expressed</i>			1.6							
236	SCAGLR1021F10.g	<i>Lysine and serine-rich isoform x1</i>	-1.03		-1.6		-1.11					
237	SCAGLR1021F11.g *	<i>Beta-glucosidase 30-like isoform x1</i>		-3.83					-1.66		-2.55	
238	SCAGLR1021F12.g *	<i>Arginosuccinate chloroplastic-like</i>							1.2			
239	SCAGLR1021G01.g	<i>Sorbitol dehydrogenase</i>	-1.39		-1.14		-1.58		1.62		1.54	
240	SCAGLR1021G05.g *	<i>Nucleotide sugar transporter family protein isoform 1</i>							1.13			
241	SCAGLR1021G12.g *	<i>Uncharacterized protein loc101784168</i>		1.13							-1.22	
242	SCAGLR1021H06.g	<i>Vignain precursor</i>		-1.54		-2.4						
243	SCAGLR1043A02.g	<i>Upf0496 protein at4g34320-like</i>				-1.7					-1.78	
244	SCAGLR1043A07.g *	<i>Protein kinase</i>		-1.2								
245	SCAGLR1043A09.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>			-1.55							
246	SCAGLR1043B02.g *	<i>Ap2 complex subunit mu-like</i>		-1.04								
247	SCAGLR1043B10.g	<i>Flavonoid 3'-monoxygenase-like</i>		-3.07		-2.46		-1.36		-2.72		
248	SCAGLR1043D01.g *	<i>Dna binding protein</i>		1.11								
249	SCAGLR1043D03.g *	<i>Zinc finger protein constans-like 13-like isoform x2</i>			1.26			1.34				
250	SCAGLR1043E04.g	<i>Allene oxide synthase</i>							-1.62		-1.75	
251	SCAGLR1043E06.g	<i>Phospholipase d</i>	1.19		1.11	1.21	1.09					
252	SCAGLR1043F02.g	<i>Probable mediator of rna polymerase ii transcription subunit 37c-like</i>	2.64	1.62	2.46	1.97	3	1.36				
253	SCAGLR1043F06.g	<i>F-box lrr-repeat protein 3-like</i>								1.31		
254	SCAGLR1043F07.g	<i>Brown planthopper-induced resistance protein 1</i>							2.6	-1.07	2.37	
255	SCAGLR1043F09.g	<i>Tpa: wrky dna-binding domain superfamily protein</i>			-1.47	-1.17	2.34			-1.2	-1.52	
256	SCAGLR1043F10.g	<i>-NA-</i>		2.23		1.75		1.56		1.02	1.11	
257	SCAGLR1043G02.g *	<i>Desmoylating isopeptidase 1-like</i>	1.5				2.72			-1.88	-2.19	
258	SCAGLR1043H07.g	<i>Carrier protein mitochondrial-like</i>								-1.57	-1.49	
259	SCAGLR1064A03.g	<i>Udp-glucose flavonoid-3-o-glucosyltransferase</i>									-3.02	
260	SCAGLR1064B03.g	<i>Dentin sialophospho isoform x3</i>			1.7							
261	SCAGLR1064B05.g	<i>Cytochrome p450 86b1-like</i>		-1.45		-1.14		-1.8				
262	SCAGLR1064B07.g	<i>2-aminoethanethiol dioxygenase-like</i>							1.98		1.86	
263	SCAGLR1064B08.g	<i>Ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>							1.9		1.84	
264	SCAGLR1064C02.g	<i>Hypothetical protein [Zea mays]</i>					1.36	-1.07		1.62		
265	SCAGLR1064D09.g *	<i>Rna polymerase i-specific transcription initiation factor rrn3-like</i>						-1.17			1.68	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
266	SCAGLR1064E02.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g044190</i>	2.16				2.01			-1.07		-1.48
267	SCAGLR1064F02.g	<i>Amine oxidase flavin domain-containing protein</i>			-1.51		-1.31					
268	SCAGLR1064F11.g	-NA-			-1.32							
269	SCAGLR1064H05.g *	<i>Arginine decarboxylase</i>	2.55		2.25		2.57			-1.08		
270	SCAGLR1064H08.g *	<i>Chloroplast nucleoid dna-binding protein cnd41</i>		-1.4			-1.65			-1.14		
271	SCAGLR2011A04.g	<i>Uncharacterized protein partial</i>								-1.27		-1.48
272	SCAGLR2011B05.g	<i>Amino acid carrier</i>								1.8		1.91
273	SCAGLR2011C04.g	-NA-			2.25		4.54			-1.7		-1.39
274	SCAGLR2011D02.g	<i>Respiratory burst oxidase homolog protein b-like</i>								4.63		4.68
275	SCAGLR2011D03.g *	<i>Stress responsive protein</i>	1.26	1.32			1.38					-1.01
276	SCAGLR2011D05.g	<i>Calmodulin-binding transcription activator 3-like isoform x2</i>		-1.74			-1.28					
277	SCAGLR2011E12.g	<i>Mitochondrial glycoprotein</i>								-1.31		
278	SCAGLR2011F12.g *	<i>Temperature-induced lipocalin</i>		2.98				2.14			2.67	
279	SCAGLR2011H07.g	<i>Thioredoxin h</i>			1.26		1.85			1.45		1.58
280	SCAGLR2018A11.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>					-2.63		-2.49		-2.47	-2.08
281	SCAGLR2018B05.g	<i>60s ribosomal protein l29</i>					-1.13			-1.18		-1.13
282	SCAGLR2018C03.g *	<i>Copper ion binding protein</i>	4.61	-2.75			-1.99		-1.02		-1.1	-1.56
283	SCAGLR2018D02.g *	<i>Grx-i1 - glutaredoxin subgroup iii</i>	1.38		-1.28		1.45					1.33
284	SCAGLR2018D03.g *	<i>Aminotransferase y4ub</i>		-1.46				-1.74		-2.16		-2.25
285	SCAGLR2018D04.g	<i>Senescence-associated family protein</i>								2.73		2.82
286	SCAGLR2018E01.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g017980</i>					-2.32					-1.96
287	SCAGLR2018F09.g *	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>	1.7							-1.35		-1.4
288	SCAGLR2018F12.g	<i>Peptide methionine sulfoxide reductase</i>	-1.16		-1.5							
289	SCAGLR2018G02.g	<i>Branched-chain-amino-acid aminotransferase</i>					-1.31	-1.28				-3.41
290	SCAGLR2018G03.g	<i>Pras-rich protein</i>					-1.31	-1.28	-1.7			-1.26
291	SCAGLR2018G04.g *	<i>Ring-h2 finger protein atl1r</i>	-2.71							-2.43		-3.29
292	SCAGLR2018H07.g	<i>Leucine-rich repeat protein shoc-2-like</i>								1.67		1.66
293	SCAGLR2026B01.g *	-NA-					-1.85	3.38			1.32	1.37
294	SCAGLR2026C06.g	<i>Protein dj-1 homolog b-like</i>	1.02	1.96	1.14	2.6	1.2	2.2				
295	SCAGLR2026D10.g *	<i>Sorghum bicolor protein targeted either to mitochondria or chloroplast proteins t50848</i>	-1.19		-1.44					-1.29		
296	SCAGLR2026E02.g	<i>Histone h3</i>										-1.18
297	SCAGLR2026G01.g *	<i>Uncharacterized protein loc100277970</i>							-2		-2.07	-2.47
298	SCAGLR2026G12.g	-NA-					-1.16					
299	SCAGLR2026H09.g	<i>Dehydration responsive element binding protein</i>		1.38		1.5		1.12				
300	SCAGLR2033A03.g	<i>Protein sgt1 homolog</i>		-1.14								
301	SCAGLR2033D09.g *	<i>Actin family protein</i>	7.24		8.17		5.38	2.1				
302	SCAGLR2033D10.g *	<i>Serine mitochondrial-like</i>		-2.01		-2.15		-1.52		-1.29		-1.35
303	SCAGLR2033E02.g	<i>Clathrin light chain 1-like</i>								-1.07		-1.27
304	SCAGLR2033E03.g	<i>Aquaporin</i>	1.59	1.3	1.4	1.29	1.71					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
305	SCAGLR2033G02.g	<i>Cold acclimation protein cor413-pm1</i>	2.53	1.52	3.11	1.6	2.29	1.55				
306	SCAGRT2037C05.g	-NA-		1.9		1.59		1.2		1.18		1.27
307	SCAGRT2037F12.g *	<i>Acyl- -binding protein</i>						-1.34				
308	SCAGRT2038G06.g	<i>Uncharacterized protein LOC100278090 precursor</i>				-4.08						
309	SCAGRT2038H02.g	<i>Udp-glycosyltransferase 89b1-like</i>										-2.25
310	SCAGRT2039A02.g	<i>Asparagine synthetase</i>		4.22		4.77		3.55		-1.39		-1.51
311	SCAGRT2039A09.g *	<i>Sphingosine-1-phosphate lyase</i>		-1.52								
312	SCAGRT2039A11.g	<i>Probable protein phosphatase 2c 30-like</i>	5.25	2.5	6.33	2.13	5.05	1.58		-2.78		-3.27
313	SCAGRT2039F04.g	<i>Hornerin-like isoform x1</i>		-1.78	-1.34	-1.16	-1.31			1.07		1.18
314	SCAGRT2039G10.g	<i>Pti1-like tyrosine-protein kinase at3g15890-like</i>				-1.52						
315	SCAGRT2039H04.g	-NA-				-3.68						
316	SCAGRT2040C03.g	-NA-		-1.82		-1.6				-1.23		-1.44
317	SCAGRT2040C11.g	<i>Amino acid binding</i>										-1.08
318	SCAGRT2040G06.g *	<i>Phospholipid-transporting atpase 9-like</i>		-2.19								
319	SCAGRT2041B12.g	<i>F-box domain containing protein</i>				1.52						
320	SCAGRT2041D08.g	<i>F-box lrr-repeat protein at4g15060-like</i>				1.52						
321	SCAGRT2041D10.g	<i>Transcription factor myb42</i>								2.17		2.29
322	SCAGRT2041E02.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g007470</i>				-2.45						
323	SCAGRT2041F09.g	-NA-				-1.14				-1.01		-2.1
324	SCAGRT3046D04.g	-NA-	5.67		5.59							
325	SCAGRT3049F04.g *	<i>Peroxidase 12 precursor</i>		-2.54								
326	SCAGRT3050F04.g	<i>Patatin group a-3</i>				-3.06		-3.43				
327	SCAGSB1086E03.g *	<i>Vacuolar h+-translocating inorganic pyrophosphatase</i>		-1.08								
328	SCAGSB1086G11.g *	<i>Chaperone protein chloroplastic-like</i>			1.06			1.25				
329	SCAGSB1087C11.g *	<i>Cobra-like protein 4- partial</i>								-2.77		
330	SCAGSB1087E01.g	<i>Villin 1 family protein</i>								-2.14		-1.85
331	SCAGSB1089D11.g *	<i>Glycine-rich rna binding protein</i>		1.21			-1.53					
332	SCAGSD1041H08.g *	<i>Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 5-like</i>		2.96		2.48	1.62	1.91				
333	SCAGSD1042A10.g	<i>Cytochrome p450 716b1-like</i>								-4.71		-4.45
334	SCAGSD1043A01.g *	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>		-1.82		-2.1		-1.68				-2.11
335	SCAGSD1043F08.g	<i>Hessian fly response gene 1 protein</i>	-1.62			-1.71		-1.55		-1.97		-2.5
336	SCAGSD2039D07.g	<i>Tpa: tify domain cct motif transcription factor family protein</i>										
337	SCAGSD2040D05.g	<i>Nac transcription factor</i>		3.78		3.18		3.12				
338	SCAGSD2041A11.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC100833946</i>										-1.47
339	SCAGSD2041D06.g	-NA-				-2.11		-1.97				
340	SCAGSD2041E04.g	-NA-	6.62		6.05		6.59			-2.35		
341	SCAGSD2042D08.g *	<i>Zinc finger protein constans-like 5-like</i>										-2.97

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
342	SCAGSD2043G06.g	-NA-									2.25	
343	SCAGSD2043G07.g	-NA-			-1.69		-1.42					
344	SCAGST3137C05.g	<i>Galactosylgalactosylxylosylprotein 3-beta-glucuronosyltransferase 1</i>							-1.6		-2.1	
345	SCAGST3137D10.g *	<i>Disease resistance response protein 206-like</i>							-1.63			
346	SCAGST3139H10.g *	<i>Retrotransposon protein</i>	1.91	1.91	1.98							
347	SCAGST3140A09.g *	<i>Serine arginine repetitive matrix protein 1-like</i>	2.26									
348	SCAGST3140F06.g	<i>Udp-glycosyltransferase 75d1-like</i>							2.65		2.77	
349	SCAGST3141D06.g *	<i>Probable flavin-containing monooxygenase 1-like</i>							-3.13			
350	SCAGST3141G10.g *	<i>Uncharacterized protein loc101760861</i>					-1.17		-2.1		-2.55	
351	SCBFAD1045B09.g	-NA-		2.1		1.5						
352	SCBFAD1045G06.g	<i>Histone deacetylase</i>							2.36		2.95	
353	SCBFAD1047H03.b *	<i>Kelch repeat-containing f-box-like</i>		3.15					4.1		6.63	
354	SCBFAD1067A01.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-346385</i>							5.19		4.98	
355	SCBFAD1067A05.g	<i>6-phosphogluconate decarboxylating</i>		-1.47		-1.75		-1.29	-1.38		-1.25	
356	SCBFAD1067B11.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like</i>			-1.1							
357	SCBFAD1067E05.g	<i>Ethylene-responsive element binding protein 2</i>							3.31		3.09	
358	SCBFAD1067G11.g	-NA-									2.74	
359	SCBFAD1088H04.g	<i>Bag family molecular chaperone regulator 6-like</i>			1.91	1.98	1.48					
360	SCBFAD1089A09.g	<i>Disease resistance protein rps2</i>		-1.57		-2.88	-3.43					
361	SCBFAD1090H07.g	<i>Uncharacterized acetyltransferase at3g50280-like</i>		1.6		1.14	1.32				-1.48	
362	SCBFAD1090H12.b *	<i>Auxin-responsive aux iaa family protein</i>	2.58					2.04				
363	SCBFAD1091F05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g022260</i>		2.86		3.24						
364	SCBFAD1094D06.g *	<i>Os01g0347300</i>					-3.57					
365	SCBFAD1094E08.b	<i>Glutamate synthase 1</i>		-2		-1.79						
366	SCBFAD1095C08.g *	<i>Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>		2.01								
367	SCBFAD1095G10.g	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>		1.03		1.35			2.17		2.25	
368	SCBFAD1096D09.g	<i>Root phototropism protein 2-like</i>								1.07		
369	SCBFAD1096G07.g *	<i>Heat shock 70 kda protein 4</i>		-1.61								
370	SCBFAM2021E08.g	<i>Cinnamyl alcohol dehydrogenase 2</i>							-1.76		-2.41	
371	SCBFAM2022G06.g	<i>Wrky74 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains</i>				-1.54			-1.31		-1.64	
372	SCBFAM2023A05.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>				-2.86	-2.89	-2.17	-2.69			
373	SCBFAM2023G08.g	<i>Fiber protein fb34</i>				-1.48	-1.44	-1.85	-2.19			
374	SCBFAM2025E12.g *	<i>Probable inositol oxygenase-like</i>		-1.14					-2.77		-3.09	
375	SCBFAM2117B08.g	<i>Alcohol dehydrogenase 1</i>				-2.29		3.77	3.82			
376	SCBFAM2117D07.g	<i>Probable folate-biopterin transporter 2-like</i>									-3.22	
377	SCBFAM2119F06.g	-NA-				-1.66		-1.23	-1.26			
378	SCBFAM2120E11.g	<i>Aspartokinase chloroplastic-like</i>						3.36	4.08			
379	SCBFAM2120G08.g	<i>Uncharacterized protein loc100826478</i>			-1.96			-1.76	-2.6			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
380	SCBFFL4112E03.g	<i>Plant-specific domain tigr01615 family protein</i>	1.82		1.75		2.08					
381	SCBFFL4112F05.g	<i>Chenoycyanin precursor</i>		-1.4		-1.9		-1.66		-2.61		-2.92
382	SCBFFL4113A06.g	<i>Serine threonine-protein kinase at5g01020-like</i>				-3.32						-2.51
383	SCBFFL4114H05.g	<i>Glabra2 expression modulator-like</i>										
384	SCBFFL4116A06.g	-NA-			1.66		1.35					
385	SCBFFL4116B01.g *	-NA-								3.85		
386	SCBFFL5066B01.g *	-NA-			3.86							
387	SCBFFL5067B11.b	<i>Loc100285177 precursor</i>					1.22					
388	SCBFFL5067B12.b	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>										-1.12
389	SCBFFL5074C09.g	<i>Alpha-<sub>l</sub>-glucan-protein synthase</i>		-2.32		-3.08		-2.27		-1.75		-1.4
390	SCBFLB2094C12.g *	<i>Tpa: lh1 dna-binding domain superfamily protein</i>		-2.41								
391	SCBFLR1005G06.g	<i>Very-long-chain 3-oxoacyl- reductase 1-like</i>							4.42		5.42	
392	SCBFLR1005H06.g	<i>Cytochrome p450 87a3</i>		-4.16		-4.33						
393	SCBFLR1026C09.g	-NA-			1.69		1.9					
394	SCBFLR1026E02.g	<i>14-3-3-like protein</i>			-1.28		-1		-1.36			
395	SCBFLR1026E07.g *	<i>Coatomer subunit gamma-2-like</i>			-1.39				-1.04		-1.2	-1.16
396	SCBFLR1026G03.g	<i>Aryl-alcohol dehydrogenase -like</i>					1.16					
397	SCBFLR1026H08.g	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>					1.67			2.06		1.85
398	SCBFLR1026H12.g *	<i>Rna-binding protein</i>								-1.2		
399	SCBFLR1039A03.g	<i>Polyphenol oxidase</i>							-1.29			
400	SCBFLR1039B12.g *	<i>Actin- expressed</i>		2.17				2.95				
401	SCBFLR1039C11.g	<i>Seed specific protein bn15d17a</i>										1.18
402	SCBFLR1039E05.g	<i>40s ribosomal protein s23</i>								-1.28		-1.07
403	SCBFLR1039E06.g *	<i>Rubber elongation factor family protein</i>			1.4							1.74
404	SCBFLR1039F08.g	<i>Actin depolymerizing factor 4</i>										1.64
405	SCBFLR1039F09.g	<i>Actin-depolymerizing factor 7-like</i>										1.11
406	SCBFLR1046A09.g *	<i>Cation proton exchanger 1a</i>		1.24	2.1		2.35		1.45			1.18
407	SCBFLR1046B12.g	<i>Uncharacterized protein LOC100501649</i>		2.29		2.3		2.65				1.07
408	SCBFLR1046D03.g *	<i>Cullin-1-like isoform 1</i>			-1.32							
409	SCBFLR1046D07.g *	<i>U3 small nucleolar rna-associated protein 10 and nuc211 domain-containing isoform 2</i>			-1.56							
410	SCBFLR1046E10.g *	<i>Xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein 23</i>							2.65			
411	SCBFLR1046F07.g *	<i>Tpa: subtilase family protein</i>						2.73				
412	SCBFLR1060F03.g	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like</i>		-1.29		-1.28				-1.68		
413	SCBFLR1083C11.g	<i>Epoxide hydrolase 2</i>					1.18					
414	SCBFLR1083E01.g	<i>Lysosomal alpha-mannosidase-like</i>										-1.3
415	SCBFLR1083E03.g *	<i>Nucleoside diphosphate kinase 1</i>								1.34		1.61
416	SCBFLR1083E09.g	<i>Insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile subunit-like</i>								1.6		1.94

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
417	SCBFLR1083F02.g	<i>40s ribosomal protein s9-2-like</i>		-1.2		-1.63				-1.3		-1.24
418	SCBFLR1083F04.g *	<i>Probable protein phosphatase 2c 39-like</i>		-1.68						1.14		
419	SCBFLR1083F12.g *	<i>3-hydroxyisobutyryl- hydrolase-like protein 5-like</i>		-2.14								
420	SCBFLR1083G01.g	<i>3-ketoacyl- thiolase peroxisomal-like</i>		-1.38		-1.4				-1.58		-1.66
421	SCBFLR1083G06.g	<i>Serine threonine-protein kinase ctr1-like</i>										1.57
422	SCBFRT1064A01.g *	<i>Cinnamoyl- reductase</i>								-1.56		-2.42
423	SCBFRT1064C07.g	<i>Calcium uptake protein mitochondrial-like</i>								2.14		2.31
424	SCBFRT1064C08.g	<i>Protein srg1</i>								-2.07		-2.26
425	SCBFRT1064F09.g	<i>Probable -trehalose-phosphate synthase</i>				1.16						
426	SCBFRT1064H06.g *	<i>-NA-</i>		1.63	-2.21							
427	SCBFRT1065B11.g	<i>Mixed-linked glucan synthase 2</i>								2.05		1.91
428	SCBFRT1065G11.g	<i>-NA-</i>		-2.67		-2.21						
429	SCBFRT1068C10.b *	<i>Exordium like 2</i>						2.73				
430	SCBFRT1068C11.g *	<i>Enolase chloroplastic-like</i>		-1.19						-1.48		-1.89
431	SCBFRT1068H02.g	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>								1.55		1.61
432	SCBFRT1070C04.g	<i>Nadph hc toxin reductase</i>							-1.1			
433	SCBFRT1070E05.g *	<i>Mitogen activated protein kinase kinase</i>				1.83	2.4					
434	SCBFRT1070F07.g *	<i>Flavonol 3-sulfotransferase</i>	-2.03									
435	SCBFRT1071C11.g	<i>Abc transporter f family member 5-like</i>				1.21						
436	SCBFRT1071H10.g	<i>Tropinone reductase 2</i>									1.33	
437	SCBFRT1072F07.g *	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>				-3.46			1.83	-1.37		-1.46
438	SCBFRT1072H11.g	<i>Peroxidase 5</i>				-3.51						
439	SCBFRT3094B09.g	<i>Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit d-like</i>	1.04		1.38							
440	SCBFRT3094F08.g *	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like</i>		-1.87								
441	SCBFRZ2016A06.g	<i>Mitochondrial atp synthase 6 kda subunit</i>				-1.03					-1.12	
442	SCBFRZ2016B08.g	<i>Nucleic acid binding protein</i>	2.04		1.62				1.65		1.58	1.43
443	SCBFRZ2016F06.g	<i>Duf246 domain-containing protein at1g04910-like</i>			-1.98							
444	SCBFRZ2016G05.g	<i>Stem-specific protein tsjt1</i>			-1.07							
445	SCBFRZ2017C04.g	<i>Phi-1 precursor</i>			3.82							
446	SCBFRZ2017C07.g *	<i>Glutaminyl-tRNA synthetase</i>	-1.2									
447	SCBFRZ2017D04.g *	<i>Splicing factor u2af 38 kda subunit</i>	2.29	2.13								
448	SCBFRZ2017F01.g	<i>Protein nlp3-like</i>										1.6
449	SCBFRZ2017G06.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g014190</i>	-1.23									
450	SCBFRZ2018D11.g	<i>Gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase precursor</i>	1.26		1.14	1.4						
451	SCBFRZ2018D12.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>									1.11	
452	SCBFRZ2018G02.g	<i>Myb transcription factor</i>		-1.74		-2.03			-1.91			
453	SCBFRZ2018H10.g *	<i>Probable sugar phosphate phosphate translocator at3g11320-like</i>								-1.23		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
454	SCBFRZ2018H11.g *	<i>Histone h1</i>		1.12		1.11		1.62		1.11		1.22
455	SCBFRZ2019A09.g	<i>Hypothetical protein</i>		1.57		1.84			1.4			
456	SCBFRZ2019D01.g	<i>Atp-dependent zinc metalloprotease chloroplastic-like</i>				1.52			1.28			
457	SCBFRZ2019D02.g *	<i>Tpa: bzip transcription factor superfamily protein</i>	-2.07				-2.09			-1.06		-1.37
458	SCBFRZ2019E01.g *	<i>Alpha- partial</i>								1.07		1.25
459	SCBFRZ2019E12.g	<i>Cytochrome p450 78a3-like</i>		2.8		2.8		2.82		-2.56		
460	SCBFRZ2045A12.g *	<i>Phosphoethanolamine n-methyltransferase 1-like</i>		-4.61	2.18	-4.81						
461	SCBFRZ2045C07.g	<i>Narrow leaf 1</i>				1.43						
462	SCBFRZ2046A04.g	<i>Tpa: flp1</i>										-1.82
463	SCBFRZ2046E11.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-2-like</i>										-1.06
464	SCBFRZ2047C05.g	<i>-NA-</i>					1.47					
465	SCBFRZ2047D06.g	<i>Leucoanthocyanidin reductase</i>										-3.63
466	SCBFRZ2048D04.g	<i>Cbl-interacting protein kinase family protein</i>				2.06						
467	SCBFRZ2048F01.g	<i>Ser thr-rich protein t10 in dgcr region</i>							4.18		3.75	
468	SCBFRZ2048H03.g	<i>Ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda</i>				-1.12						
469	SCBFRZ2049B05.g *	<i>-NA-</i>		2.64		3.29		1.86	-1.24			-2.98
470	SCBFRZ2049F06.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g026470</i>							2.56		2.98	
471	SCBFRZ2050G03.g	<i>Glycine cleavage system h protein mitochondrial-like</i>	-1.32			-1.88				-1.39		-1.4
472	SCBFRZ2050H12.g	<i>Agglutinin-like protein isoform 1</i>								-1.96		-1.9
473	SCBFRZ3006E11.g	<i>Uncharacterized protein loc101772669</i>	-1.02			-2.88		-2.61		-1.51		-2
474	SCBFRZ3007F03.g	<i>Tpa: phd zinc finger and duf1423 domain containing family protein</i>										1.17
475	SCBFRZ3008D06.g *	<i>9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase</i>	5.63	2.59						-2.52		-3.19
476	SCBFRZ3009B03.g *	<i>4-coumarate- ligase-like protein 7</i>		-4.16						-2.3		
477	SCBFRZ3009C03.g *	<i>Hypothetical protein Osl-37677 [Oryza sativa Indica Group]</i>		-3.03						-2.54		
478	SCBFRZ3009F11.g	<i>Homeodomain-like transcription factor superfamily protein</i>				-1.25		-1.24				
479	SCBFSB1045D10.g	<i>Pleiotropic drug resistance protein 15-like</i>	-3.41			-3.86		-4.3		3.63		-3.39
480	SCBFSB1045E02.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase rha2a-like</i>				-3.24		-1.45		-2.81		-3.83
481	SCBFSB1046C05.g	<i>Probable glycosyltransferase at5g03795-like</i>			4.79							
482	SCBFSB1046H07.g	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>							1.01		1.4	
483	SCBFSB1047B08.g	<i>Heavy-metal-associated domain-containing expressed</i>										1.86
484	SCBFSB1047D09.g	<i>Protein lurp-one-related 5-like</i>				1.43						
485	SCBFSB1047E12.g	<i>Light-induced protein 1-like</i>		-2.8	2.3	-1.8						-1.45
486	SCBFSB1049C05.g *	<i>-NA-</i>				1.74						
487	SCBFSD1034B08.g	<i>Sex determination protein tasselseed 2</i>	2.99			2.82						
488	SCBFSD1037F06.g	<i>Rieske domain containing expressed</i>			1.1							
489	SCBFSD1037F12.g	<i>Early light-induced protein</i>								1.55		1.73
490	SCBFSD2034F08.g *	<i>-NA-</i>						-1.11				
491	SCBFSD2038A07.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-582383</i>	1.52		1.32	2.16						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
492	SCBFS2038H10.g	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-826465		2.19		2.32		1.81				
493	SCBFST3132E06.g	Hypoxia induced protein conserved region containing expressed							2.19		2.04	
494	SCBFST3132H06.g	Nodulin 21-like transporter family protein isoform 1							1.24		1.44	
495	SCBFST3133G05.b	Hypothetical protein					1.2					
496	SCBFST3133G05.g	Nad h dehydrogenase subunit 48					1.08					
497	SCBFST3134A08.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g011470							-1.83		-1.93	
498	SCBFST3134A10.g	Endoglucanase 16-like					-2.67				-2.26	
499	SCBFST3134F07.g	Cobra-like protein 6-like					-2.41		-1.35		-2.41	
500	SCBFST3135G11.g *	Probable serine incorporator-like isoform x1					1.88					
501	SCBFST3136C01.g *	-NA-							1.4		-3.14	
502	SCBFST3136C07.g	Profilin a					-3.08		-2.05		-1.67	
503	SCBFST3136F06.g	Carboxylic ester hydrolase									-2.27	
504	SCBFST3136G10.g	Cyclic nucleotide gated channel 2	1.85	2.99	1.9	3.56	2.27	2.98				
505	SCBGAD1026E12.g	Cellulose synthase-like protein d3-like					-2.18					
506	SCBGAD1027B06.g	Aspartate aminotransferase									1.49	
507	SCBGAD1028H11.g	Metalloendoproteinase 1-like					-1.32					
508	SCBGAM1090A08.g	-NA-					5.42		3.11			
509	SCBGAM1090B04.g	Metal ion binding protein								1.27	1.59	
510	SCBGAM1092D12.g	Alpha beta fold family expressed								-1.23	-1.54	
511	SCBGAM1092E03.g	Salt-inducible protein	-2.19		1.11		2.85					
512	SCBGAM1092F12.g *	Myb dna-binding domain superfamily protein		1.81		1.7	-1.61			1.34	1.24	
513	SCBGAM1092G10.g *	Thiosulfate sulfurtransferase 18-like					1.72			-2.03		
514	SCBGFL3094A11.g	Hin1-like protein		-1.14		-1.87		-2.42		-1.86	-2	
515	SCBGFL3095E08.g	Histone					-2.82					
516	SCBGFL3096F02.g	-NA-					-1.38					
517	SCBGFL4051H08.g	Plant-specific domain tigr01615 family protein					1.08					
518	SCBGFL4052C11.g *	Eil transcription factor		1.65					1.3		-1.48	
519	SCBGFL4052E08.g	Succinate dehydrogenase								1.64	2.1	
520	SCBGFL4053F12.g	Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g14390-like					-1.64					
521	SCBGFL4054E01.g *	-NA-					-1.25					
522	SCBGFL4054H05.g *	Cyclic nucleotide-gated ion channel 2					2.75					
523	SCBGFL4056C04.g *	Sadenosylmethionine synthetase 1		1.13								
524	SCBGFL4056D12.g	Soluble acid invertase		5.9		4.81		7.7				
525	SCBGFL4057D12.g	Retrotransposon unclassified									2.25	
526	SCBGFL5076G05.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g009600		3.7					2.91			
527	SCBGFL5081H10.g	Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g06840-like		-2.04		-1.42						
528	SCBGHR1057C09.g *	Probable folate-biopterin transporter 7-like							2.18			
529	SCBGHR1057G05.g *	Plant-specific domain tigr01570 family protein		-1.66								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
530	SCBGRH1058A02.g	-NA-	4.29	3.93	2.44	3.27	2.36	2.85				
531	SCBGRH1058E08.g	Peroxidase 4-like		-1.99		-2.95			-1.77		-2.11	
532	SCBGRH1060F06.g	Glycerophosphodiester phosphodiesterase gde1-like									6.21	
533	SCBGRH1061C01.g	Nucleoside diphosphate kinase family protein									-1.94	
534	SCBGRH1061G02.g	Heparan-alpha-glucosaminide n-acetyltransferase-like isoform x3									-1.88	
535	SCBGLB2071C05.g *	Glycerol-3-phosphate transporter 4-like						3.6				
536	SCBGLB2071E02.g	Probable l-type lectin-domain containing receptor kinase -like			-1.94							
537	SCBGLR1002A01.g *	Tpa: gid1-like gibberellin receptor		1.08	1.07		1.33		1.62		1.17	
538	SCBGLR1002A11.g *	Seed maturation protein	1.57		2.52		1.7					
539	SCBGLR1002B06.g	Xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein 26		2.51		3.35		2.56				
540	SCBGLR1002B09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g038810	-1.27	-1.05	-1.51	-1.9						
541	SCBGLR1002E05.g *	Tpa: tify domain cct motif transcription factor family protein					-1.3	-1.73	-2.53		-2.98	
542	SCBGLR1002E06.g	Tpa: tify domain cct motif transcription factor family protein					-1.53	-1.42	-1.73		-2.28	
543	SCBGLR1002F07.g	Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein					1.78	1.54	1.29		1.4	
544	SCBGLR1002G12.g	Alcohol dehydrogenase 1					-2.24		3.66		3.75	
545	SCBGLR1002H04.g *	Nac1 transcription factor	1.38	1.45	1.57		2.46					
546	SCBGLR1003B07.g	Gtp-binding protein sar1a-like							1.23		1.17	
547	SCBGLR1003C11.g	Lysosomal alpha-mannosidase					-2.25					
548	SCBGLR1003D07.g	Dual specificity protein phosphatase dsp8-like					-1.84					
549	SCBGLR1003E02.g *	Dof zinc finger		1.56							1.21	
550	SCBGLR1003E06.g *	Eif5-mimic protein						-1.11				
551	SCBGLR1023A01.g *	Serine threonine-protein kinase mak		-1.66								
552	SCBGLR1023A04.g	Blue copper protein precursor					-2.28	-1.97	-1.76		-2.06	
553	SCBGLR1023A10.g *	Iron-stress related protein						-1.08				
554	SCBGLR1023B02.g	G-box-binding factor 3-like	4.39		4.39	3.03	3.36	3.18				
555	SCBGLR1023B11.g *	Amine oxidase flavin domain-containing protein		-1.68				-1.61	1.47		1.68	
556	SCBGLR1023D05.g	Zinc finger protein lsd1	-1.45		-1.48				-1.08	2.44	-1.03	
557	SCBGLR1023E02.g *	Ef hand family expressed				-1.75	1.36	-2.13			2.64	
558	SCBGLR1023F09.g	Prolyl 4-hydroxylase 5-1									1.86	
559	SCBGLR1023G05.g *	Transcription factor myb48		1.6		1.19	-1.33		1.22		1.19	
560	SCBGLR1023G07.g	-NA-		1.6		1.31						
561	SCBGLR1023G11.g	Aspartic proteinase nepenthesin-2	4.06		2.93							
562	SCBGLR1023H03.g *	Ereb transcription factor	1.6						-1.86		-2.23	
563	SCBGLR1027B09.g	Isco large subunit-binding protein subunit chloroplastic										
564	SCBGLR1027C07.g *	Chaperone protein dnaj-related-like			2			-2.83			-3.36	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
565	SCBGLR1027G12.g	<i>Arsenite transport subunit b</i>									-1.47	-2.22
566	SCBGLR1044D06.g	<i>Ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase</i>			1.29							
567	SCBGLR1044F02.g	-NA-									-1.15	-1.79
568	SCBGLR1047A12.g	<i>40s ribosomal protein s3a</i>									-1.27	-1.25
569	SCBGLR1047B12.g	<i>Glycosyltransferase-like domain-containing protein 2-like</i>					-1.49					
570	SCBGLR1047E04.g	<i>Hypothetical protein</i>										2.25
571	SCBGLR1047G06.g	<i>Cation transport protein chac</i>									1.37	1.37
572	SCBGLR1082F03.g *	<i>Histone h1</i>	1.01		-1.51		1.38		2.19	-1.21		
573	SCBGLR1082G01.g	<i>Protein binding protein</i>										-1.07
574	SCBGLR1096A06.g	<i>Metal ion binding protein</i>					-1.69					
575	SCBGLR1096F04.g	<i>Acyl- -binding protein</i>					-2.21		-2.15			-1.88
576	SCBGLR1096H07.g	<i>Very-long-chain 3-hydroxyacyl-</i>					-1.42					-1.22
577	SCBGLR1097B08.g	<i>Erg28 like protein</i>										-3.25
578	SCBGLR1097G03.g *	<i>Protein aspartic protease in guard cell 2-like</i>			-2.01							-1.95
579	SCBGLR1098E11.g *	<i>Brown planthopper-induced resistance protein 1</i>	1.77	1.78			1.99	1.86				
580	SCBGLR1098G09.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-665394, partial</i>					-1.22				1.09	1.08
581	SCBGLR1098G12.g *	<i>Kda heat shock protein</i>	1.4					1.62				
582	SCBGLR1099A10.g *	-NA-		2.62								
583	SCBGLR1099B12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g023150</i>					-4.27					
584	SCBGLR1099F09.g	-NA-					-1.23				-1.2	-1.51
585	SCBGLR1099G02.g *	<i>Crt dre binding factor 1</i>							-2.58		-2.45	
586	SCBGLR1099G12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-0016s002650</i>	1.71			1.16		1				
587	SCBGLR1100E01.g	<i>Serine arginine repetitive matrix protein 1-like</i>			-1.4	-1.07						
588	SCBGLR1112F08.g	<i>Xanthine uracil permease family expressed</i>										1.09
589	SCBGLR1113E12.g *	-NA-	1.36			-1.07			2.09		2.47	2.59
590	SCBGLR1113F12.g	<i>Glycine-rich rna binding protein</i>										
591	SCBGLR1113G01.g	-NA-										3.4
592	SCBGLR1114D06.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-622594</i>					-2.75					
593	SCBGLR1114E07.g *	<i>Phospholipid transfer protein 1</i>					1.31					
594	SCBGLR1114F09.g	<i>Probable adp-ribosylation factor gtpase-activating protein agd11-like</i>					1.07				-1.22	-1.12
595	SCBGLR1115A11.g	<i>3-hydroxyisobutyryl-coenzyme a expressed</i>					1.32					
596	SCBGLR1116G07.g	<i>Glycerol-3-phosphate transporter 1-like</i>								1.35	1.04	1.5
597	SCBGLR1116H01.g	-NA-	4.56		4.52		4.44					
598	SCBGLR1116H12.g	<i>2og-fe oxygenase family protein</i>	2.38		1.94		1.74					
599	SCBGLR1117C01.g *	-NA-	1.71				1.94					-2.08
600	SCBGLR1117F01.g *	<i>Late embryogenesis abundant protein</i>	1.84	2.17			2.29					
601	SCBGLR1117F04.g	<i>Hypothetical protein Osl-11493</i>			1.38		2.17					
602	SCBGLR1117F05.g *	-NA-						5.21				
603	SCBGLR1117F11.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g030780 [Sorghum bicolor]</i>								1.43		1.58

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
604	SCBGLR1117G09.g	Serine threonine-protein kinase at5g01020-like	1.72		2.05		2.05					
605	SCBGLR1118B02.g *	Response regulator 7			-1.7	-1.77			-1.58			
606	SCBGLR1118B03.g	-NA-	1.12	1.72	1.05						-1.27	-1.52
607	SCBGLR1118B09.g	-NA-	-2.28		-2.07		-2.39					
608	SCBGLR1119A06.g *	Histone h1			2.03		1.42		1.12		1.28	1.21
609	SCBGLR1119A10.g	Wound induced protein									1.31	1.47
610	SCBGLR1119B08.g *	Aspartic proteinase-like protein 2-like isoform x1		-1.34								
611	SCBGLR1119B11.g *	Sec-independent protein translocase protein chloroplastic-like							-1.12			
612	SCBGLR1119D03.g	Tpa: protochlorophyllide reductase-like protein	-1.56		-2.16							
613	SCBGLR1119F04.g	Electron transfer flavoprotein subunit mitochondrial-like					1.23					
614	SCBGLR1119G03.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g002170	1.53	1.19			2.32	-1.13			3.23	3.52
615	SCBGLR1119G07.g	Anthocyanidin -o-glucosyltransferase									1.42	1.71
616	SCBGLR1119G10.g *	Metal ion binding protein										
617	SCBGLR1120A04.g *	Ap2-erebp transcription factor			-1.39							1.31
618	SCBGLR1120A05.g *	Usp family protein	5.1	3.86	-1.22	4.69	4.1	3.23		4.7		3.7
619	SCBGLR1120F04.g	-NA-			2.22		2.46					
620	SCBGRT1046A01.g *	Calcium uptake protein mitochondrial-like									3.18	
621	SCBGRT1046D12.g	Heat shock factor protein 3		3.23		2.57		2.79				
622	SCBGRT1047A08.g	Submergence induced protein si397									1.9	1.89
623	SCBGRT1047C08.g	Uncharacterized protein loc101758274 isoform x1				-2.19					2.03	2.28
624	SCBGRT1047F11.g *	TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-744538		-1.87								
625	SCBGRT1049F01.g	Protein flowering locus t-like										-3.47
626	SCBGRT1050A08.g	Chitinase 8		1.24		1.48					3.81	4.21
627	SCBGRT1052C01.g	1-amino cyclopropane-1-carboxylate synthase										
628	SCBGRT1052E01.g	Tonoplast intrinsic protein	-1.22		-2.52							-1.25
629	SCBGRT1053F11.g	Secologanin synthase-like			-2.15		-2.12					-1.6
630	SCBGRT1054C11.g *	Lob domain-containing protein 41-like									1.53	1.5
631	SCBGRT1054F09.g	Zinc finger protein 1-like			-4.46		-3.65					
632	SCBGRT1056F03.g	-NA-									5.65	4.87
633	SCBGRT1057A11.g	Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein									2.44	2.74
634	SCBGRT3011F05.g	Probable l-type lectin-domain containing receptor kinase -like			-2.97							
635	SCBGRT3071E11.g	Glutathione transferase iii										-1.67
636	SCBGRT3075D08.g	Uncharacterized loc101212597									2.21	
637	SCBGRT3075F07.g *	12-oxophytodienoate reductase 5-like		-1.71				-1.12		-2.65		-3.43
638	SCBGSB1025F02.g	Tpa: o-glycosyl hydrolase family 17 protein										-1.59
639	SCBGSB1025F03.g	Glutamine synthetase									-1.13	-1.1
640	SCBGSB1025F11.g *	Tpa: homeobox dna-binding and leucine zipper domain family protein									-1.57	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
641	SCBGSB1027D01.g	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>									1.98	
642	SCBGSB1027H10.g	<i>Heme-binding-like protein chloroplastic-like</i>								3.13	3.39	
643	SCBGSD1049A12.g *	<i>Alanine glyoxylate aminotransferase</i>								3.93		
644	SCBGSD1049B03.g	<i>Vacuolar protein sorting-associated protein 62-like</i>					-2.94		-2.31			
645	SCBGSD1050A02.g	<i>Homeobox-leucine zipper protein hox22-like</i>	4.09	4.77	4.82	3.9	4.87	2.76			-2.06	
646	SCBGSD2049G08.g	<i>Sugar transport protein 7-like</i>									-2.26	
647	SCBGSD2050A07.g *	<i>-NA-</i>		2.18								
648	SCBGSD2053C08.g	<i>Abscisic stress ripening protein 2</i>	-1.3						-1.58		-1.15	
649	SCBGSD2053C10.g	<i>Thiamine biosynthetic enzyme</i>			-3.23		-1.15		-1.7	-3.55	-1.2	
650	SCBGST3104D07.g *	<i>Blue copper</i>							-3.09	-2.28	-2.43	
651	SCBGST3106D08.g	<i>Isoflavone reductase homolog irl-like</i>		-1.17			-2.13		-1.83	-1.81	-2.26	
652	SCBGST3108C07.g	<i>Peroxisomal biogenesis factor 19</i>									1.67	
653	SCBGST3109C07.g	<i>-NA-</i>					-3.33					
654	SCBGST3110B01.g	<i>Transcription factor myb48-like</i>					-2.11					
655	SCBGST3110C12.g *	<i>Subtilisin-like protease-like</i>		3.61	5.82				2.99			
656	SCBGST3110E02.g	<i>Stress response protein nst1-like isoform x1</i>								2.19	2.11	
657	SCBGST3110E04.g	<i>Transporter-related family protein</i>					-1.12					
658	SCBGST3111A05.g *	<i>Farnesylated protein 1</i>		1.63	2.34					3.47	3.98	
659	SCBGST3111B12.g	<i>Aspartokinase chloroplastic-like</i>										
660	SCCCAD1001A08.g *	<i>-NA-</i>		-1.1								
661	SCCCAD1001C08.g	<i>Cationic peroxidase</i>	-2.5	-3.84	-2.8		-4.31					
662	SCCCAD1001E04.g	<i>Probable ccr4-associated factor 1 homolog 11-like</i>					-1.28				-1.38	
663	SCCCAD1001H09.g	<i>-NA-</i>		1.84			1.65		1.65		-1.05	
664	SCCCAD1002G07.g *	<i>Probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 1-like</i>		-2.68				-1.85				
665	SCCCAD1002H01.g	<i>Annexin a4</i>								-1.86	-2.33	
666	SCCCAD1003F06.g *	<i>Cellulose synthase</i>		-2.61					-2.62		-1.3	
667	SCCCAD1003H05.g	<i>Glutamine amidotransferase ylr126c-like</i>		-1.95			-2.56				-3.57	
668	SCCCAD1004C01.g *	<i>Ammonium transporter</i>								1.69	-3.66	
669	SCCCAD1004F03.g	<i>-NA-</i>		1.63			1.32		1.12		1.9	
670	SCCCAD1004F08.g *	<i>Cral trio domain sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein</i>		-1.29								
671	SCCCAD1004H02.g	<i>Catalase</i>	-1.67	1.24	-2.41	1.33	-1.91	1.5		-1.84	-2.3	
672	SCCCAD1004H06.g *	<i>Inositol-3-phosphate synthase</i>	4.93	2.92	5.54	2.37	5.52	2.27		-1.71		
673	SCCCAM1001B12.g	<i>Uncharacterized protein loc101776555</i>				-1.58				-1.24	-1.44	
674	SCCCAM1001D05.g	<i>Protein phosphatase 2c isoform gamma</i>								1.66	1.74	
675	SCCCAM1001G06.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101758470</i>		-2.11		-2						
676	SCCCAM1002A03.g	<i>Sodium hydrogen exchanger 6-like</i>					1.02					
677	SCCCAM1073A10.g	<i>Probable protein phosphatase 2c 63-like</i>								-1.48	-1.52	
678	SCCCAM1073G04.g *	<i>Px domain containing protein</i>						-1.83				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
679	SCCCAM1073H03.g	<i>Ramosa 1 enhancer locus 2</i>				1.02						
680	SCCCAM1C03D11.g	-NA-		-3.26		-3.01				-1.95		-1.76
681	SCCCAM1C09G11.g	<i>Homeobox-leucine zipper protein athb-8-like</i>	4.06		3.25	1.22	3.22					
682	SCCCAM2001A07.g	<i>Probable anion transporter chloroplastic-like</i>				-1.54				-1.66		-1.84
683	SCCCAM2001D03.g *	<i>Shikimate kinase-like protein</i>		-1.81						-1.03		-1.14
684	SCCCAM2001F02.g	<i>Glutamine synthetase</i>										
685	SCCCAM2001F04.g	<i>Auxin-repressed kda protein</i>		1.63		1.27						
686	SCCCAM2001H06.g *	<i>Nramp metal transporter</i>		-1.78								
687	SCCCAM2003A08.g	<i>Nicotinate phosphoribosyltransferase-like</i>									1.7	
688	SCCCAM2003E05.g	<i>Pirin-like protein</i>								-1.75		-1.7
689	SCCCAM2003F01.g *	<i>Ethylene-responsive transcription factor 3</i>	1.38	1.25			1.4					-1.22
690	SCCCAM2003F03.g *	<i>Low quality protein: xbat32</i>		-1.93								
691	SCCCAM2003H12.g	<i>Auxin-regulated protein</i>				-2.74						
692	SCCCAM2004B04.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g026670</i>								1.73		1.45
693	SCCCAM2004C06.g	<i>Probable f-box protein at4g22030-like</i>				-3.18						-1.72
694	SCCCAM2004G12.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g027210</i>										
695	SCCCAM2C04C07.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g026580</i>	3.93				4.99					-1.43
696	SCCCAM2C04E07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g006210</i>			-2.44	-1.26					1.61	1.62
697	SCCCAM2C04F05.g	<i>Metal ion binding protein</i>										
698	SCCCAM2C04G08.g *	<i>Protein strubbeltig-receptor family 8-like</i>					-2.8					
699	SCCCAM2C06A08.g	-NA-	6.3	5.56	7.92	7.84	6.78	4.89				
700	SCCCAM2C07F01.g	-NA-								-3.78		-4.68
701	SCCCAM2C08A07.g *	<i>Senescence-associated protein dh</i>					3.72					
702	SCCCAM2C09G10.g	<i>Ribosome-inactivating protein</i>		2.31		1.73						
703	SCCCCL1001A04.b	<i>Leucine-rich repeat receptor-like serine threonine-protein kinase bam1-like</i>									1.3	
704	SCCCCL1001B10.b *	<i>E3 ubiquitin-protein ligase xb3-like</i>								-1.29		-1.65
705	SCCCCL1001C05.g	<i>Hepatoma-derived growth factor-related protein 2-like</i>				-1.55						
706	SCCCCL1001D02.b	-NA-				-4.66						
707	SCCCCL1001E05.g *	-NA-		3.02			1.27	1.37		1.22		
708	SCCCCL1001F06.g	<i>Retrotransposon unclassified</i>				1.03						
709	SCCCCL1001G04.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g019411 [Sorghum bicolor]</i>		1.77		1.23	1.37		1.18		1.12	
710	SCCCCL1001G10.b *	<i>Xylanase inhibitor protein 1-like</i>					2.53		6.25		5.18	
711	SCCCCL1001H04.b *	<i>Orf16-lacz fusion protein</i>	3.21									
712	SCCCCL1002F12.b	<i>Enoyl-</i>	-2.14		-2.76		-2.17		-1.46		-1.82	
713	SCCCCL2001A02.b *	<i>Probable carboxylesterase 8-like</i>							-1.4			
714	SCCCCL2001A04.b	<i>Subtilisin-like protease sdd1-like</i>	1.32		1.71				1.28		1.48	
715	SCCCCL2001B01.b	<i>Apyrase family protein</i>									-1.3	
716	SCCCCL2001B02.b *	<i>Glyceraldehyde-3-phosphate cytosolic</i>							-1.75		-1.86	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
717	SCCCCL2001B07.b	<i>F-box kelch-repeat protein at1g80440-like</i>	1.07	3.11		2.49		2.43	-1.62	4.28	-2.26	5.63
718	SCCCCL2001B10.b *	<i>Mitochondrial phosphate transporter</i>								-1.05		-1.32
719	SCCCCL2001B11.b	<i>Xylanase inhibitor protein 1-like</i>	2.39	1.98	2.33	1.31			1.41			
720	SCCCCL2001C10.b	<i>Abc transporter ffamily member 1-like</i>							1.18			
721	SCCCCL2001D01.b *	<i>Ap2 domain containing protein</i>					1.3					
722	SCCCCL2001D02.b	<i>Peroxidase 5-like</i>				-2.49						
723	SCCCCL2001D06.b	<i>Udp-glucose: flavonoid 7-o-glucosyltransferase</i>								3.52		3.83
724	SCCCCL2001E01.b	<i>Nucleolar gtp-binding protein 2-like</i>				1.05						
725	SCCCCL2001E10.b	-NA-						-1.1				
726	SCCCCL2001G03.b	<i>Histone deacetylase</i>								2.26		2.82
727	SCCCCL2001H01.b	<i>Stem-specific protein tsjt1-like</i>	3.03	3.29	3.49	3.51	3.09	2.42				
728	SCCCCL2001H02.b	<i>Heat shock protein 82</i>			1.69		2.79				-1.01	
729	SCCCCL2001H04.b	<i>Probable -trehalose-phosphate synthase</i>								1.76		2.17
730	SCCCCL2001H12.b *	<i>Actin family protein</i>						2.11				
731	SCCCCL3001A02.g *	<i>Casein kinase i isoform alpha</i>		-1.22								
732	SCCCCL3001A07.b *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g019411</i>		1.65				2.48				
733	SCCCCL3001B02.g	<i>S-adenosylmethionine decarboxylase</i>	1.2	1.08	1.28	1		1.2				
734	SCCCCL3001B04.b *	<i>Bifunctional glutamate proline-trna ligase-like</i>		-1.26								
735	SCCCCL3001B06.g	<i>Amino acid transport protein</i>		2.03		2.27		1.48				
736	SCCCCL3001B07.b	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like</i>							2.48		2.51	
737	SCCCCL3001B09.b *	<i>Aconitate cytoplasmic-like</i>		-1.21						-1.48		-1.81
738	SCCCCL3001B10.b *	<i>B chain semi-active e176q mutant of rice a plant - glucosidase</i>		-1.98						-1.46		-1.83
739	SCCCCL3001C01.b *	-NA-		1.06		1.8		1.49		-1.2		-1.38
740	SCCCCL3001C03.g	<i>Citrate synthase 4</i>										
741	SCCCCL3001C05.g	<i>Zinc finger cch domain-containing protein 33-like</i>		1.4			1.64					
742	SCCCCL3001C07.b	<i>Tubulin alpha-3 chain</i>		-1.19						-1.26		-1.56
743	SCCCCL3001C07.g	<i>Alpha tubulin 1</i>		-1.17						-1.01		
744	SCCCCL3001C09.b	<i>Kda class ii heat shock protein</i>	3.13	3.13	3.15	4.32	2.85	2.66				
745	SCCCCL3001C09.g *	<i>Kda class ii heat shock protein</i>	3.17	3.22	3.14	4.18	2.84	2.72		2.04		
746	SCCCCL3001E03.b	<i>Non-specific lipid transfer 1-like</i>			1.57			1.22				
747	SCCCCL3001E04.b	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>			1.1		1.75			2.06		1.96
748	SCCCCL3001E05.b	<i>Snf1-related protein kinase regulatory subunit beta-1</i>				1.11				1.88		2.06
749	SCCCCL3001E10.b	<i>Checkpoint serine threonine-protein kinase isoform 1</i>				2.2						
750	SCCCCL3001E10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g007280</i>				2.39						
751	SCCCCL3001F01.b *	-NA-		2.91		1.41	2.58	2.59		1.28		
752	SCCCCL3001F01.g *	<i>Dynamin-like protein arc5-like</i>		2.42		1.55		1.45				
753	SCCCCL3001F02.g *	<i>Small heat shock protein</i>	2.57		-1.33		2.29					
754	SCCCCL3001F05.g *	<i>Isco large subunit-binding protein subunit chloroplastic</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
755	SCCCCL3001F06.g	<i>Sulfite oxidase-like</i>		-2.31		-2.91		-2.62		4.06		3.72
756	SCCCCL3001F10.b *	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase</i>		-1.19								
757	SCCCCL3001G04.g	<i>Yt521-b-like family expressed</i>				1.41		1.65		1.26		1.42
758	SCCCCL3001G12.b	<i>-NA-</i>	2.14	2.38		2.42	1.96	1.93				
759	SCCCCL3001G12.g *	<i>-NA-</i>	2.57	2.4		2.81	1.84	1.97				
760	SCCCCL3001H01.g	<i>Indole-3-acetaldehyde oxidase-like</i>								-2.18		-1.92
761	SCCCCL3001H04.g	<i>-NA-</i>		4.87	7.68	4.83	7.17	3.96	5.48			
762	SCCCCL3001H06.b	<i>Bsd domain containing protein</i>								1.25		1.59
763	SCCCCL3002A01.b *	<i>Tpa: protein kinase superfamily protein</i>							-1.53		-1.66	-1.88
764	SCCCCL3002A02.b *	<i>Dehydroascorbate reductase</i>	1.02									
765	SCCCCL3002A03.b	<i>4-coumarate: ligase</i>					-1.36			-1.72		-1.93
766	SCCCCL3002A04.b	<i>Xylanase inhibitor protein 1-like</i>					3.96	3.71		5.12		4.39
767	SCCCCL3002B03.b	<i>Probable cellulose synthase a catalytic subunit 1</i>		-2.44			-1.81		-1.82		-1.26	
768	SCCCCL3002B05.b	<i>Probable indole-3-acetic acid-amido synthetase -like</i>					-2.27		-2.41			1.31
769	SCCCCL3002B06.b	<i>Voltage-dependent anion channel</i>								-1.09		-1.15
770	SCCCCL3002B08.b	<i>-NA-</i>			-2.46							
771	SCCCCL3002B09.b	<i>Protein frigida-like</i>								1.08		
772	SCCCCL3002B12.b *	<i>Dna ligase 1-like</i>		-1.66							1.12	-1.12
773	SCCCCL3002C01.b	<i>Ethylene-responsive element binding protein 2</i>			-1.56							
774	SCCCCL3002C05.b	<i>Hlh dna-binding domain superfamily protein</i>				1.42						
775	SCCCCL3002C09.b	<i>Glutathione s-transferase gstd2</i>		-1.14								-1.06
776	SCCCCL3002C12.b	<i>Reticulon-like protein b2-like</i>		1.92		2		1.58		1.02		
777	SCCCCL3002D01.b *	<i>Endonuclease-reverse transcriptase -e01</i>						-1.13				
778	SCCCCL3002D03.b	<i>Succinate semialdehyde dehydrogenase</i>	1.78		1.78		1.59					
779	SCCCCL3002D04.b *	<i>Glycine-rich rna binding protein</i>					-1.62					
780	SCCCCL3002D12.b	<i>Atpase inhibitor</i>		2.13		1.8		1.13		3.57		3.43
781	SCCCCL3002E04.b	<i>-trehalose-phosphate synthase</i>		1.4		1.97		1.32				
782	SCCCCL3002E11.b *	<i>Peroxidase 1-like</i>		-1.45								
783	SCCCCL3002F05.b	<i>Tetratricopeptide repeat domain-containing protein</i>								2.07	4.15	2.12
784	SCCCCL3002F08.b	<i>Peroxidase 2</i>		-2.08		-2.77		-2.71			-1.19	-1.73
785	SCCCCL3002H12.b *	<i>-NA-</i>										
786	SCCCCL3003A04.b	<i>E3 ubiquitin-protein ligase rglg2-like</i>		-1.49		-1.36		-1.63				
787	SCCCCL3003A08.b *	<i>Transketolase family protein</i>		-1.39								-1.04
788	SCCCCL3003B02.b	<i>Peroxidase 12</i>	1.52	1.26	2.95	1.08	2.51	1.69				
789	SCCCCL3003B03.b *	<i>Uncharacterized membrane</i>		-1.77								
790	SCCCCL3003B09.b *	<i>Uncharacterized methyltransferase wbscr22-like</i>						2.41				
791	SCCCCL3003C02.b *	<i>Wd-40 repeat family protein</i>		-1.22				-1.22				
792	SCCCCL3003C11.b	<i>Uncharacterized protein loc101783547</i>					1.48			1.91		1.62
793	SCCCCL3003E02.b	<i>Ubiquitin thioesterase otubain-like</i>								-1.95		-1.96
794	SCCCCL3003E07.b	<i>Chitinase</i>		3.49		4.13		3.98				
795	SCCCCL3003E12.b	<i>Dynein light chain flagellar outer arm</i>		2.39		1.9	-1.89					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
796	SCCCCL3003G09.b	<i>Abc transporter a family member 7-like</i>									2.17	
797	SCCCCL3003H05.b	<i>S-adenosylmethionine decarboxylase</i>	1.62	1.09	1.77	1.15	1.45					
798	SCCCCL3003H07.b	<i>Lactoylglutathione lyase</i>	1.03		1.04		1.33					
799	SCCCCL3004A04.b *	<i>-NA-</i>	2.35		1.67	1.31	1.19					
800	SCCCCL3004A05.b *	<i>Transcription factor myb1r1-like</i>	1.75				1.87					
801	SCCCCL3004A08.b	<i>Early nodulin 93</i>		1.99					5.12		5.29	
802	SCCCCL3004B08.b	<i>Peptide methionine sulfoxide reductase b5-like</i>				-1.26						
803	SCCCCL3004C02.b	<i>-NA-</i>		1.78		1.52		1.11		1.16	1.15	
804	SCCCCL3004C10.b *	<i>Transaminase transferring nitrogenous groups</i>	-1.5	-1.57								
805	SCCCCL3004D01.b *	<i>Polyol transporter 5-like</i>		2.74								
806	SCCCCL3004D04.b	<i>Sec14 cytosolic factor-like</i>		-1.81		-1.7						
807	SCCCCL3004G09.b	<i>Rrna intron-encoded homing endonuclease</i>		2.52		2.31		1.67		2.41	2.19	
808	SCCCCL3004H04.b *	<i>(+)-neomenthol dehydrogenase-like</i>		-1.29					-2.58		-2.95	
809	SCCCCL3004H07.b	<i>Phospholipid transfer protein 1</i>			1.84							
810	SCCCCL3004H08.b *	<i>Copper chaperone</i>	-2.51		-2.26	-3.13	-1.55					
811	SCCCCL3005A02.b	<i>Osmotin-like protein</i>							2.22		2.56	
812	SCCCCL3005B06.b	<i>Yt521-b-like family expressed</i>			1.31		1.09		1.27		1.12	
813	SCCCCL3005D01.b	<i>Protein phosphatase 2c</i>	4.81	2.15	5.26	1.03	4.73		-1.9		-1.9	
814	SCCCCL3005E02.b	<i>Myb-related protein myb4-like</i>			-1.01		-1.25					
815	SCCCCL3005F03.b	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g002170</i>									1.06	
816	SCCCCL3080A01.b	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>		4.21	1.47	3.85	1.23	2.73				
817	SCCCCL3080A01.g	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>		3.97	1.18	3.63	1.22	2.6				
818	SCCCCL3080B05.g *	<i>26s protease regulatory subunit 6a homolog</i>		-1.01								
819	SCCCCL3080B06.b	<i>Transmembrane protein 56</i>								-2.1		
820	SCCCCL3080B06.g	<i>Transmembrane protein 56</i>								-2.38		
821	SCCCCL3080B09.b	<i>Probable indole-3-acetic acid-amido synthetase -like</i>							-2.37		-2.11	
822	SCCCCL3080C03.g *	<i>Atp sulfurylase</i>					-1.13					
823	SCCCCL3080C06.g	<i>Probable serine acetyltransferase 1-like</i>		2.95	1.25	2.36			4.21	1.25	4.41	
824	SCCCCL3080C11.g	<i>Udp-glucuronic acid decarboxylase</i>	1.63	-1	1.3	-1.03	1.23				-1.4	
825	SCCCCL3080D03.g	<i>60s ribosomal protein l27a-3</i>									-1.08	
826	SCCCCL3080D06.g	<i>Zinc finger family protein</i>							1.71	1.09	1.97	
827	SCCCCL3080D07.g	<i>40s ribosomal protein s20</i>							-1.08		-1.22	
828	SCCCCL3080F03.g *	<i>Abc transporter a family member 2-like</i>							2.01			
829	SCCCCL3080G10.b *	<i>Alternative oxidase</i>		1.2					-1.74		-2.16	
830	SCCCCL3080H03.g	<i>Glutamate dehydrogenase</i>		-1.67		-1.63		-1.77		-1.96	-1.89	
831	SCCCCL3080H04.b *	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>		1.61		1.46		1.05			-1.4	
832	SCCCCL3080H06.g	<i>Phytochrome a</i>							2.14		2.34	
833	SCCCCL3080H09.b *	<i>Glutamate dehydrogenase</i>		-1.74			1.01			-2.14	-1.99	
834	SCCCCL3080H11.g	<i>Catalase isozyme b</i>					1.01					
835	SCCCCL3120A03.g	<i>Nadp-dependent oxidoreductase p1</i>			-2.01						-1.05	
836	SCCCCL3120B01.g *	<i>Fructokinase-2</i>		-1.36		-1.59		-1.1				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
837	SCCCCL3120B05.b	Nucleic acid binding protein					1.08		1.21			
838	SCCCCL3120B05.g	Nucleic acid binding protein							1.04			1.02
839	SCCCCL3120B08.g	S-adenosylmethionine decarboxylase			1.54		1.71	1.21	1.14			
840	SCCCCL3120C03.b	Fructose-bisphosphate aldolase								1.56		1.8
841	SCCCCL3120C03.g	Fructose-bisphosphate aldolase								1.28		1.2
842	SCCCCL3120D03.g	Gst6 protein					-1.61		-1.73		-1.31	-1.47
843	SCCCCL3120D06.g	Galactokinase family protein					1.54		1.25			
844	SCCCCL3120D10.b	Catalase										2.15
845	SCCCCL3120D11.b	Uncharacterized protein LOC100383843			2.63		3.02		2.27			-2.72
846	SCCCCL3120D11.g	Auxin-repressed protein	1.27	2.67			3.11		2.41			-2.66
847	SCCCCL3120E03.g	Af361619-1 at2g35260								2.9		3.39
848	SCCCCL3120E05.g	Beta-expansin 1a precursor			-3.9		-3.77		-3.08			
849	SCCCCL3120F01.g *	Glutamate synthase 1	2.27	-1.8	1.9		-1.35	1.42	-1.14			
850	SCCCCL3120F04.b	Protein wax2			5.09							
851	SCCCCL3120F04.g	G1 protein			4.53							
852	SCCCCL3120G06.g	At1g67350-like protein									-1	
853	SCCCCL3120G07.g *	Probable mediator of rna polymerase ii transcription subunit 37c-like	1.94	1.15	2.84			2.69		1.27		1.07
854	SCCCCL3120G09.g	Gata transcription factor family protein			1.65		1.11					
855	SCCCCL3120G12.g *	Glycine-rich rna binding protein			1.06	-1.13						
856	SCCCCL3140A07.g	Cytochrome p450 superfamily protein									1.3	1.29
857	SCCCCL3140B07.g	Amino acid permease			-2.15		-2.19		-2.23			
858	SCCCCL3140B11.g	Phi-1			2.41		2.12		3.01			
859	SCCCCL3140D08.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g007690			2.25		2.09	1.66				
860	SCCCCL3140E04.g	Glycosyltransferase ago61			1.38				1.11			
861	SCCCCL3140F04.g	Proliferating cell nuclear antigen					-1.52					
862	SCCCCL3140H01.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g018710									-1.21	
863	SCCCCL3140H06.g	Phd and ring finger domain-containing protein 1								1.34		1.82
864	SCCCCL4001A01.g *	Wrky dna-binding domain superfamily protein						1.6				
865	SCCCCL4001C01.g	Glycine-rich rna-binding protein 2			1.62		1.47		1.07	1.68	-1.43	
866	SCCCCL4001D06.g	Phosphate-induced protein 1	3.53	3.79	3.37	3.61	3.14	2.87				
867	SCCCCL4001D08.g	Tubby-like f-box protein 9-like	1.37		1.29		1.26					
868	SCCCCL4001E05.g *	Glycogen synthase kinase-3 -3			-1.13							
869	SCCCCL4001E09.g	Pyruvate decarboxylase					-3.68			6.55		7
870	SCCCCL4001F08.g	Malate glyoxysomal					1.47					
871	SCCCCL4001H11.g *	Beta-galactosidase 15-like			-1.5							
872	SCCCCL4002A08.g	Auxin response factor 5-like				-1.25						
873	SCCCCL4002B05.g	T-complex protein 1 subunit epsilon-like									-1.03	
874	SCCCCL4002B07.g	Ethylene-responsive factor-like protein 1					-1.88			4.84		4.69
875	SCCCCL4002C01.g *	Ubiquitin fusion degradaton	1.07					1.68				
876	SCCCCL4002C04.g	Uncharacterized protein loc101783602 isoform x1					1.12				1.27	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
877	SCCCCL4002D02.g	<i>Atp synthase epsilon mitochondrial</i>					-1.14					
878	SCCCCL4002D03.g	<i>Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 1-like</i>					-2.38					
879	SCCCCL4002D04.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g003260</i>										1.71
880	SCCCCL4002E02.g	<i>Tpa: leucine-rich repeat family protein</i>					-1.4			1.05		
881	SCCCCL4002E09.g *	<i>Sugar carrier protein c</i>			-3.52							
882	SCCCCL4002E10.g	<i>Citrate transporter family protein</i>								-3.72		-2.99
883	SCCCCL4002H02.g	-NA-			5.5		5.18		4.13			
884	SCCCCL4003D06.g	<i>Flavonol glucosyltransferase</i>										-2.16
885	SCCCCL4003E08.g	<i>Probable -trehalose-phosphate synthase</i>								1.77		2.17
886	SCCCCL4003F01.g *	<i>Purple acid phosphatase 1</i>								-1		
887	SCCCCL4003F07.g	<i>Fh protein nfh2</i>					2					
888	SCCCCL4003F09.g	<i>Class iii chitinase homologue ( hib3h-a)</i>		2.34	4.03	2.77		1.85		1.43		
889	SCCCCL4003G12.g *	<i>Probable indole-3-acetic acid-amido synthetase -like</i>	-1.89									
890	SCCCCL4004A06.g	<i>Metal ion binding protein</i>					-2.04			-1.43		
891	SCCCCL4004C02.g *	<i>Glutathione transporter</i>							-2.28			
892	SCCCCL4004C03.g	<i>Uncharacterized protein loc101783602 isoform x1</i>					1.09					1.08
893	SCCCCL4004C06.g *	<i>5'-amp-activated protein kinase subunit gamma-</i>	-1.11									
894	SCCCCL4004C09.g *	<i>Octicosapeptide phox bem1p domain-containing family protein</i>										1.17
895	SCCCCL4004C11.g	<i>Malate dehydrogenase</i>								-1.38		-1.37
896	SCCCCL4004D09.g	<i>Poly polymerase</i>								1.39		1.79
897	SCCCCL4004F03.g	<i>Root cap protein 1</i>			-3.16		-4.49					
898	SCCCCL4004F08.g *	<i>Arginine decarboxylase</i>	2.47		2.16		2.79					1.03
899	SCCCCL4004G06.g *	<i>Phosphoenolpyruvate carboxykinase</i>	-1.57		-1.4		-1.87			-1.05		-1.23
900	SCCCCL4005A01.g	<i>Cytosolic pyruvate orthophosphate dikinase</i>			1.26		1.41			7.39		8.06
901	SCCCCL4005A04.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-107799</i>			2.16		1.86					
902	SCCCCL4005B05.g *	<i>Uncharacterized protein loc101767881</i>			1.68					1.96		2.13
903	SCCCCL4005C09.g	<i>Bzip transcription factor superfamily protein</i>			-1.94		-1.6		-1.57			
904	SCCCCL4005E12.g	<i>Rubisco subunit binding-protein alpha subunit</i>								-1.15		-1.63
905	SCCCCL4005F02.g	<i>Xylosyltransferase 1-like</i>								1.34		
906	SCCCCL4005G05.g	<i>Chloroplast low molecular weight heat shock protein</i>	3.03	6.12	2.72	5.7	2.54	3.58		-1.75		-1.21
907	SCCCCL4005G06.g	-NA-					1.4					
908	SCCCCL4006B06.g	<i>Late embryogenesis abundant protein 3</i>		6.78	5.75	8.48	5.54		4.18		-2.15	-3.78
909	SCCCCL4006C02.g	-NA-					1.49					
910	SCCCCL4006D01.g	<i>Ring-h2 finger protein</i>		2.7	2.25	2.64	1.63	2.88	1.63			
911	SCCCCL4006D02.g	<i>Uncharacterized protein mitochondrial-like</i>									-1.16	
912	SCCCCL4006E08.g *	<i>Chorismate mutase</i>	1.05	-1.28			-1.36			-1.23		-1.73
913	SCCCCL4006F11.g *	<i>Protein-l-isoaspartate o-methyltransferase</i>							2.42			
914	SCCCCL4006G07.g	<i>Ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>			2.54		2.38					
915	SCCCCL4006H07.g	-NA-					-1.14			-1.06		-1.45
916	SCCCCL4006H08.g	<i>Alcohol dehydrogenase family-2</i>		-1.75	-1.53	-2.1	-2.2	-1.94		4.48		4.25

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
917	SCCCCL4006H09.g	Beta-expansin 1a precursor		-2.02		-2.91		-2.51			-1.58	
918	SCCCCL4007A12.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g038110				1.88						
919	SCCCCL4007B06.g	Heat shock cognate 70 kda	4.13	5.28	4.64	5.17	2.18	3.37		-2.62	-1.76	
920	SCCCCL4007B07.g	Unknown				-2.02						
921	SCCCCL4007C09.g	Probable histone h2a variant 3-like				-2.42		-1.77			1.35	
922	SCCCCL4007D12.g *	Nac transcription factor		1.24						1.01	1.02	
923	SCCCCL4007E05.g	6-phosphofructokinase 3-like								4.08	4.29	
924	SCCCCL4007E06.g	Anthocyanin 3 -o-beta-glucosyltransferase-like								-1.08	-1.23	
925	SCCCCL4007E10.g	Zinc finger protein hd1-like								2.1		
926	SCCCCL4007F07.g	S-adenosylmethionine decarboxylase proenzyme		-1.44		-1.55				-1.46	-1.24	
927	SCCCCL4007F10.g *	Non-lysosomal glucosylceramidase-like					2.07		1.3	1.07		
928	SCCCCL4007G09.g	Tpa: dopamine beta-monooxygenase								5.91	6.36	
929	SCCCCL4007G11.g	Late embryogenesis abundant protein 3	7.93	5.67	7.26	5.46	5.31	4.2		-2.13	-3.72	
930	SCCCCL4007H07.g	-NA-								1.72	1.44	
931	SCCCCL4007H10.g	-NA-								1.06	1.67	
932	SCCCCL4007H11.g	Udp-glucose 4-epimerase	1.33	1.19	1.92	1.64	1.41	1.46			-1.55	
933	SCCCCL4008A08.g	Multiple inositol polyphosphate phosphatase 1-like				1.51		1.52				
934	SCCCCL4008E11.g	Ethylene-responsive factor-like protein 1								4.89	4.99	
935	SCCCCL4008G09.g	Hypoxia induced protein conserved region containing expressed				-1.04				2.32	2.28	
936	SCCCCL4008H10.g *	Inactive poly		-1								
937	SCCCCL4009D05.g	-NA-				1.8		1.45		-1.1		
938	SCCCCL4009E01.g *	Seu1 protein		-1.71								
939	SCCCCL4009E02.g	Shikimate o-hydroxycinnamoyltransferase-like				-1.54		-1.27		-1.27	-1.68	
940	SCCCCL4009F05.g	Beta-xylosidase alpha-l-arabinofuranosidase 2-like				-2.59		-1.69		-1.6	-1.82	
941	SCCCCL4010C03.g *	Abscisic acid receptor pyl9-like		1.02						1.06	1.11	
942	SCCCCL4010C10.g *	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c-like		-1.14								
943	SCCCCL4010D05.g *	Probable adp-ribosylation factor gtpase-activating protein agd11-like				-1.22		-1.21				
944	SCCCCL4010F06.g	Calcium uptake protein mitochondrial-like								2.67	2.38	
945	SCCCCL4010G12.g *	Metal ion binding protein			-1.44					1.23	1.44	
946	SCCCCL4010H05.g	Protein				-1.65						
947	SCCCCL4010H10.g	Uncharacterized protein loc101756258		-4.05		-5		-4.32		-1.51	-1.39	
948	SCCCCL4011A06.g *	Indole-3-acetaldehyde oxidase-like		-1.12						-1.6	-1.76	
949	SCCCCL4011B02.g	-NA-			1.93		1.53		1.01			
950	SCCCCL4011B07.g	Uncharacterized protein loc100193480				1.1					1.74	
951	SCCCCL4011B08.g	2-isopropylmalate synthase b									1.25	
952	SCCCCL4011B10.g	Ice-like protease p20 domain containing expressed				1.44						
953	SCCCCL4011D01.g	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase chloroplastic-like		-1.02						-1.21	-1.53	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
954	SCCCCL4011D07.g	<i>Glutathione transferase</i>									-1.31	-1.19
955	SCCCCL4011D12.g	<i>Pyruvate decarboxylase</i>					-1.87				3.53	3.44
956	SCCCCL4011F04.g	<i>Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase mitochondrial-like</i>					-1.34		-1.47		-1.56	-1.67
957	SCCCCL4011G05.g *	<i>Rna-binding protein luc7-like expressed</i>									1.13	
958	SCCCCL4011G09.g	<i>14-3-3-like protein a</i>										1.09
959	SCCCCL4011H08.g	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like</i>									2.44	2.29
960	SCCCCL4012A01.g	<i>Tpa: class iii secretory plant peroxidase family protein</i>			-3.68		-4.27					
961	SCCCCL4012C02.g *	<i>-NA-</i>									3.05	3.18
962	SCCCCL4012E07.g *	<i>S-glutathione dehydrogenase class iii alcohol dehydrogenase</i>			-1.07							-1.11
963	SCCCCL4012G02.g	<i>-NA-</i>			-1.63		-1.71		-1.6			
964	SCCCCL4013A11.g	<i>Slt1 protein</i>			1.57		1.32		1.5			
965	SCCCCL4013B06.g	<i>Probable inactive receptor kinase at1g27190-like</i>					-1.17					
966	SCCCCL4013D09.g	<i>12-oxophytodienoate reductase</i>									-1.4	-1.5
967	SCCCCL4013F06.g	<i>Uba and ubx domain-containing protein at4g15410-like</i>										1.16
968	SCCCCL4013G01.g	<i>Glutathione s-transferase 4-like</i>					-1.84					
969	SCCCCL4013G04.g *	<i>Heat shock 70 kda protein 4</i>			-1.95							
970	SCCCCL4013H06.g	<i>Coproporphyrinogen-iii chloroplastic-like</i>									3	2.92
971	SCCCCL4013H12.g	<i>Chitinase 1</i>					2.36					
972	SCCCCL4014A03.g	<i>Clathrin heavy chain 1-like</i>			-1.33							
973	SCCCCL4014A04.g *	<i>Tpa: nac domain transcription factor superfamily protein</i>									-1.05	-1.25
974	SCCCCL4014B10.g	<i>Presequence protease</i>										-1.03
975	SCCCCL4014C12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g031470</i>									-1.12	-1.68
976	SCCCCL4014D09.g	<i>Early light-induced protein</i>	3.79		5.77					1.4	1.41	3.2
977	SCCCCL4015A04.g *	<i>Sc3 protein</i>									-1.08	
978	SCCCCL4015A06.g	<i>Duf1421 domain family protein</i>	1.54		1.72		1.47					5.29
979	SCCCCL4015B02.g	<i>Glutathione s-transferase</i>										4.84
980	SCCCCL4015E04.g	<i>Cell number regulator 2-like</i>					-1.96					
981	SCCCCL4015F02.g	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>			-1.91		-1.64		-1.11		-1.64	-2.14
982	SCCCCL4015F06.g	<i>Derlin-1-like</i>					-1.28		-1.15			
983	SCCCCL4015F12.g	<i>Basic 7s globulin-like</i>			2.14		2.69					
984	SCCCCL4015G04.g	<i>Peroxidase 15</i>					-2.77					-1.91
985	SCCCCL4017A02.g	<i>Protein sco1 homolog mitochondrial-like</i>									2.59	3.29
986	SCCCCL4017A03.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101781551</i>			-1.92		-1.55		-1.77			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
987	SCCCCL4017A09.g	<i>Isocitrate dehydrogenase</i>		-1.34		-1.23						
988	SCCCCL4017C03.g *	<i>Casein kinase ii alpha subunit</i>									-1.15	
989	SCCCCL4017E12.g	<i>Basic 7s globulin-like</i>				2.4						
990	SCCCCL4017H12.g	<i>Nad dependent epimerase dehydratase family expressed</i>		-1.07		-1.68						
991	SCCCCL4C01F09.g *	<i>Ubiquinol-cytochrome c reductase complex kda protein</i>				-1.39					-1.12	
992	SCCCCL5001G11.g	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 2</i>			-2.06							
993	SCCCCL5002B02.g	<i>-NA-</i>			-1.07							
994	SCCCCL5002B06.g *	<i>Probable calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like</i>		-1.6								
995	SCCCCL5002D01.g	<i>Ornithine aminotransferase</i>				1.22						
996	SCCCCL5002E01.g *	<i>Subtilisin-like protease-like</i>									1.67	
997	SCCCCL5002F03.g	<i>Cytochrome p450 94a1-like</i>			-2.48			-2.53			-2.36	
998	SCCCCL5003B06.g	<i>Lob domain-containing protein 41-like</i>				-2.15					1.31	
999	SCCCCL5003C11.g	<i>Glutathione s-transferase 4-like</i>										1.38
1000	SCCCCL5003H06.g	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>			1.37							
1001	SCCCCL5004A02.g *	<i>Amelogenin precursor like protein</i>	1.82				1.68					
1002	SCCCCL5004B03.g *	<i>Sugar transport protein 13</i>		1.51				1.63				
1003	SCCCCL5004D02.g	<i>Uncharacterized protein loc100381979</i>			1.26						1.29	
1004	SCCCCL5004H11.g	<i>-NA-</i>				-1.04						1.38
1005	SCCCCL5071B06.g	<i>Aquaporin sip1-2-like</i>									-1.36	
1006	SCCCCL5071B09.g	<i>Large subunit gtpase 1 homolog</i>			1.03							-1.96
1007	SCCCCL5071D04.g	<i>Aquaporin tip3-1</i>		5.15		5.5		6.87				
1008	SCCCCL5071F09.g	<i>Btb poz and taz domain-containing protein 2-like</i>			-2.87							
1009	SCCCCL5071H07.g *	<i>Calycyclin-binding protein</i>	2.14					1.42				
1010	SCCCCL5072C04.g *	<i>Beta-expansin 4 precursor</i>		-3.95							-1.93	
1011	SCCCCL5072H10.g	<i>Protein iq-domain 1-like isoform x1</i>									1.48	1.52
1012	SCCCCL6001A04.g	<i>Dehydrin rab25-like</i>		6.05		5.56		6.43				
1013	SCCCCL6001A06.g	<i>Shwachman-bodian-diamond syndrome protein</i>			1.11							
1014	SCCCCL6001D08.g *	<i>Associated with hox family expressed</i>		-1.22								
1015	SCCCCL6002A08.g *	<i>Probable indole-3-acetic acid-amido synthetase -like</i>									-2.36	
1016	SCCCCL6002C11.g *	<i>Retrotransposon unclassified</i>		-1.82				-2.12				
1017	SCCCCL6002D08.g *	<i>Plastidic atp adp-transporter</i>		-1.79				-1.47				
1018	SCCCCL6002E08.g	<i>Polyubiquitin 2</i>			-1.21							
1019	SCCCCL6002F08.g	<i>-NA-</i>			-1.41							
1020	SCCCCL6002G01.g	<i>Hypothetical protein</i>									-1.73	
1021	SCCCCL6002H05.g	<i>Heat shock factor protein 1</i>	5.06	4.42	6.05	3.92	5.64	3.14				-1.67
1022	SCCCCL6003A12.g	<i>Pleckstrin homology domain-containing protein</i>				1.38		1.7				
1023	SCCCCL6003B10.g	<i>Tpa: ap2 crebp transcription factor superfamily protein</i>			2.95		2.52					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1024	SCCCCL6003D11.g *	Serine threonine-protein kinase nak					3.33					
1025	SCCCCL6004F05.g	Ccch transcription factor		3.27				1.85		3.2	3.77	
1026	SCCCCL6004F06.g	Vip2 protein								1.18	1.08	
1027	SCCCCL6004H11.g *	Alpha-amylase partial		-1.75							-2.87	
1028	SCCCCL6005D07.g	Abc transporter c family member 5-like			1.59							
1029	SCCCCL6005E03.g *	Glycine-rich rna binding protein				-1.05				6.56	6.37	
1030	SCCCCL6024F07.g	Cinnamoyl- reductase 1-like									5.98	
1031	SCCCCL6024G01.g	Glycerophosphodiester phosphodiesterase gde1-like										
1032	SCCCCL7001A06.g	Protein phosphatase 1 regulatory subunit ppra		-2.79		-1.72				-1.62	-1.96	
1033	SCCCCL7001B09.g	-trehalose-phosphate synthase			2.07							
1034	SCCCCL7001H09.g	Gdsl esterase lipase at5g45910-like		-1.51		-2.04				1.97	2.33	
1035	SCCCCL7002A04.g	Ereb transcription factor		-3.09		-3.21		-3.06		2.65	2.33	
1036	SCCCCL7002C06.g	-NA-									1.56	
1037	SCCCCL7002D01.g	Heat shock 22 kda protein		3.19		3.21		3.39				
1038	SCCCCL7002H01.g	Chitinase									-3.03	
1039	SCCCCL7037A10.g	Peroxidase		-1.49		-1.76		-1.65				
1040	SCCCCL7037G07.g *	Uncharacterized protein tcm-002697		1.65						1.48	1.7	
1041	SCCCCL7C02B02.g	Prolyl 4-hydroxylase alpha-2 subunit precursor								2.41	3.08	
1042	SCCCCL7C02E08.g	-NA-										
1043	SCCCCL7C03C05.g	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase mitochondrial-like			1.61							
1044	SCCCCL7C03G05.g	Gibberellin 2-oxidase				-1.78		-2.14		1.92	2.05	
1045	SCCCCL7C05B08.g *	-NA-		1.02								
1046	SCCCCL7C05F08.g	Peroxidase 2		-2.86		-3.96						
1047	SCCCCL7C05H06.g	Globulin-1		5.11		6.72		6.12				
1048	SCCCFL1001H12.g	At-hook dna-binding protein									1.02	
1049	SCCCFL1097H04.g *	Wd40-like beta propeller repeat family expressed			5.02							
1050	SCCCFL1100B07.g	Tyrosine-specific transport					1.13					
1051	SCCCFL3001D01.g	Pyruvate cytosolic isozyme-like								2.45	2.6	
1052	SCCCFL3002B02.g	Hypothetical protein SÓRBIDRAFT-01g019820								1.5	1.44	
1053	SCCCFL3003E02.g *	Cytochrome b561								-1.88		
1054	SCCCFL4001B05.g	Duf231 domain containing family protein									-2.64	
1055	SCCCFL4002H02.g *	Heavy metal transport detoxification superfamily protein								1.21	1.46	
1056	SCCCFL4003H03.g *	Unknown					2.55					
1057	SCCCFL4003H11.g *	Pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like		1.73								
1058	SCCCFL4089G03.g	F-box lrr-repeat protein at3g48880-like									-1.54	
1059	SCCCFL4090D02.g	Disease resistance response protein 206								-3.48	-3.15	
1060	SCCCFL4091B02.g *	Sulfate transporter		1.56								
1061	SCCCFL4092E06.g	Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like								2.69	2.88	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1062	SCCCFL4093B01.g	<i>Protein phosphatase 2c 35-like</i>					-1.95					
1063	SCCCFL4094E01.g *	<i>K(+) efflux antiporter chloroplastic-like</i>					1.07					
1064	SCCCFL4096D12.g *	<i>-NA-</i>										
1065	SCCCFL4096G12.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase 1</i>	1.64		2.96		2.6					
1066	SCCCFL4119D10.g	<i>Polygalacturonase qrt3-like</i>										-2.04
1067	SCCCFL4119H09.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g040040</i>			3.06		2.96		2.36			
1068	SCCCFL5002B01.g	<i>Fad nad -binding oxidoreductase</i>			-1.13							
1069	SCCCFL5002E04.g *	<i>Regulator of nonsense transcripts 2-like</i>			-1.53							
1070	SCCCFL5003D06.g	<i>Histone h3</i>								1.06		1.06
1071	SCCCFL5055E05.g	<i>-NA-</i>	-2.85		-1.92		-2.25					
1072	SCCCFL5061A01.g	<i>Alcohol dehydrogenase 1</i>								3.34		3.62
1073	SCCCFL5062H06.g	<i>Mscs family protein</i>			2.97		3.17		3			
1074	SCCCFL5093B02.g	<i>Fanconi-associated nuclease 1 homolog</i>										2.85
1075	SCCCFL6001E06.g *	<i>Early light-induced protein</i>	3.49							1.35		2.21
1076	SCCCFL6001E11.g *	<i>Probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51-like</i>			1.42							
1077	SCCCHR1001A02.g *	<i>-NA-</i>								-1.86		
1078	SCCCHR1001B01.g *	<i>Fibroin heavy chain precursor</i>			-2.2					-1.43		
1079	SCCCHR1002C02.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g032630</i>			1.28							
1080	SCCCHR1002E12.g	<i>Monodehydroascorbate reductase</i>					1.28					
1081	SCCCHR1002F09.g	<i>Uncharacterized protein loc101766628</i>					-2.03			-2.56		-1.43
1082	SCCCHR1003A04.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-579729</i>					-1.72			-1.34		
1083	SCCCHR1003H09.g	<i>Serine carboxypeptidase-like 19-like</i>							-1.69			-1.54
1084	SCCCHR1004A05.g	<i>Nad kinase 1</i>			2.94		2.9					
1085	SCCCHR1004C05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g002380</i>										-1.13
1086	SCCCHR1004C07.g	<i>Caffeoyl- 3-o-methyltransferase 1</i>					-1.35			-1.17		-1.91
1087	SCCCHR1004D03.g	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like</i>	-1.28		-1.32	-1.48	-1.17			-1.57		-2.07
1088	SCCCHR1004F09.g *	<i>Copper chaperone homolog cch</i>	-2.31				-2.52	-3.11	-2.43			
1089	SCCCHR1004H04.g	<i>Reticulocyte-binding protein 2 homolog a-like</i>								-1.96		-2.39
1090	SCCCLB1001A10.g	<i>Auxin-repressed kda protein</i>							1.1			-1.44
1091	SCCCLB1001D05.g	<i>Web family protein chloroplastic-like</i>								-1.88		-2
1092	SCCCLB1001E09.g *	<i>-NA-</i>							1.24			
1093	SCCCLB1001E10.g	<i>Cox via-like protein</i>					-1.02					
1094	SCCCLB1001E11.g	<i>Leucine-rich repeat extensin-like protein 3-like</i>					-2.4					
1095	SCCCLB1001F01.g	<i>Glutamine synthetase</i>			4.61		4.06		3.19			
1096	SCCCLB1001H01.g	<i>Vacuolar-sorting receptor 6-like</i>								-1.47		-1.41
1097	SCCCLB1002A11.g	<i>Kda proline-rich</i>					-2.34		-1.77			
1098	SCCCLB1002B04.g	<i>Major facilitator superfamily protein</i>								-1.19		-1.13
1099	SCCCLB1002C01.g	<i>Transmembrane protein 115-like</i>								-1.1		-1.23
1100	SCCCLB1002C08.g	<i>Amino acid permease 3-like</i>			1.55		1.16					-1.08

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1101	SCCCLB1002C10.g	<i>Actin-depolymerizing factor 5</i>					1.26				1.5	1.56
1102	SCCCLB1002D05.g	<i>Peroxidase 16-like</i>								2.4	2.4	2.66
1103	SCCCLB1002E01.g	-NA-			2.88	4.34	2.7		1.47			-2.02
1104	SCCCLB1002E09.g	<i>Chalcone synthase</i>	-2.34		-2.49					1.14		
1105	SCCCLB1002F03.g	-NA-			2.61		3.45			-1.05		-1.3
1106	SCCCLB1002G09.g	<i>Polyol transporter 5-like</i>									-1.77	-1.97
1107	SCCCLB1003B03.g *	<i>Uncharacterized protein loc100275512 precursor</i>							-1.81		-1.25	-1.35
1108	SCCCLB1003C02.g *	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>								1.98	2.07	
1109	SCCCLB1003D03.g	<i>60 ribosomal protein l14</i>									-1.09	
1110	SCCCLB1003E01.g	<i>Cortical cell-delineating protein precursor</i>			-2.59		-3.91		-2.56			
1111	SCCCLB1003E10.g *	<i>Seed maturation protein</i>	-2.6									
1112	SCCCLB1003E11.g	<i>Serine threonine-protein kinase</i>	2.38		1.99		1.66					-1.28
1113	SCCCLB1003G10.g *	<i>Disease resistance response protein 206</i>										
1114	SCCCLB1003H04.g	<i>Plant-specific domain tigr01615 family protein</i>	1.56		1.55		1.68					
1115	SCCCLB1004B09.g	<i>Peroxidase 3-like</i>					-1.78					
1116	SCCCLB1004C03.g	<i>Quinone oxidoreductase-like protein 2 homolog</i>								2.14	2.14	-1.89
1117	SCCCLB1004D05.g	<i>Nadh-cytochrome b5 reductase-like protein</i>								-1.69	-1.69	-1.44
1118	SCCCLB1004D09.g *	<i>Metal ion binding protein</i>			-1.59					1.29	1.29	1.5
1119	SCCCLB1004E10.g *	<i>Non-cyanogenic beta-glucosidase precursor</i>							-3.38			
1120	SCCCLB1004F01.g	<i>Zinc finger</i>								1.1	1.1	
1121	SCCCLB1004F12.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g027650</i>							1.84			
1122	SCCCLB1004G04.g	<i>Glycosyl transferase family 2 expressed</i>								2.57	2.57	2.74
1123	SCCCLB1004H08.g	<i>Adenosine kinase 2-like</i>	-1.35		-1.13					-1.36	-1.36	-1.52
1124	SCCCLB1021A03.g	<i>Web family protein chloroplastic-like</i>	-2.84		-2.15				-1.84	-1.72	-1.72	-2.11
1125	SCCCLB1021B09.g *	<i>Abc transporter g family member 11-like</i>	-1.86									
1126	SCCCLB1021C01.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase ring1-like</i>										1.2
1127	SCCCLB1021E06.g	<i>Granule-bound starch synthase ii</i>	2.72		3.27		2.76					
1128	SCCCLB1021F07.g	<i>Alpha beta-hydrolases superfamily protein isoform 3</i>	1.84		1.88		1.9			-1.99	-1.99	-1.7
1129	SCCCLB1021F09.g *	<i>Glutathione s-transferase gstu6</i>					1.71					
1130	SCCCLB1021G08.g	-NA-			2.15		1.83					
1131	SCCCLB1023A03.g	<i>Alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>								-2.34	-2.34	-2.35
1132	SCCCLB1023B02.g *	-NA-	-1.28									
1133	SCCCLB1023C08.g *	<i>Autophagy-related protein 8i-like</i>							-1.56			
1134	SCCCLB1023C11.g *	<i>Hypersensitive-induced reaction protein 4</i>								1.14	1.14	
1135	SCCCLB1023F09.g	<i>Cathepsin b</i>								-1.23	-1.23	-1.04
1136	SCCCLB1023F10.g	<i>40s ribosomal protein s29</i>					-1.29					-1.08
1137	SCCCLB1023G03.g *	<i>Protein phosphatase 1 regulatory subunit ppra</i>	-3.67							-1.56	-1.56	-1.86
1138	SCCCLB1023G10.g *	<i>Hsp70-binding protein 1-like</i>							1.43	1.43		
1139	SCCCLB1024A08.g	<i>Atp synthase subunit alpha</i>			1.14		1.09		1.36			
1140	SCCCLB1024B02.g	<i>Tpa: tify domain cct motif transcription factor family protein</i>					-1.3				1.12	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1141	SCCCLB1024F05.g	<i>Histone h2a</i>		-2.07		-3.79		-2.5				
1142	SCCCLB1024F09.g *	<i>Subtilisin-like protease sdd1-like</i>						1.47				
1143	SCCCLB1024F11.g	<i>Cop1-interacting protein 7-like protein</i>		-2.84		-2.19						
1144	SCCCLB1024G01.g	<i>Stress responsive protein</i>				-3.93						
1145	SCCCLB1024H03.g *	<i>Protein</i>						-3.17		2.72	2.53	
1146	SCCCLB1024H08.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g025210</i>				-2.99						
1147	SCCCLB1025C04.g	<i>Nascent polypeptide-associated complex alpha subunit-like protein</i>								-1.28		
1148	SCCCLB1025F02.g	<i>Lipid-transfer protein dir1-like</i>				-1.5					-1.77	
1149	SCCCLB1025F10.g	<i>Probable glucuronosyltransferase os01g0926600-like</i>				-1.18		-1.28		-1.63	-2.05	
1150	SCCCLB1C02A10.g	<i>Acyl-coenzyme a thioesterase mitochondrial-like</i>		1.08						-2.95	-2.74	
1151	SCCCLB1C03F07.g	<i>Cslc7-orysj ame: full=probable xyloglucan glycosyltransferase 7 ame: full=cellulose synthase-like protein c7 ame: full= slc7</i>									1.3	
1152	SCCCLB1C03G03.g	<i>Uncharacterized protein loc101785245</i>				-3.21		-2.18		1.11		
1153	SCCCLB1C04C04.g *	<i>Homeobox-leucine zipper protein hox1-like</i>	2.07							-1.87		
1154	SCCCLB1C04H10.g	<i>Serine threonine-protein kinase ht1-like</i>								2.21	2.68	
1155	SCCCLB1C05F02.g	<i>Peptidase serine-type peptidase</i>								-2.2	-2.42	
1156	SCCCLB1C06A11.g	<i>Adp-ribosylation factor 2-like</i>		-2.61		-2.5				-2.07	-1.62	
1157	SCCCLB1C06G11.g *	<i>O-methyltransferase zrp4</i>	-3.22				-2.08		1.32			
1158	SCCCLB1C06H02.g	<i>Heat stress transcription factor a-6a-like</i>			3.86		3.19					
1159	SCCCLB2003D05.g *	-NA-	1.39	1.62	1.02		1.83					
1160	SCCCLB2004A12.g	<i>Uncharacterized wd repeat-containing</i>			1.92		2.15			3.48	3.74	
1161	SCCCLB2004C08.g *	<i>Multidrug resistance protein abc transporter family</i>	1.57								-1.37	
1162	SCCCLB2007E10.g *	<i>Geraniol 8-hydroxylase-like</i>										
1163	SCCCLB2010A04.g *	<i>Disease resistance protein rga3-like isoform x1</i>		-2.31		-1.49		-1.16				
1164	SCCCLR1001A04.g	<i>Jiph-atrc4 ame: full=jasmonate-induced protein homolog</i>		1.44								
1165	SCCCLR1001A05.g *	<i>Sucrose synthase</i>		-1.71	-1.71	-1.45	-1.21	-1.43	1.48		1.66	
1166	SCCCLR1001A06.g	-NA-		-1.71		-1.56	-1.8					
1167	SCCCLR1001A07.g	<i>Glutathione transferase iii</i>								-1.05		
1168	SCCCLR1001A09.g	<i>Retinol dehydrogenase 13</i>									1.14	
1169	SCCCLR1001B01.g *	<i>Aspartic proteinase-like protein 1-like</i>					1.94	1.23				
1170	SCCCLR1001B11.g	<i>Pyridoxin biosynthesis protein er1</i>		1.07							1.08	
1171	SCCCLR1001C03.g *	<i>Histone h2a</i>		-1.4		-2.76				-1.04		
1172	SCCCLR1001C06.g	<i>Stem-specific protein tsjt1-like</i>	-1.62	1.5	1.52					2.97	2.71	
1173	SCCCLR1001C08.g	<i>Zinc finger protein 1-like</i>			-1.37	2.31	-1.12					
1174	SCCCLR1001C12.g	<i>Abscisic stress ripening</i>				-1.3					-1.31	
1175	SCCCLR1001D01.g *	<i>Myb transcription factor</i>				4.1						
1176	SCCCLR1001D02.g	<i>Vacuolar amino acid transporter 1-like isoform x1</i>	2.04		3.16	4.44	2.7	2.63			2.3	
1177	SCCCLR1001E04.g *	<i>Ribulose-bisphosphate carboxylase oxygenase small subunit</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1178	SCCCLR1001E06.g	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase		-1.64		-2.44		-1.46		3.49		3.31
1179	SCCCLR1001F04.g	Cold acclimation protein	2.67	2.23	2.39	2.19	2.51	1.63		-1.25		-1.43
1180	SCCCLR1001F09.g	Calmodulin			2.03							
1181	SCCCLR1001F11.g *	Domain containing expressed	3.02				3.08					
1182	SCCCLR1001G04.g	Zinc finger a20 and an1 domains-containing protein								1.48		1.55
1183	SCCCLR1001G10.g	Inorganic phosphate transporter 1-4										-1.49
1184	SCCCLR1001G12.g *	Rab gdp dissociation inhibitor alpha-like						-1.33				
1185	SCCCLR1001H02.g	Glycine-rich rna-binding protein mitochondrial-like							-1.11			
1186	SCCCLR1001H04.g	Ubiquinol-cytochrome c reductase complex 14 kda protein				-1.05						
1187	SCCCLR1001H06.g	Post-gpi attachment to proteins factor 3-like								-2.22		-1.74
1188	SCCCLR1001H11.g	Costars family								-2.16		-2.31
1189	SCCCLR1022A02.g *	Acc oxidase		-1.88		-2.7	1.49	-2.63				
1190	SCCCLR1022A05.g *	Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-like		-1.08						-1.26		
1191	SCCCLR1022A07.g *	Alpha beta fold family expressed		2.37		2.63		1.76				
1192	SCCCLR1022B02.g	Harpin-induced protein		-1.97		-2.02		-2.37		-2.18		-1.76
1193	SCCCLR1022B07.g	Abscisic stress ripening			1.02							
1194	SCCCLR1022B08.g	Udp-glucose 6-expressed				-1.5		-1.07		-1.03		-1.6
1195	SCCCLR1022C05.g	Tpa: hlh dna-binding domain superfamily protein										1.03
1196	SCCCLR1022C06.g	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 2-like				1.05						
1197	SCCCLR1022C07.g	Tpa: homeobox lipid-binding domain family protein										-1.49
1198	SCCCLR1022C11.g	PREDICTED: uncharacterized protein										-2.17
	LOC101778044											
1199	SCCCLR1022C12.g	Probable calcium-binding protein cml45-like			-1.5					-1.19		-1.15
1200	SCCCLR1022D03.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g013740				-1.9						
1201	SCCCLR1022D09.g	Cold induced			-1.27							-1.57
1202	SCCCLR1022D12.g *	Heat-shock protein	3.16	6.14	2.64	6.29	2.5	3.55	-3.91			
1203	SCCCLR1022E03.g	Ribosomal protein l35a				-1.17						
1204	SCCCLR1022F01.g	Probable chlorophyll b reductase chloroplastic-like										-3.01
1205	SCCCLR1022F09.g	Unknown								1.55		1.3
1206	SCCCLR1022F10.g	Serine hydroxymethyltransferase 4-like		-1						-1.58		-1.55
1207	SCCCLR1022H03.g	Glycine cleavage system h protein mitochondrial-like		-1.35		-1.79		-1.12		-1.23		-1.46
1208	SCCCLR1024A02.g	Receptor-like protein kinase feronia		-1.96		-1.17						
1209	SCCCLR1024A11.g	Vamp protein sec22		-1.99		-2.13		-1.71	2.93	-1.35		-2.01
1210	SCCCLR1024B02.g	Galactinol synthase 3	3.54	3.8	4.12	2.33	3.1	2.89	1.29	-3.83		-2.9
1211	SCCCLR1024B05.g	Probable glucuronosyltransferase os05g0123100-like		-2.84		-1.88		-1.55		-2.01		-2.04
1212	SCCCLR1024C01.g	Probable carboxylesterase 18-like				1.56						
1213	SCCCLR1024C03.g	Tonoplast intrinsic protein		1.38				1.96		-1.09		-1.24
1214	SCCCLR1024C07.g	PREDICTED: uncharacterized protein								1.58		2.02
	LOC101784913											

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1215	SCCCLR1024C09.g	<i>Uncharacterized wd repeat-containing</i>								1.02	1.17	
1216	SCCCLR1024D06.g	<i>Wrky transcription factor</i>									-1.2	
1217	SCCCLR1024D08.g *	<i>D-alanine-d-alanine ligase</i>		-1.82			-1.51					
1218	SCCCLR1024D12.g *	<i>Succinyl-ligase</i>		-1.17								
1219	SCCCLR1024E01.g	<i>Pi21 protein</i>									-2.54	
1220	SCCCLR1024E03.g	<i>Phosphoserine chloroplastic</i>							1.37	1.53		
1221	SCCCLR1024E06.g	<i>Dpp6 n-terminal domain-like protein</i>		1.93	-1.03	2.16		1.52			-1.08	
1222	SCCCLR1024E07.g *	<i>Ring-h2 zinc finger</i>		1.91	1.73		1.75					
1223	SCCCLR1024E08.g	-NA-		-1.24		-1.41		-1.04		-1.27	-1.63	
1224	SCCCLR1024E11.g *	<i>Superoxide dismutase 2</i>								-1.3		
1225	SCCCLR1024F07.g	<i>Histidine decarboxylase-like</i>	1.77		2.17	1.17	1.76	1.08		-1.79	-2.04	
1226	SCCCLR1024G01.g *	<i>Alanyl-tRNA mitochondrial</i>		-1.04								
1227	SCCCLR1024G03.g	-NA-			-2.13							
1228	SCCCLR1024G06.g	<i>Membrane transporter d1</i>	1.84		1.67							
1229	SCCCLR1024G09.g *	<i>Glucan endo-beta-glucosidase 4 precursor</i>						-1.55		-1.61	-2.1	
1230	SCCCLR1024H06.g	<i>Wd-40 repeat-containing protein msi4-like</i>		1.07				1.19				
1231	SCCCLR1024H08.g *	<i>Adenylate kinase b-like</i>		-1.1				-1.02			-1.15	
1232	SCCCLR1024H11.g *	<i>Dormancy auxin associated expressed</i>									-1.1	
1233	SCCCLR1048A06.g	<i>Superoxide dismutase</i>			1.14					1.31	1.72	
1234	SCCCLR1048A07.g	<i>Heat shock protein hsp101</i>	2.82	2.25	2.93	2.84	2.84	1.72	1.12	-1.02		
1235	SCCCLR1048A08.g *	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>					1.51			1.79	1.52	
1236	SCCCLR1048B04.g	<i>Binding isoform 1</i>		-2.25		-1.6		-1.62		-1.38	-1.66	
1237	SCCCLR1048B08.g	<i>Triosephosphate chloroplastic-like</i>		-1.63		-1.62						
1238	SCCCLR1048C02.g	<i>Histone</i>		-1.7		-2.76		-1.72				
1239	SCCCLR1048C04.g	<i>Atp-dependent zinc metalloprotease ftsh mitochondrial-like</i>									1.25	
1240	SCCCLR1048C11.g *	<i>Drought-induced protein rdi</i>		1.03		1.3	1.07	1.03			1.06	
1241	SCCCLR1048C12.g *	<i>Alkaline alpha galactosidase 2</i>									-1.4	
1242	SCCCLR1048D04.g	<i>Glutathione transferase</i>			1.54		1.42		1.31	-1.24	2.1	
1243	SCCCLR1048D07.g *	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>	1.34				1.45			-1.22	2.01	
1244	SCCCLR1048E03.g	<i>Glucan water dikinase</i>					-1.6					
1245	SCCCLR1048E07.g *	<i>Alpha tubulin 1</i>									-1.04	
1246	SCCCLR1048E10.g	<i>Lhy protein</i>	5.5		5.64		5.68		1.34			
1247	SCCCLR1048F03.g *	<i>Cell wall-associated hydrolase</i>		1.81	1.1			1.49				
1248	SCCCLR1048F06.g	<i>Phospholipid transfer protein 1</i>			1.61		1.09					
1249	SCCCLR1048F07.g *	<i>Histone h2a</i>				-1.69						
1250	SCCCLR1048F09.g *	<i>Nadph-dependent reductase</i>								1.76		
1251	SCCCLR1048F10.g *	<i>Dnaj protein homolog</i>	1.33		1.98		1.97					
1252	SCCCLR1048F12.g *	<i>14-3-3-like protein</i>			1.21							
1253	SCCCLR1048G06.g	<i>Wound induced protein</i>				-1.98				1.95	1.83	
1254	SCCCLR1048H03.g *	<i>9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase</i>	3.6	2.32	3.07		3.86			-1.39	-1.6	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1255	SCCCLR1048H07.g	Cobra-like protein 3-like		-1.67		-1.33		-1.14		-1.09		-1.25
1256	SCCCLR1048H09.g	Catalase	-1.68	1.19	-1.78	1.32	-1.85	1.32	-1.81		-1.81	-2.26
1257	SCCCLR1065A03.g *	Ectonucleotide pyrophosphatase phosphodiesterase family member 3								1.45		
1258	SCCCLR1065A10.g	Beta-expansin 1a precursor		-3.04	-6.41	-2.96	-4.97		-1		-1.46	
1259	SCCCLR1065C02.g	Probable uridine nucleosidase 2-like		-1.91		-1.98					-1.63	
1260	SCCCLR1065C05.g *	Chitinase-like protein 1-like		-1.36					-1.58		-2.1	
1261	SCCCLR1065D04.g	Beta-cyanoalanine synthase		-2.55		-3.19		-2.4		-1.51		-1.93
1262	SCCCLR1065E01.g	Cobra-like protein 5-like		-2.73		-1.78					-1.17	
1263	SCCCLR1065E04.g *	Pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta							-1.15			
1264	SCCCLR1065E06.g *	Aquaporin	2.15	1.67			2.52					
1265	SCCCLR1065E09.g	3-dehydroquinate synthase-like							-1.09		-1.27	
1266	SCCCLR1065E10.g *	F-box protein skp2a-like							1.45		1.42	
1267	SCCCLR1065E11.g	Wheat cold induced 16								-1.03	-1	
1268	SCCCLR1065F08.g	Phosphoserine phosphatase							-1.6		-1.68	
1269	SCCCLR1066A09.g *	Protein zinc induced facilitator-like 1-like					1.84					
1270	SCCCLR1066A10.g	Protein doublesex-like							2.66		2.59	
1271	SCCCLR1066A12.g	Kda class i heat shock protein 1	3.76	4.44	2.98	3.85	3.8	2.14	-2.77		-3.57	
1272	SCCCLR1066B10.g	Probable cellulose synthase a catalytic subunit 8		-1.79		-1.14						
1273	SCCCLR1066C06.g	Heat shock factor protein hsf30	1.1		1.25	1.11	1.37					
1274	SCCCLR1066C08.g *	Probable polyamine oxidase 2-like isoform x1					-1.16		-1.95		-2.22	
1275	SCCCLR1066D07.g	Pi21 protein			-1.14							
1276	SCCCLR1066E09.g	-NA-		2.1		1.45		1.07				
1277	SCCCLR1066F01.g	Magnesium transporter nipa3-like				1.36		1.14		1.41	1.5	
1278	SCCCLR1066F05.g *	Ferredoxin- chloroplastic-like										
1279	SCCCLR1066F06.g	Chlorophyll a-b binding protein 2	-1.07		-1.75		-1.1					
1280	SCCCLR1066G01.g *	Serine threonine-protein phosphatase 4 regulatory subunit 3-like		-1.33								
1281	SCCCLR1066G05.g *	Nucleoid dna-binding protein cnd41		-2.32						-2.22		
1282	SCCCLR1066G12.g	-NA-								1.32		
1283	SCCCLR1066H09.g	Alcohol dehydrogenase class-3-like							-1.06		-1.53	
1284	SCCCLR1067A05.g	Copper transporter	1.79		2.19		1.8					
1285	SCCCLR1067C10.g	Nad-dependent epimerase dehydratase			1.4							
1286	SCCCLR1067D12.g	Tpa: bifunctional inhibitor ltp seed storage protein family		4.51		3.83		4.14				
1287	SCCCLR1067E01.g *	Amino acid permease family expressed							1.46		1.64	
1288	SCCCLR1067F01.g *	Uncharacterized loc101212152								-1.14		
1289	SCCCLR1067G09.g	Ethylene-responsive transcription factor 1				-1.28		-1.14		-1.28		
1290	SCCCLR1068A07.g	Tonoplast dicarboxylate transporter-like		4.17					-1.74	1.3		
1291	SCCCLR1068A11.g *	-NA-							-1.37		-1.72	
1292	SCCCLR1068B06.g *	Tpa: beta tubulin6 isoform 1	2.39		2.7		2.27					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1293	SCCCLR1068C05.g	<i>Histone h2a</i>		-1.44		-1.65					-1.08	
1294	SCCCLR1068C06.g	<i>Fiber protein fb2</i>		1.43		1.47		1.79		1.15	1.05	
1295	SCCCLR1068D06.g *	<i>Calcyclin-binding protein</i>	1.99					1.44				
1296	SCCCLR1068D10.g *	<i>Endoplasmin homolog</i>		-1.77					-1.06		-1.32	
1297	SCCCLR1068E01.g	<i>Ap-1 complex subunit sigma-2</i>				-1.24						
1298	SCCCLR1068F12.g	<i>Histone h3</i>				-1.48						
1299	SCCCLR1068G05.g	<i>Asparagine synthetase</i>		4.06		4.93		3.16				
1300	SCCCLR1068G07.g *	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>				4.51		1.1		1.27		
1301	SCCCLR1068H01.g	<i>Wrky transcription factor</i>				-1.75		-1.96			-1.1	
1302	SCCCLR1068H10.g *	<i>Retrotransposon unclassified</i>		-1.57								
1303	SCCCLR1068H12.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101772317 isoform X1</i>				1.09						
1304	SCCCLR1069A02.g	<i>Esterase precursor</i>		-1.34		-2		-1.68		-1.74	-2.12	
1305	SCCCLR1069A12.g	<i>60s ribosomal protein l9</i>								-1.09		
1306	SCCCLR1069B09.g	<i>Caffeoyl 3-o-methyltransferase</i>				-1.5				-1.29	-1.99	
1307	SCCCLR1069C04.g *	<i>Transposon protein en spm sub-class</i>				1.64		1.44		1.26		
1308	SCCCLR1069D01.g	<i>Gtp-binding protein yptm2-like</i>				-1.19						
1309	SCCCLR1069D05.g	<i>Actin- expressed</i>				-2.65		-1.72		-1.23	-1.4	
1310	SCCCLR1069D06.g *	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>				1.2		1.09		2.21	2.46	
1311	SCCCLR1069F05.g	<i>Delta -sterol-c5 -desaturase-like</i>		-1.13		-1.23		-1.05		1.74	1.77	
1312	SCCCLR1069F07.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-897432</i>				3.89		2.99				
1313	SCCCLR1069G05.g	<i>Thioredoxin h2</i>		2.53		1.64		1.96			-1.24	
1314	SCCCLR1069H11.g	<i>Aphid transmission factor</i>								-2.48	-3.03	
1315	SCCCLR1070B06.g	<i>Phosphosulfolactate synthase-related protein</i>	2.73	2.48	3.18	2	2.96			-1.22	-1.38	
1316	SCCCLR1070C06.g *	<i>Sc3 protein</i>						-1.61		-1.95	-2.69	
1317	SCCCLR1070C08.g	<i>Nac1 transcription factor</i>	1.27	1.57	1.02		1.65					
1318	SCCCLR1070C11.g *	<i>D-3-phosphoglycerate chloroplastic-like</i>		-1.48						-1.75	-2.32	
1319	SCCCLR1070D04.g	<i>Pyruvate cytosolic isozyme-like</i>						1.89		1.89	2.6	
1320	SCCCLR1070D08.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 7</i>								-1.05		
1321	SCCCLR1070E06.g *	<i>Eukaryotic translation initiation factor 5a2</i>						-1.35		-1.07		
1322	SCCCLR1070E08.g *	<i>Ac096687-6 glycoprotein</i>				2.91	1.75			2.27		
1323	SCCCLR1070E10.g	<i>Probable -trehalose-phosphate synthase</i>		1.05		1.06						
1324	SCCCLR1070F12.g	<i>Calnexin homolog 1-like</i>		-1.19								
1325	SCCCLR1070G04.g *	<i>Activator of 90 kda heat shock protein atpase</i>	2.23		2.14		2.76					
1326	SCCCLR1070H10.g *	<i>Paired amphipathic helix protein sin3-like 4-like</i>		-1.37								
1327	SCCCLR1072A01.g	<i>-NA-</i>				1.15		1.21		1.06		
1328	SCCCLR1072A11.g *	<i>Lipase precursor</i>						-1.09		-1.5	-1.8	
1329	SCCCLR1072A12.g	<i>Malate chloroplastic-like</i>								1.16	1.76	
1330	SCCCLR1072B01.g *	<i>Dentin sialophospho isoform x3</i>		-1.61	1.74							
1331	SCCCLR1072B05.g *	<i>-NA-</i>	1.48	2.35			2.28	1.51				
1332	SCCCLR1072B06.g	<i>Regulatory subunit</i>				1.14		1.35				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1333	SCCCLR1072B08.g	Scarecrow-like protein 9-like isoform x1					1.73					
1334	SCCCLR1072B10.g	26s proteasome non-atpase regulatory subunit 6								-1.74		-1.75
1335	SCCCLR1072C02.g	Ethyleno response protein	1.98		1.81	1.46	1.63	1.47				
1336	SCCCLR1072E03.g	Probable receptor-like protein kinase at5g18500-like								-1.83		-2.27
1337	SCCCLR1072E05.g	Gda2 protein	1.17		1.04		1.37					
1338	SCCCLR1072E06.g	Probable voltage-gated potassium channel subunit beta-like				-1.65		-1.34		-1.08		-1.49
1339	SCCCLR1072E09.g *	Harpin-induced protein		1.38								
1340	SCCCLR1072E10.g *	Nod26-like major intrinsic protein		1.21				1.86		-1.98		-2.08
1341	SCCCLR1072F09.g	Tpa: protochlorophyllide reductase-like protein			-2.73							
1342	SCCCLR1072F11.g	60s ribosomal protein l29								-1.03		-1.09
1343	SCCCLR1072F12.g	Serine threonine protein kinase							1		1.04	
1344	SCCCLR1072G01.g *	Protein peroxin-4-like						-1.14				
1345	SCCCLR1072G02.g	Zinc finger ccch domain-containing protein 35-like	1.94	3.07	1.77	3.15	1.7	2.35		1.22		
1346	SCCCLR1072G09.g *	Uncharacterized protein loc100279141					-1		3		2.84	
1347	SCCCLR1072G12.g	60s ribosomal protein l32					-1.07					
1348	SCCCLR1072H04.g	Patellin family protein		1.11		1.19				1.58		1.49
1349	SCCCLR1072H05.g *	Multiple stress-responsive zinc-finger protein isap1		1.04								
1350	SCCCLR1072H12.g *	-NA-		1.84								
1351	SCCCLR1075A08.g *	Uncharacterized protein loc100277139		1.33								
1352	SCCCLR1075A11.g	Wound responsive protein		-1.02	-1.46	-1.37			-1.78	-1.23	1.73	-1.14
1353	SCCCLR1075B06.g	Chloroplast photosystem ii 10 kda protein	2.52		4.8		1.59					
1354	SCCCLR1075C01.g *	Probable udp-arabinose 4-epimerase 3-like								-2		
1355	SCCCLR1075C10.g	Galactinol synthase 3	2.8	2.45	3.53	2.4	2.71	2.73		-3.49		-2.61
1356	SCCCLR1075D11.g	-NA-			2.44		4.51			-1.53		-1.65
1357	SCCCLR1075E09.g	Heat shock protein 90				1.1						
1358	SCCCLR1075E10.g *	Cbl-interacting protein kinase 31								2.34		
1359	SCCCLR1075F03.g	Purple acid phosphatase precursor				1.5						
1360	SCCCLR1075F07.g	Cytosolic acetyl- carboxylase		-2.02		-1.44		-1.47				
1361	SCCCLR1075G03.g *	-NA-		-1.38						-1.37		-1.71
1362	SCCCLR1075G05.g	Splicing arginine serine-rich 6				1.26				1.15		1.21
1363	SCCCLR1075H08.g	Btb poz domain-containing protein at1g67900-like				1.87						
1364	SCCCLR1076A02.g	Equilibrative nucleotide transporter 3-like		-1.39		-1.48		-1.25		-1.56		-1.36
1365	SCCCLR1076A12.g *	-NA-				2.73						
1366	SCCCLR1076B07.g	Ammonium transporter amt2				-1.54		-2.24		-1.43		-1.69
1367	SCCCLR1076C03.g	Ketol-acid reductoisomerase				1.08						
1368	SCCCLR1076C07.g *	Glucan endo- beta-glucosidase 7 precursor		1.3								
1369	SCCCLR1076C11.g	60s ribosomal protein l31									-1.19	
1370	SCCCLR1076D09.g	-NA-			-2.9		-1.53			-1.31		
1371	SCCCLR1076E12.g	Mitochondrial uncoupling protein 5-like	1.16	-1.35		-1.51		1.33		-2		-2.36
1372	SCCCLR1076F07.g	Transcription factor bhlh128-like							1.6	1.64	1.66	1.9

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1373	SCCCLR1076F09.g *	Calcineurin b-like-interacting protein kinase			1.1			-1.04				
1374	SCCCLR1076H01.g *	Transcription factor gte7-like	1.16							-1.35		
1375	SCCCLR1076H02.g	Nadp-dependent oxidoreductase p1				-2.6					-2.14	
1376	SCCCLR1077A03.g	C-4 methylsterol oxidase									-1.41	
1377	SCCCLR1077D10.g	Pyruvate cytosolic isozyme-like								2.43	2.23	
1378	SCCCLR1077E01.g	-NA-			-1.24	1.88						
1379	SCCCLR1077E10.g	Macrophage migration inhibitory factor				-1.01						
1380	SCCCLR1077E12.g	Farnesylated protein 2	1.17	3.75	1.43	3.28	1.35	2.59				
1381	SCCCLR1077G10.g *	Protein disulfide isomerase-like 2-3-like		-1.28						1.39	2	
1382	SCCCLR1078A02.g	Inactive poly								-1.59	-1.98	
1383	SCCCLR1078A07.g *	Interactor of constitutive active rops 1-like						-2.39				
1384	SCCCLR1078A10.g	Salt tolerance-like protein			1.21							
1385	SCCCLR1078B06.g *	Platz transcription factor					-1.1					
1386	SCCCLR1078B11.g *	B3 domain-containing protein os07g0679700-like									-1.16	
1387	SCCCLR1078C05.g	Udp-glucuronate:xyilan alpha-glucuronosyltransferase 1-like				-1.42					-1.13	
1388	SCCCLR1078D01.g *	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase chloroplastic-like		1.43		1.85		1.34				
1389	SCCCLR1078D04.g *	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-1						2				
1390	SCCCLR1078E02.g	Uncharacterized protein loc100279084			-1.64				1.44	1.24		
1391	SCCCLR1078F05.g *	Calmodulin					-1.15		-1.25	-1.22		
1392	SCCCLR1078G03.g	Transposon mutator sub-class	2.84	3.78	4.14	3.54	3.27	3.19				
1393	SCCCLR1078G04.g	Protein time for coffee-like						1.3				
1394	SCCCLR1078H02.g *	Histone h4		-1.32								
1395	SCCCLR1078H05.g	Kynurenone formamidase-like							-1.7	-1.94		
1396	SCCCLR1078H07.g *	Cytosolic acetyl-carboxylase		-2.55								
1397	SCCCLR1079A02.g	Caffeoyl 3-o-methyltransferase				-1.54			-1.25	-2.03		
1398	SCCCLR1079B06.g	Phosphoglycerate cytosolic-like	2.53	1.65	2.09	1.57	2.56	1.8	2.7	2.48		
1399	SCCCLR1079C08.g	High mobility group b protein 7-like		-4.12		-4.23						
1400	SCCCLR1079D03.g	Nadh dehydrogenase								-1.19		
1401	SCCCLR1079D08.g *	-NA-		2.35		1.23						
1402	SCCCLR1079D09.g *	Heat shock cognate 70 kda protein 2	1.16		2.8		3.17		1.15			
1403	SCCCLR1079E08.g *	Ubiquitin ligase e3 isoform 1		-1.35								
1404	SCCCLR1079E11.g *	Nodulin-like protein	1.04				1.31					
1405	SCCCLR1079F01.g *	Histone h1	1.21				1.62					
1406	SCCCLR1079F11.g	Rapid alkalinization factor 1 precursor		-1.89		-2		-1.74				
1407	SCCCLR1079G07.g	60s ribosomal protein l37a				-1.03						
1408	SCCCLR1079G09.g	Protein translation factor sui						-1.44				
1409	SCCCLR1079G11.g *	-NA-		2.87		1.48		1.73		1.38		
1410	SCCCLR1079H05.g *	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit stt3a-like		-1.27								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1411	SCCCLR1080B06.g	<i>Nonspecific lipid-transfer protein akcs9 precursor</i>	1.74	2.58	1.56	2.15		1.75			-1.96	
1412	SCCCLR1080D01.g	<i>Indole-3-glycerol phosphate synthase</i>			1.11	2.44				-1.99		-1.57
1413	SCCCLR1080E03.g	<i>Bag family molecular chaperone regulator 6-like</i>										
1414	SCCCLR1080F11.g *	<i>Cycloartenol synthase</i>		-4.05			5.12					
1415	SCCCLR1080G09.g *	<i>-NA-</i>		-2.63							-1.9	
1416	SCCCLR1080H09.g	<i>Protein phosphatase 1 regulatory subunit ppra</i>			2.34			2.12		-1.56		-1.85
1417	SCCCLR1121B12.g *	<i>Chitobiosyldiphosphodolichol beta-mannosyltransferase</i>										
1418	SCCCLR1C01B06.g	<i>Dj-1 family protein</i>			1.14							
1419	SCCCLR1C01B10.g	<i>Persulfide dioxygenase ethel mitochondrial-like</i>		-1.23		-1.6		-1.59	2.55	1.03	3	
1420	SCCCLR1C01B12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g022700</i>								1.38		
1421	SCCCLR1C01C06.g *	<i>Afadin- and alpha-actinin-binding</i>		-1.93								
1422	SCCCLR1C01C07.g	<i>40s ribosomal protein s12</i>									-1	
1423	SCCCLR1C01C08.g	<i>Translocase of chloroplast chloroplastic-like</i>									-1.17	1.12
1424	SCCCLR1C01C09.g	<i>60s ribosomal protein l12</i>									-1.34	-1.15
1425	SCCCLR1C01D05.g	<i>Heat shock cognate 70 kda</i>	2.47	2.38	2.81	3.07	2.65	2.25	1.1			
1426	SCCCLR1C01E02.g *	<i>Probable importin-7 homolog</i>					1.21				-1.08	
1427	SCCCLR1C01E08.g	<i>Rna-binding protein 42-like</i>										
1428	SCCCLR1C01F03.g	<i>Ribonuclease uk114-like</i>									-1.18	-1.04
1429	SCCCLR1C01F05.g *	<i>Cral trio domain sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein</i>		-1.51				-1.3				
1430	SCCCLR1C01H02.g	<i>Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp20-chloroplastic-like</i>									-1.02	
1431	SCCCLR1C01H06.g	<i>Ma3 domain-containing family protein</i>			1.03	1.59		1.23				
1432	SCCCLR1C01H09.g *	<i>Mitogen-activated protein kinase kinase kinase a-like</i>				-1.45	4.78		-1.12		-1.13	
1433	SCCCLR1C02A03.g	<i>Formate dehydrogenase</i>		1.31		1.13		1.05				
1434	SCCCLR1C02B02.g *	<i>-NA-</i>		-1.51								
1435	SCCCLR1C02B06.g	<i>-NA-</i>				1.15						
1436	SCCCLR1C02C11.g *	<i>Mediator of rna polymerase ii transcription subunit 15a-like isoform x3</i>		-1.57								
1437	SCCCLR1C02D02.g *	<i>Dna-dependent atpase snf2h</i>		-1.37							-1.08	
1438	SCCCLR1C02E07.g	<i>60s ribosomal protein l22-2</i>										
1439	SCCCLR1C02F04.g	<i>Programmed cell death protein 4</i>					1.06					
1440	SCCCLR1C02F07.g	<i>Inositol-3-phosphate synthase</i>	4.17	2.37	4.14	1.62	4.18	1.53		1.44	1.81	
1441	SCCCLR1C03A09.g *	<i>Peroxidase</i>		-2.36				-2.27		-1.07	-1.2	
1442	SCCCLR1C03B06.g	<i>Farnesylated protein 1</i>	2.75	1.75	2.03	1.44		1.23		-1.56		-1.68
1443	SCCCLR1C03B12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g031440</i>	1.42		1.75			1.61				
1444	SCCCLR1C03C02.g	<i>-NA-</i>			-2.24			-1.15				
1445	SCCCLR1C03C05.g	<i>Bzip transcription factor abi5</i>	3.14		2.97	1.62	3.03	1.31			-1.29	
1446	SCCCLR1C03C11.g	<i>Glycerol 3-phosphate permease</i>			1.22	2.17				1.41		
1447	SCCCLR1C03D07.g *	<i>Salt gene product</i>		6.2				1.66			-1.15	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1448	SCCCLR1C03D11.g	Nuclear factor 1 a-type isoform 2									1.12	
1449	SCCCLR1C03E03.g	Serine/threonine-protein kinase afc2-like								1.37	1.41	
1450	SCCCLR1C03E08.g	Monothiol glutaredoxin-s17-like			1.14							
1451	SCCCLR1C03F01.g *	Cystathione gamma-synthase							-1.09			
1452	SCCCLR1C03F03.g	Early flowering 4					1.66					
1453	SCCCLR1C03F05.g	Uncharacterized protein loc100279485							1.17		-1.05	
1454	SCCCLR1C03G01.g *	Omega-6 fatty acid endoplasmic reticulum isozyme 2			-1.43					-1.3	-1.3	
1455	SCCCLR1C03G05.g *	Hypothetical protein		2.33								
1456	SCCCLR1C03G09.g	Chalcone isomerase			1.47					-1.81	-1.94	
1457	SCCCLR1C04A01.g *	Bel1-like homeodomain protein 6-like isoform x1		-1.07								
1458	SCCCLR1C04A09.g	Tpa: heavy metal transport detoxification superfamily protein								1.22	1.49	
1459	SCCCLR1C04A11.g	Kinase-interacting protein 1								1.05		
1460	SCCCLR1C04B07.g	Histone h3			-1.3							
1461	SCCCLR1C04B08.g	Pras-rich protein			-1.57				-1.11		-1.51	
1462	SCCCLR1C04B10.g *	Homeodomain-like transcription factor superfamily protein		-2.02								
1463	SCCCLR1C04C02.g	Bag family molecular chaperone regulator 6-like			1.51	2.22	1.19					
1464	SCCCLR1C04C05.g	Sc3 protein								-1.78	-1.93	
1465	SCCCLR1C04D05.g *	Probable metal-nicotianamine transporter ysl6-like		-1.13					-1.03		-1.07	
1466	SCCCLR1C04D07.g *	Uncharacterized abhydrolase domain-containing protein dlb-g0269086-like					1.07			-1.08	1.11 -1.25	
1467	SCCCLR1C04D11.g	Udp-glycosyltransferase 75d1-like		-2							1.31	
1468	SCCCLR1C04E01.g	Adenosylhomocysteinase-like								-1.35	-1.45	
1469	SCCCLR1C04E02.g *	Ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1-like							-1.6			
1470	SCCCLR1C04F04.g *	Lipid phosphate phosphatase 3							-1.85			
1471	SCCCLR1C04F08.g	Calcium-dependent protein kinase		-1.23		-1.33						
1472	SCCCLR1C04G09.g	Isocitrate dehydrogenase			1.21							
1473	SCCCLR1C04G11.g	Outer envelope pore protein 16- chloroplastic-like	6.22	3.81	6.31	3.5			3.29			
1474	SCCCLR1C04H03.g *	Plant myosin mys1 family protein		-2.14								
1475	SCCCLR1C04H09.g	Yt521-b-like family expressed					1.42	1.25		1.29	1.16	
1476	SCCCLR1C05B02.g	-NA-			1.97	1.88		1.24				
1477	SCCCLR1C05B03.g	Myb-related protein hv1-like			1.48	1.38		1.17				
1478	SCCCLR1C05B07.g	Cbl-interacting protein kinase 31	1.55		1.49		1.75			-1.62	-1.48	
1479	SCCCLR1C05C06.g *	Protein doublesex-like				1.22		1.06				
1480	SCCCLR1C05E08.g	Zinc finger protein					1.17			1.51	1.83	
1481	SCCCLR1C05F08.g *	Fumarate hydratase mitochondrial-like		-1.39							-1.71	
1482	SCCCLR1C05F12.g	Protein kinase superfamily protein					-1.6					
1483	SCCCLR1C05G04.g *	Protein kinase superfamily protein	1.58		2.03		1.51	3				
1484	SCCCLR1C05G07.g *	S-adenosylmethionine decarboxylase		1.02	1.12							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1485	SCCCLR1C05G08.g	Peroxidase 72-like					-2.37				-1.16	-1.31
1486	SCCCLR1C05G11.g *	Transcription factor gte10-like									1.34	
1487	SCCCLR1C05G12.g	Probable e3 ubiquitin-protein ligase ari8-like									1.24	1.22
1488	SCCCLR1C06B02.g *	Tpa: duf231 domain containing family protein	3.58	-2.75		-2.1		-2.07		-1.54	-2.9	
1489	SCCCLR1C06B07.g *	Chorismate synthase 2		-1.28						-1.42	-1.25	
1490	SCCCLR1C06C11.g	Atp-citrate synthase beta chain protein 1-like		-1.64		-1.61		-1.38			-1.08	
1491	SCCCLR1C06D03.g	Alpha-l-fucosidase 1-like								-1.55	-2.65	
1492	SCCCLR1C06E03.g	Nuclear transcription factor y subunit a-3-like isoform x3								-1.7	-1.9	
1493	SCCCLR1C06G07.g *	Sucrose-phosphate synthase family protein				1.15	1.57	1.33				
1494	SCCCLR1C07A05.g	Choline ethanolamine kinase	1.79		2		1.6					
1495	SCCCLR1C07A09.g *	Rna-binding protein 42-like isoform x2	1.68		1.14		2.12					
1496	SCCCLR1C07B03.g	Protein nap1-like		-1.96		-1.66						
1497	SCCCLR1C07B06.g	Gamma-glutamyl hydrolase								-1.2	-1.41	
1498	SCCCLR1C07B07.g *	Glycine-rich rna binding protein					-1.45					
1499	SCCCLR1C07C04.g	Desaturase cytochrome b5 protein				-1.94						
1500	SCCCLR1C07C07.g	Peptide transporter ptr2-like								-1.21	-1.34	
1501	SCCCLR1C07D08.g *	Ras-related protein rab7							-1.15	-1.56	-1.65	
1502	SCCCLR1C07E01.g	Gdp-mannose-dependent alpha-mannosyltransferase-like									2.51	
1503	SCCCLR1C07F04.g	Soluble acid invertase	6.92		5.69		7.06					
1504	SCCCLR1C07G05.g	Tubulin alpha-1 chain				-1.15						
1505	SCCCLR1C07G09.g *	Apospory-associated protein c								-1.79		
1506	SCCCLR1C07H12.g	Stem-specific protein tsjt1				-1.05				1.91	2.29	
1507	SCCCLR1C08B09.g	Transcription elongation expressed									1.67	
1508	SCCCLR1C08E01.g	Probable receptor protein kinase tmk1-like				1.75		1.6				
1509	SCCCLR1C08G10.g	Lhy protein	5.72		5.75		5.71				1.11	
1510	SCCCLR1C11A10.g	Hydrophobic protein lti6b	2.88	1.72	2.7	1.51						
1511	SCCCLR1C11C06.g	Ygl010w-like protein				-2.87		-3.79		-3.94	-3.71	
1512	SCCCLR2001A01.g *	Ap2 domain containing protein			-1.39							
1513	SCCCLR2001A08.g	R40c1 protein - rice	2.21	2.33	1.85	2.06	1.8	1.54		-1.21	-1.51	
1514	SCCCLR2001A12.g	Minor allergen alt a 7		-1.29		-1.06				-1.39	-1.61	
1515	SCCCLR2001B02.g *	Carbamoyl-phosphate synthase small chain								-1.28		
1516	SCCCLR2001B04.g	Glycine-rich rna binding protein			-1.38							
1517	SCCCLR2001B07.g	Late embryogenesis abundant protein	2.98	3.24	4.44	3.33	4.19	2.21				
1518	SCCCLR2001C02.g	Regulator of chromosome condensation repeat-containing protein isoform 1		4.95	5.52		5.2					
1519	SCCCLR2001C03.g	Calmodulin-binding family protein			-1.18	-2.01						
1520	SCCCLR2001C04.g	Kda class ii heat shock protein	4.32	4.19	4.12	6.02	4.47	3.41				
1521	SCCCLR2001C05.g *	Stem-specific protein tsjt1-like			1.49	1.63		1.28		2.92	2.66	
1522	SCCCLR2001C09.g	Histone h2a			-1.42	-2.27		-2.1				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1523	SCCCLR2001C11.g	-NA-		1.79		1.59		1.53				
1524	SCCCLR2001D01.g	<i>Histone h4</i>		-2.43		-3.29		-2.13		-1.22		
1525	SCCCLR2001D04.g *	-NA-		1.02							-1.25	
1526	SCCCLR2001D05.g *	<i>Glycoprotein 3-alpha-l-fucosyltransferase</i>		1.78								
1527	SCCCLR2001D10.g	<i>Histone h3</i>		-1.1		-2.41		-2.01		-1.18		
1528	SCCCLR2001D12.g	<i>Histone h4</i>				-1.36		-1.29				
1529	SCCCLR2001E02.g	<i>Ethylene response element binding protein</i>				-1.31		-1.13		-1.13		
1530	SCCCLR2001E05.g *	<i>Cation proton exchanger 1a</i>	1.25	2.12		2.51		1.71				
1531	SCCCLR2001E06.g	<i>Uncharacterized loc101222738</i>	1.18	1.48	1.03	1.05	1.65	1.17		1.87	1.79	
1532	SCCCLR2001E08.g *	<i>Non-symbiotic hemoglobin</i>						-2.79		3.88	4.46	
1533	SCCCLR2001E10.g	-NA-		1.94		1.52						
1534	SCCCLR2001E11.g *	-NA-		-1.44				-1			-1.22	
1535	SCCCLR2001F01.g	<i>Splicing arginine serine-rich 4</i>	1.89	1.57	2	1.7	1.87					
1536	SCCCLR2001F05.g	<i>Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>			1.41		1.15					
1537	SCCCLR2001F06.g	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>		3.99		3.46		2.18				
1538	SCCCLR2001F08.g	<i>Histone h3</i>				-1.16						
1539	SCCCLR2001F12.g	<i>Nadh dehydrogenase</i>				-1.02					-1.06	
1540	SCCCLR2001G04.g	<i>Maternal effect embryo arrest 59</i>								1.3	1.6	
1541	SCCCLR2001G07.g	<i>Poly rna polymerase cid11-like</i>				-2.37						
1542	SCCCLR2001H02.g *	<i>Ramosa 1 enhancer locus 2</i>		-1.15								
1543	SCCCLR2001H05.g	<i>Alcohol dehydrogenase 1</i>				-2.27			3.42		3.56	
1544	SCCCLR2001H07.g *	<i>20 kda chloroplastic-like</i>								-1.07		
1545	SCCCLR2002A01.g	-NA-		1.4		1.04						
1546	SCCCLR2002B06.g	<i>Transposon protein en spm sub-class</i>			-1.72	-1.1	3.31	-1.45			-1.18	
1547	SCCCLR2002C08.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>		-1.54		-1.36		-1.53				
1548	SCCCLR2002C12.g	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>							2.62		2.47	
1549	SCCCLR2002D03.g	<i>Stress responsive protein</i>		2.3		2		2.14				
1550	SCCCLR2002D04.g	<i>Histone h4</i>		-2.13		-2.84		-2.02				
1551	SCCCLR2002D05.g	<i>60s ribosomal protein l39</i>				-1.1						
1552	SCCCLR2002D10.g	<i>Acy carrier protein</i>				-5.82		-4.46		-4.45		
1553	SCCCLR2002D12.g	<i>Dna-binding protein s1fa2</i>									-1	
1554	SCCCLR2002E03.g	-NA-		2.29		1.78				2.11		
1555	SCCCLR2002F01.g	-NA-			1.73	2.71					1.45	
1556	SCCCLR2002F08.g	<i>Auxin-repressed kda protein</i>			1.25		1.03			-1.14		
1557	SCCCLR2002G02.g	<i>D-3-phosphoglycerate chloroplastic-like</i>				-1.12			2.31		2	
1558	SCCCLR2002G05.g *	<i>Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12-like isoform x2</i>		-1.38								
1559	SCCCLR2002G08.g	<i>Mitochondrial import inner membrane translocase subunit tim23</i>									-1.48	
1560	SCCCLR2002G09.g	<i>Histone h4</i>		-1.63		-2.58		-1.96				
1561	SCCCLR2002G11.g	<i>Histone</i>		-1.16		-1.83						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1562	SCCCLR2003A04.g	Allene oxide cyclase 4										-1.75
1563	SCCCLR2003C05.g	Cytochrome p450 87a3-like					-5.11					
1564	SCCCLR2003C07.g *	Tpa: nac domain and pentatricopeptide repeat containing protein	-1.5							1.27		1.87
1565	SCCCLR2003C12.g *	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase fab1			-1.69							
1566	SCCCLR2003E01.g	Histone h4		-1.27		-1.47						
1567	SCCCLR2003E10.g *	Nac1 transcription factor					3.03					
1568	SCCCLR2003G10.g *	Calmodulin-like protein 1		1.23			1.75					
1569	SCCCLR2003H06.g	Trehalose-phosphate phosphatase	4.03		3.3							-1.25
1570	SCCCLR2004A04.g *	Uncharacterized protein LOC100383684					-2.24					-1.39
1571	SCCCLR2004A06.g	-NA-				1.45		1.55				
1572	SCCCLR2004B05.g	Monoglyceride lipase-like		-1.54		-1.68					-1.73	-1.72
1573	SCCCLR2004B09.g	Transcription factor bhlh96-like									1.82	1.89
1574	SCCCLR2004D05.g	F-box kelch-repeat protein at1g67480-like									-1.89	-1.98
1575	SCCCLR2004E01.g *	Histone h1					1.04					
1576	SCCCLR2004E02.g	Nbs-lrr class disease resistance protein				-2.51		-2.4			-1.98	-2.45
1577	SCCCLR2004E03.g	60s ribosomal protein l23										-1.06
1578	SCCCLR2004E05.g	Uncharacterized protein loc100383598				1.18		1.37			1.38	1.2
1579	SCCCLR2004E11.g	12-oxophytodienoate reductase		-2.04		-2.36					-1.8	-2.2
1580	SCCCLR2004E12.g	Abc transporter d family member chloroplastic-like	1.29		1.83		1.43					
1581	SCCCLR2004G06.g	Wrky74 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains			-1.1						-1.48	-1.5
1582	SCCCLR2004G12.g	Ac112 protein	4.04		4.06		4.19		1			
1583	SCCCLR2004H02.g	Uncharacterized protein loc100191649			-3.02							-1.43
1584	SCCCLR2C01A05.g	Hypothetical protein SORBiDRAFT-06g028860										-1.17
1585	SCCCLR2C01A06.g	Nb-arc domain-containing protein				1.19					1.02	1.06
1586	SCCCLR2C01C12.g *	Probable protein phosphatase 2c 39-like	-1.24	-1.46							-1.22	-1.74
1587	SCCCLR2C01D06.g	Hypothetical protein									-3.1	-3.75
1588	SCCCLR2C01D08.g	Cell number regulator 13-like		-1.59		-1.73						
1589	SCCCLR2C01E03.g	Probable adp-ribosylation factor gtpase-activating protein agd8-like		-1.36							-1.38	-1.29
1590	SCCCLR2C01E08.g *	Rubber elongation factor family protein		1.43							1.51	
1591	SCCCLR2C01E11.g	Low quality protein: probable disease resistance protein at4g33300-like			-1.39		-1.25		1.04			
1592	SCCCLR2C01F06.g	Wound induced protein									1.28	1.26
1593	SCCCLR2C01G02.g	Protein yippee-like									1.2	1.31
1594	SCCCLR2C01G07.g *	Cbl-interacting protein kinase 7-like	-1.1		-1.26		-1.19					
1595	SCCCLR2C01G12.g	Nitrate excretion transporter 1-like										-1.04
1596	SCCCLR2C01H03.g *	Multiple stress-responsive zinc-finger protein isap1		1.03								
1597	SCCCLR2C01H04.g *	Lipoxygenase homology domain-containing protein 1-like	1.61	1.54		1.66	2.07	1.49				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1598	SCCCLR2C01H09.g *	<i>Activator of 90 kda heat shock protein atpase</i>			2.05							
1599	SCCCLR2C02A01.g	<i>Probable wound-induced protein</i>					-1.66				3.09	3.12
1600	SCCCLR2C02A12.g *	<i>S-adenosylmethionine decarboxylase</i>	1.06	1.03								
1601	SCCCLR2C02B02.g *	<i>Seed maturation protein</i>	2.28									-1.32
1602	SCCCLR2C02B04.g	-NA-	-1.24		-1.99		-1.41					
1603	SCCCLR2C02B08.g	<i>Pirin-like protein at1g50590-like</i>										-1.36
1604	SCCCLR2C02C02.g *	<i>Multiprotein-bridging factor 1c-like</i>	4.04		4.12		3.64					
1605	SCCCLR2C02C06.g *	<i>Tpa: clathrin heavy chain family protein</i>		-1.35								
1606	SCCCLR2C02C11.g	<i>60s ribosomal protein l38</i>				-1.47						-1.17
1607	SCCCLR2C02C12.g	<i>Histone h2a</i>		-1.87		-2.13						
1608	SCCCLR2C02D12.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like</i>			-1.32							3.2
1609	SCCCLR2C02E04.g *	<i>Probable isoprenylcysteine alpha-carbonyl methyltransferase icme-like</i>	3.16		3.12		3.92	2.04				
1610	SCCCLR2C02F03.g	<i>Cytochrome b5</i>				-1.12						
1611	SCCCLR2C02F11.g *	<i>Anaphase-promoting complex subunit cdc20-like</i>		-2.87								
1612	SCCCLR2C02H01.g	<i>Cellulose synthase</i>		-2.31		-2.01		-1.06		-1.35		-1.47
1613	SCCCLR2C02H04.g	<i>Cell wall-associated partial</i>								1.05		1.03
1614	SCCCLR2C02H05.g	<i>Ubiquinol-cytochrome c reductase complex kda protein</i>				-1.3						
1615	SCCCLR2C02H09.g *	<i>Histone h1</i>	1.1	1.95		1.46	1.07	1.22		1.04		1.06
1616	SCCCLR2C03A10.g	<i>Ring-h2 finger protein atl2a</i>		2.08		1.77		1.48				
1617	SCCCLR2C03B01.g	<i>Zinc-binding protein</i>			-1.54		-1.35					
1618	SCCCLR2C03C10.g	<i>Hydroquinone glucosyltransferase</i>		1.11				1.09		-1.48		-1.49
1619	SCCCLR2C03D05.g	<i>Superoxide dismutase</i>										-1.01
1620	SCCCLR2C03D06.g	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at1g68400-like</i>								-2.17		-2.01
1621	SCCCLR2C03D07.g	<i>2-aminoethanethiol dioxygenase</i>								3.18		3.05
1622	SCCCLR2C03E03.g	<i>Integral membrane protein</i>		2.19		2.09		1.78				-1.46
1623	SCCCLR2C03E09.g	<i>Zf-hd homeobox protein at4g24660-like</i>										-1.43
1624	SCCCLR2C03F01.g	<i>Phospholipid transfer protein 1</i>			1.69							
1625	SCCCLR2C03F05.g	-NA-		-1.97		-2		-1.52		-1.23		-1.03
1626	SCCCLR2C03F06.g	<i>Cytoplasmic membrane protein</i>								-1.66		-1.88
1627	SCCCLR2C03F08.g	<i>Cp12 domain-containing protein 1</i>	1.08	2.24	1.24	2.02	1.57					
1628	SCCCLR2C03G03.g	<i>Farnesylated protein 1</i>	2.52	1.88	2.39	1.23		1.71				-1.59
1629	SCCCLR2C03H03.g	<i>Atp-dependent -nad h-hydrate dehydratase-like</i>								1.8		1.88
1630	SCCCLR2C03H07.g *	<i>Tpa: mads-box transcription factor family protein</i>		-1.33								
1631	SCCCLV1001D01.g	<i>Abc transporter g family member 11-like</i>				3.54		3.42				
1632	SCCCNR1001G06.g	<i>Udp-glycosyltransferase 75d1-like</i>				3.19						
1633	SCCCNR1003B08.g	<i>Macpf domain-containing protein nsl1-like</i>				-1.92						
1634	SCCCNR1004D03.g	<i>Anthocyanidin 3-o-glucosyltransferase</i>		6.41		5.57		5.99				
1635	SCCCRT1001A12.g	<i>Protein binding protein</i>				-1.68						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1636	SCCCRT1001B04.g	<i>Early nodulin 93</i>					-2.88			4.79		4.89
1637	SCCCRT1001B05.g	<i>39 kDa ef-hand containing expressed</i>		1.36		1.29						
1638	SCCCRT1001C10.g *	<i>Tpa: cbl-interacting protein kinase family protein</i>								1.56		
1639	SCCCRT1001D02.g	<i>Pathogenesis-related protein 1-like</i>			-1.01		-1.12					-1.38
1640	SCCCRT1001D04.g	<i>Early nodulin 93</i>					-2.73			4.64		3.93
1641	SCCCRT1001E01.g *	<i>Tpa: lipoygenase1</i>		-1.07						-1.82		-1.99
1642	SCCCRT1001E12.g	<i>Ras-related protein rab11d-like</i>					-1.41		-1.05		-1.2	-1.37
1643	SCCCRT1001G02.g	<i>Short-chain type dehydrogenase reductase-like</i>					-3.24					
1644	SCCCRT1001G05.g	<i>Nadph quinone oxidoreductase 2</i>									1.06	-1.67
1645	SCCCRT1001G11.g	<i>Ltp1</i>			-2.22		-1.95		-1.74			
1646	SCCCRT1001G12.g	<i>Peroxidase 52-like</i>					-2.62		-1.98			
1647	SCCCRT1001H04.g	<i>Aldo keto</i>					1.6		1.5			
1648	SCCCRT1001H07.g	<i>Ring-h2 zinc finger protein</i>					-1.28					
1649	SCCCRT1001H12.g *	<i>Root cap protein 2</i>			-2.84							
1650	SCCCRT1002A03.g	<i>-NA-</i>								2.14		2.72
1651	SCCCRT1002A07.g	<i>Lysine histidine transporter 2-like</i>					-3.88					
1652	SCCCRT1002A12.g	<i>Serine palmitoyltransferase 1</i>			-1.24		-1.33					
1653	SCCCRT1002B01.g	<i>Homocysteine s-methyltransferase 3</i>			1.29	1.56	1.42			-1.59		-1.65
1654	SCCCRT1002C05.g	<i>Alanine aminotransferase</i>					1.05			3.04		3.03
1655	SCCCRT1002C10.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing protein</i>								2.47		2.44
1656	SCCCRT1002D01.g	<i>Root abundant factor</i>			-2.07		-1.75		-1.39			
1657	SCCCRT1002D07.g	<i>Calmodulin-binding expressed</i>					-2.79					
1658	SCCCRT1002E01.g *	<i>Acyl-</i>								3.53		3.49
1659	SCCCRT1002E05.g	<i>U-box domain-containing protein 4-like</i>					-1.4			-1.44		-1.2
1660	SCCCRT1002F06.g	<i>Stress-inducible protein</i>					-6.76		-5.59		6.32	6.21
1661	SCCCRT1002F09.g	<i>G-box-binding factor 4</i>	2.37	1.85	2.36	1.77	2.6	1.89				
1662	SCCCRT1002G01.g	<i>Phosphatase family protein</i>								-1.38		-1.36
1663	SCCCRT1002G03.g *	<i>Probable beta-d-xylosidase 6-like</i>	1.88	-1.53			-1.66		-1.26			-1.36
1664	SCCCRT1002H01.g	<i>Cytochrome b5 reductase</i>			-1.36		-1.66		-1.26		1.88	2.14
1665	SCCCRT1002H08.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1-like</i>					-2.1					1.26
1666	SCCCRT1003A01.g	<i>Protein oberon 3-like</i>										
1667	SCCCRT1003A06.g	<i>-NA-</i>							-1.04			
1668	SCCCRT1003B03.g	<i>Gds1 esterase lipase at5g45910-like</i>	-1.57		-1.84					1.11		1.04
1669	SCCCRT1003C05.g	<i>Uncharacterized protein at2g38710-like</i>		-1.62		-1.7		-1.24		-1.37		-1.45
1670	SCCCRT1003D07.g	<i>B12d protein</i>					-1.41		-1.44		-1.28	-1.93
1671	SCCCRT1003D09.g *	<i>Benzyl alcohol o-benzoyltransferase-like</i>	-1.03					-1.12		-1.59		-2.12
1672	SCCCRT1003E03.g	<i>Dirigent protein</i>			-3.19		-7.41		-4.99			
1673	SCCCRT1003F07.g	<i>Protein transparent testa 12-like</i>								1.15		1.47
1674	SCCCRT1003G08.g	<i>Stress response protein nst1-like</i>										2.43
1675	SCCCRT1003G09.g *	<i>Lysosomal pro-x carboxypeptidase-like</i>							1			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1676	SCCCRT1003H05.g	<i>Collagen triple helix repeat protein</i>		-5.09		-6.38				-2.38		-2.99
1677	SCCCRT1004A07.g	<i>Cortical cell-delineating protein precursor</i>		-2.85		-3.25		-2.6				
1678	SCCCRT1004B07.g	<i>Cation transport protein chac</i>										1.57
1679	SCCCRT1004C05.g	<i>Blue copper protein</i>	5.72		8.07	-2.47	6.01			-2.45		-3.13
1680	SCCCRT1004D09.g	<i>Tpa: pyruvate decarboxylase3</i>				-1.82				3.75		3.83
1681	SCCCRT1004D11.g	<i>Xylanase inhibitor protein 2 expressed</i>								6.09		5.66
1682	SCCCRT1004E02.g *	<i>Btb poz domain-containing protein at1g55760-like</i>								-1.12		
1683	SCCCRT1004F06.g	<i>Aminotransferase class iii superfamily protein</i>				1.02			1.3			
1684	SCCCRT1004G02.g	<i>Uncharacterized protein loc101770291</i>				-1.39						-1.14
1685	SCCCRT1004G10.g	<i>Intracellular protein transport protein uso1-like</i>			1.15		1.23					
1686	SCCCRT1004H04.g *	<i>Protein doublesex-like</i>				1.08	-1.25					
1687	SCCCRT1004H11.g *	<i>Probable calcium-binding protein cml30-like</i>	1.31									
1688	SCCCRT1C01G07.g *	<i>Germin-like protein 12-4-like</i>	3.66	-1.55		-1.91						-1.4
1689	SCCCRT1C02H06.g *	<i>R2r3 myb transcription factor myb-if35</i>		-2.58								
1690	SCCCRT1C03A04.g	<i>-NA-</i>								1.39		1.58
1691	SCCCRT1C03F07.g *	<i>Atp binding protein</i>	1.46	1.22						-1.16		-1.17
1692	SCCCRT1C04A02.g	<i>Early nodulin 93</i>								4.3		4.73
1693	SCCCRT1C04D10.g	<i>Early nodulin 93</i>								3.98		3.79
1694	SCCCRT1C04G12.g	<i>2-aminoethanethiol dioxygenase-like</i>								6.14		7.3
1695	SCCCRT1C06B08.g	<i>Formin-like protein 7-like</i>			1.08							
1696	SCCCRT1C06E09.g *	<i>Probable xyloglucan glycosyltransferase 3-like</i>		-1.82								
1697	SCCCRT1C06G11.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g049730</i>								2.46		2.68
1698	SCCCRT1C06G12.g	<i>Early nodulin 93</i>				-2.73				4.81		4.06
1699	SCCCRT2001A03.g *	<i>Associated with hox family expressed</i>			-1.06							
1700	SCCCRT2001B04.g *	<i>Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>					2.82					
1701	SCCCRT2001D02.g *	<i>Elicitor-responsive protein 3</i>		-2.36								
1702	SCCCRT2001D04.g *	<i>Cortical cell-delineating protein precursor</i>		-3.75		-4.78		-3.44				
1703	SCCCRT2001E06.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>		-2.63	-3.57	-2.74						
1704	SCCCRT2001E07.g	<i>Serine threonine-protein kinase at5g01020-like</i>				-1.6		-1.92				-1.26
1705	SCCCRT2001E09.g *	<i>Cytosolic sulfotransferase 5-like</i>		-3.02								
1706	SCCCRT2001E10.g	<i>Arni repeat-containing</i>				-1.47				-1.38		-1.36
1707	SCCCRT2001E11.g *	<i>Tpa: wd40-like beta propeller repeat family protein</i>					1.12					
1708	SCCCRT2001F03.g	<i>Vignain precursor</i>				-3.8						
1709	SCCCRT2001F08.g	<i>Wrky69 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains</i>		-2.03	-1.71		-2.33		-1.2			-1.66
1710	SCCCRT2001H03.g	<i>Lactoylglutathione lyase</i>			1.34		1.17					
1711	SCCCRT2001H11.g	<i>Adp-ribosylation factor 2-like</i>		-2.67		-2.31		-1.6		-1.7		-1.6
1712	SCCCRT2002A09.g	<i>Alanine aminotransferase</i>								3.07		3.44
1713	SCCCRT2002A12.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g021205</i>		1.36						-1.27		-1.35
1714	SCCCRT2002B03.g	<i>40s ribosomal protein s14</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1715	SCCCRT2002C02.g	<i>Stem-specific protein tsjt1</i>							1.67		2.06	
1716	SCCCRT2002D03.g *	<i>Pathogenesis-related protein prms-like</i>						-1.32				
1717	SCCCRT2002D05.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-2</i>				-3.08		-2.52				
1718	SCCCRT2002E11.g *	<i>Receptor protein kinase 1-like</i>							1.6			
1719	SCCCRT2002F03.g	<i>Amino acid transport protein</i>		2.93	1.56	3.46		2.38				
1720	SCCCRT2002G04.g *	<i>Transketolase 1</i>		-1.65					-1.19		-1.31	
1721	SCCCRT2002G08.g	<i>Protein ruptured pollen grain 1</i>				-2.05						
1722	SCCCRT2002H04.g	<i>Lsg</i>		-2.92		-1.88		-1.57			-1.21	
1723	SCCCRT2002H08.g	<i>Apx3 - peroxisomal ascorbate peroxidase</i>	4.78	2.34	6.65	2.45		2.56				
1724	SCCCRT2002H10.g	<i>Auxin-induced protein 5ng4</i>							2.17		1.96	
1725	SCCCRT2003H12.g *	<i>Aaa-type atpase-like</i>		1.27			1.76		-1.58		-1.32	
1726	SCCCRT2004A03.g *	<i>Beta-glucanase</i>		1.86								
1727	SCCCRT2004A12.g	<i>Dead box rna helicase</i>			-1.01							
1728	SCCCRT2004C04.g	<i>Beta glucanase</i>		-1.57		-2.63						
1729	SCCCRT2004C12.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g019960</i>		1.29	-1.7		1.12		1.3		1.25	
1730	SCCCRT2004D12.g *	<i>Snare domain containing protein</i>						-1.34				
1731	SCCCRT2004E11.g	<i>Peroxidase 15</i>		-2.02		-2.7					-3	
1732	SCCCRT2004G03.g *	<i>Rotamase fkbp 1</i>		-1.74								
1733	SCCCRT2C01C03.g	-NA-									2.25	
1734	SCCCRT2C01C11.g *	<i>Protein binding protein</i>						1.06				
1735	SCCCRT2C02B08.g	<i>Cortical cell-delimiting protein precursor</i>		-3.39		-5.25		-3.05				
1736	SCCCRT2C02D02.g *	<i>F-box protein atrf-like</i>		1.04	-1.5			1.01				
1737	SCCCRT2C02E09.g	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>				-3.58		-3.63				
1738	SCCCRT2C02F08.g	<i>Phosphate transporter pho1-like</i>									1.08	
1739	SCCCRT2C03A04.g	<i>Carotenoid cleavage dioxygenase 8 homolog chloroplastic-like</i>		-2.03		-3.33		-3.36		-1.47	-1.38	
1740	SCCCRT2C04D04.g	<i>Uroporphyrinogen-iii c-methyltransferase-like</i>							3.01		3.29	
1741	SCCCRT2C05F11.g	<i>Endo-beta-xylanase</i>							-1.89		-2.21	
1742	SCCCRT2C06G01.g	<i>Gdsl esterase lipase atg71250-like</i>	2.21	1.68	2.39	1.83						
1743	SCCCRT2C07F05.g	-NA-			1.85	2.21		1.5				
1744	SCCCRT2C07H05.g	<i>1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1-like</i>							3.25		3.29	
1745	SCCCRT2C08E12.g *	<i>Integral membrane family protein</i>		-1.57								
1746	SCCCRT2C09B03.g	<i>Uncharacterized membrane</i>	1.1				1.5					
1747	SCCCRT2C09F10.g *	-NA-			1.19	-1.7	1.95		-1.44			
1748	SCCCRT3001A02.g	<i>Endochitinase a-like</i>									-3.04	
1749	SCCCRT3001C01.g	<i>High affinity nitrate transporter</i>							-1.99		-3.38	
1750	SCCCRT3002G10.g	<i>Hessian fly response gene 1 protein</i>				-5.94						
1751	SCCCRT3003H11.g	<i>Lanc-like protein 2</i>		1.81		1.89		1.95				
1752	SCCCRT3004A10.g	-NA-				-4.68			-5.37		-5.48	
1753	SCCCRT3004C07.g	-NA-				-3.82						
1754	SCCCRT3007A08.g *	<i>Probable carboxylesterase 18-like</i>						-2.63				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1755	SCCCRT3007C11.g	<i>Adipocyte plasma membrane-associated protein</i>							-2.63		-2.55	
1756	SCCCRT3007D01.g	<i>Ribonuclease 1</i>		-3.75		-5.72		-2.91				
1757	SCCCRT3008C02.g	-NA-		-2.84		-3.34				1.84	1.69	
1758	SCCCRT3008C11.g	<i>Pit1</i>	3.96		4.25		4.22					
1759	SCCCRZ1001A02.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g022260</i>	-1.37	2.56		2.64		1.99				
1760	SCCCRZ1001A05.g	-NA-									1.25	
1761	SCCCRZ1001A08.g	<i>Protein translation factor sui1</i>		1.08		1.01				1.41	1.46	
1762	SCCCRZ1001A09.g	<i>Uncharacterized protein loc100277700</i>		-1.1		-2.83		-1.93			-1.06	
1763	SCCCRZ1001A10.g	<i>Pleiotropic drug resistance protein 3-like</i>		-2.09		-1.51		-1.57			-1.27	
1764	SCCCRZ1001B08.g	<i>Triosephosphate isomerase</i>							1.51		1.31	
1765	SCCCRZ1001B11.g *	<i>Gdp-mannose pyrophosphorylase</i>						-1.24			1.02	
1766	SCCCRZ1001B12.g	<i>Probable rhamnose biosynthetic enzyme 1-like</i>							-1.86		-1.91	
1767	SCCCRZ1001C01.g	<i>Fiber protein fb2</i>		1.12		1.41		1.73		1.16	1.13	
1768	SCCCRZ1001C05.g	<i>Phosphoglycerate cytosolic-like</i>								1.66	1.99	
1769	SCCCRZ1001C12.g *	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>	1.48							1.29	1.08	
1770	SCCCRZ1001D02.g	<i>14-3-3-like protein</i>				-1.02						
1771	SCCCRZ1001F02.g	<i>Tonoplast intrinsic protein</i>					1.86		-1.04		-1.07	
1772	SCCCRZ1001F05.g	<i>Transmembrane 9 superfamily member 4-like</i>	-1.4		-1.24		-1.03		-1.43		-1.74	
1773	SCCCRZ1001F10.g *	<i>Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase pin1-like</i>									-1.28	
1774	SCCCRZ1001F11.g	<i>Nadph-dependent reductase</i>			1.43							
1775	SCCCRZ1001G03.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>	1.58		1.48		1.09			-1.31		
1776	SCCCRZ1001G05.g	-NA-	1.57		1.56		1.26		1.14		1.12	
1777	SCCCRZ1001G11.g	<i>Intracellular protein transport protein uso1-like</i>		1.12								
1778	SCCCRZ1001H02.g *	<i>Lipid binding protein</i>			-1.37	1.44		-1.51	-1.86		-1.4	
1779	SCCCRZ1001H04.g *	<i>Histone</i>						-1.05				
1780	SCCCRZ1001H08.g	<i>Beta- partial</i>	-1.24		-1.23		-1.55		-1.44		-1.84	
1781	SCCCRZ1002A04.g	-NA-	2.8		3.26		2.07			-1.14		
1782	SCCCRZ1002A06.g	<i>Serine threonine-protein kinase pepkr2-like</i>				1.25						
1783	SCCCRZ1002A07.g *	<i>Transformation transcription domain-associated</i>	-1.45									
1784	SCCCRZ1002A09.g	<i>Secondary cell wall-related glycosyltransferase family 47</i>							-1.17		-1.57	
1785	SCCCRZ1002A12.g	<i>Udp-glucose 4-epimerase</i>							-1.84		-1.73	
1786	SCCCRZ1002B01.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101759600</i>		-1.6	-2.08	-1.58					1.17	
1787	SCCCRZ1002B05.g *	<i>Coatomer subunit delta</i>	-1.27				-1.15					
1788	SCCCRZ1002B08.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>	1.56		1.42					-1.27		
1789	SCCCRZ1002C03.g	<i>N-acetylglucosaminyltransferase iii</i>			-1.42		-1.58		-1.75		-1.53	
1790	SCCCRZ1002C06.g	<i>Uridylate kinase</i>	-1.62		-1.75				-1.67		-1.72	
1791	SCCCRZ1002D02.g	<i>Phd finger protein</i>	-1.95		-1.44							
1792	SCCCRZ1002E01.g *	<i>Alanine aminotransferase 2</i>	-1.01						2.31		2.42	
1793	SCCCRZ1002E05.g	<i>Pyruvate kinase</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1794	SCCCRZ1002E08.g *	Plasma membrane intrinsic protein	1.38		1.53		1.73					
1795	SCCCRZ1002F04.g	Hypersensitive-induced response protein		-1						1		1.8
1796	SCCCRZ1002F05.g	Ef-hand ca2+-binding protein ccd1		1.23	-1.46							
1797	SCCCRZ1002F06.g	Enolase				-1.04				2.22		2.1
1798	SCCCRZ1002F11.g	Tubulin beta-3 chain-like								-1.08		-1.16
1799	SCCCRZ1002F12.g *	Protein sur2					1.05					
1800	SCCCRZ1002G07.g *	Sucrose synthase 1		-1.6		-1.43						
1801	SCCCRZ1002H05.g *	Early response to dehydration 15-like protein					1.63			1.21		1.37
1802	SCCCRZ1002H08.g *	Surfactant protein b containing protein						-1.07				
1803	SCCCRZ1002H09.g	Nitrilase-associated protein		-1.31		-1.4						
1804	SCCCRZ1002H10.g	Plastocyanin-like domain-containing protein mavicyanin							-1.07		-1.23	
1805	SCCCRZ1003A03.g	Heat shock 70 kda mitochondrial-like			1.02		1.07					
1806	SCCCRZ1003A11.g *	Glutamine synthetase		-1.59				-1.29		1.57		1.62
1807	SCCCRZ1003A12.g	Ferritin- chloroplastic	1.45	2.1	1.25	1.96	1.93					
1808	SCCCRZ1003B05.g *	F-box kelch-repeat protein at2g44130-like			1.13		1.04			1.88		1.95
1809	SCCCRZ1003C02.g	Fiber protein fb34								-1.82		-1.58
1810	SCCCRZ1003D08.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g041830								1.62		2.04
1811	SCCCRZ1003E11.g	Uncharacterized protein loc100274542			1.56		1.32			3.1		2.86
1812	SCCCRZ1003F07.g *	Rna recognition motif family expressed	1.94	1.97	2.07		2.22	1.36		1.72		1.6
1813	SCCCRZ1003H06.g	-NA-		1.84		1.59		1.27				
1814	SCCCRZ1004B07.g *	Dihydrolipoyl dehydrogenase		-1.36								
1815	SCCCRZ1004B12.g	Light-induced protein 1-like	-1.38		-1.31	2.27	-2.16	2.27	-1.2		-1.02	
1816	SCCCRZ1004C02.g	Uncharacterized protein LOC100277442										-1.97
1817	SCCCRZ1004D03.g *	-NA-	-1.9	1.34	-1.52		-1					
1818	SCCCRZ1004D08.g	E3 ubiquitin-protein ligase rglg2-like		-1.37			-1.27					
1819	SCCCRZ1004D09.g	Ras-related protein raba1f-like					-2.04		-2.42		-1.44	
1820	SCCCRZ1004F05.g	Pyruvate dehydrogenase e1 component subunit alpha- chloroplastic-like		-1.08		-1.27		-1.17				-1.67
1821	SCCCRZ1004G01.g	Plant-specific domain tigr01589 family protein	-2.82		-1.79							
1822	SCCCRZ1004G05.g *	Ru large subunit-binding protein subunit chloroplastic-like									-2.17	
1823	SCCCRZ1C01B05.g	Asparagine synthetase			4.2		4.74		3.52			-1.48
1824	SCCCRZ1C01B10.g *	E3 ubiquitin-protein ligase xb3-like			1.18							
1825	SCCCRZ1C01C09.g	-NA-			2.05		1.83		1.63			
1826	SCCCRZ1C01D06.g	F-box protein skp2a-like	2.25	1.66	2.38	2.07	2.34					
1827	SCCCRZ1C01D08.g	Ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1					1.21			2.34		2.73
1828	SCCCRZ1C01E09.g *	Sulfotransferase 17						-1.26		-1.62		-1.94
1829	SCCCRZ1C01F02.g	Probable boron transporter 2-like										1.24
1830	SCCCRZ1C01F10.g	Eukaryotic translation initiation factor 4b										1.54

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1831	SCCCRZ1C01H05.g *	Probable inactive receptor kinase at1g48480-like										
1832	SCCCRZ1C01H10.g *	Cral trio domain sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein		-1.18				-1.18		-1.44		-1.61
1833	SCCCRZ1C02A08.g	Nudix hydrolase 8-like										-2.17
1834	SCCCRZ1C02H05.g	Tpa: metacaspase family protein					-1.01			-1.91	1.23	-2.66
1835	SCCCRZ2001A01.g *	Chaperonin					-1.39					
1836	SCCCRZ2001A05.g *	Metal tolerance protein 4-like		-1.64								
1837	SCCCRZ2001B06.g *	Gtp-binding protein sar1a-like							1.07			
1838	SCCCRZ2001C11.g	Usp family protein										-1.13
1839	SCCCRZ2001C12.g	60s ribosomal protein l23					-1.12				-1.1	
1840	SCCCRZ2001D01.g	Uncharacterized protein loc100275977 precursor		-3.44		-2.81		-1.86		-1.31		-1.73
1841	SCCCRZ2001D03.g	Cysteine proteinase	-1.25		-1.05		-1.5			-1.11		-1.36
1842	SCCCRZ2001D04.g	Long cell-linked locus protein		1.39						-1.29		-1.41
1843	SCCCRZ2001D09.g	Udp-glucuronic acid decarboxylase 1		-1.33		-1.74		-1.42		-1.14		-1.82
1844	SCCCRZ2001E02.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like								-1.36		-1.7
1845	SCCCRZ2001E09.g *	Chaperone protein dnaj 6-like		1.45		1.34	1.14			1.03		
1846	SCCCRZ2001F03.g	Fructose-bisphosphate aldolase								1.86		1.85
1847	SCCCRZ2001F06.g	60s ribosomal protein l11-1										-1.1
1848	SCCCRZ2001F10.g	Aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial-like							-1.94			-1.72
1849	SCCCRZ2001G05.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g001320 [Sorghum bicolor]		-1.3		-2.23		-1.56				
1850	SCCCRZ2001G08.g *	Histone h3					-1.32		-1.87			
1851	SCCCRZ2001H03.g *	Chromatin structure-remodeling complex protein syd-like isoform x3		-1.77								
1852	SCCCRZ2002A07.g	Gtp-binding family protein								-1.64		-1.95
1853	SCCCRZ2002A09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g001350	1.2		1.35						-1.25	
1854	SCCCRZ2002A12.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like			-2.24		-1.13					
1855	SCCCRZ2002B04.g	1-phosphatidylinositol phosphodiesterase-related family protein							-1.05			-1.33
1856	SCCCRZ2002C09.g	Alpha tubulin 1										-1.09
1857	SCCCRZ2002D09.g	Metallothionein-like protein type 2		3.96	1.23	3.56	1.29	2.8			1.29	1.21
1858	SCCCRZ2002D12.g	Probable s-acyltransferase at4g15080-like								1.08		1.1
1859	SCCCRZ2002E04.g *	B12d protein										
1860	SCCCRZ2002E05.g *	Btb poz and taz domain-containing protein 1-like						-1.89				
1861	SCCCRZ2002E11.g	Brain protein 44		-1.43		-1.28						
1862	SCCCRZ2002F04.g	Clathrin heavy chain 1-like		-1.32				-1.2				-1.01
1863	SCCCRZ2002F11.g *	Maternal effect embryo arrest 59	-1.97	2.35	-1.96		-2.64				-1.64	
1864	SCCCRZ2002F12.g *	-NA-	-2.49	-3.96			-3.28					
1865	SCCCRZ2002G02.g	Ornithine aminotransferase				1.39					-1.84	
1866	SCCCRZ2002G06.g	F1f0-atpase inhibitor protein										-1.92

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1867	SCCCRZ2002G07.g	<i>Probable cellulose synthase a catalytic subunit 5</i>		-1.98		-1.18						
1868	SCCCRZ2002G09.g	<i>Lipid binding protein</i>	2.15	2.63	3.81		2.89			-2.44		
1869	SCCCRZ2002G12.g *	<i>Actin-depolymerizing factor 5</i>								1.44		
1870	SCCCRZ2002H08.g	<i>Probable methyltransferase pmt26-like isoform x1</i>				-1.54		-1.32				
1871	SCCCRZ2003A02.g	<i>-NA-</i>				3.91			-1.21			
1872	SCCCRZ2003B05.g	<i>Enzyme of the cupin superfamily</i>		1.34		1.18						
1873	SCCCRZ2003C02.g	<i>Brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 expressed</i>		-2.17	-1.26	-2.26						
1874	SCCCRZ2003D01.g	<i>Ring-h2 finger protein</i>		1.64		1.41		1.12		-1.25		
1875	SCCCRZ2003F06.g	<i>Type 2 metallothionein-like protein</i>		4.02		3.84		2.86				
1876	SCCCRZ2003G03.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-986518</i>				-1.69		-1.38			-1.04	
1877	SCCCRZ2003G11.g *	<i>Udp-glucuronate:xylan alpha-glucuronosyltransferase 2-like isoform x1</i>							-1.09			
1878	SCCCRZ2003H01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g039400</i>			-2.75	-1.29	-3.94					
1879	SCCCRZ2003H07.g	<i>Omega-6 fatty acid endoplasmic reticulum isozyme 2</i>			-1.33		-1.02		-1.17		-1.41	
1880	SCCCRZ2003H09.g	<i>2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha mitochondrial expressed</i>				2.1						
1881	SCCCRZ2004A02.g	<i>Iaa15 - auxin-responsive aux iaa family member</i>							1.44		1.18	
1882	SCCCRZ2004A04.g	<i>Tpa: c3hc zinc finger-like family protein</i>							1.24		1.49	
1883	SCCCRZ2004A06.g	<i>Nadp-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>							2.69		3.11	
1884	SCCCRZ2004A09.g *	<i>Bzip transcription factor superfamily protein</i>							1.37		1.54	
1885	SCCCRZ2004A11.g	<i>Annexin p35</i>								-1.12		
1886	SCCCRZ2004D02.g	<i>Zeta-carotene desaturase</i>							-1.8		-1.82	
1887	SCCCRZ2004D12.g	<i>Uncharacterized protein mitochondrial-like isoform x1</i>		2.22		1.81		1.01		3.61		
1888	SCCCRZ2004E10.g	<i>Cinnamyl alcohol dehydrogenase</i>									-1.42	
1889	SCCCRZ2004F09.g	<i>Acetyltransferase-related family protein</i>							-1.63		-2.23	
1890	SCCCRZ2004G03.g *	<i>Ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1-like</i>							1.1			
1891	SCCCRZ2C01A03.g *	<i>-NA-</i>							2.08			
1892	SCCCRZ2C01A04.g	<i>Cinnamoyl- reductase</i>				-1.31					-1.29	
1893	SCCCRZ2C01A07.g *	<i>Fructose-bisphosphate aldolase</i>			-1.84							
1894	SCCCRZ2C01C04.g	<i>Monosaccharide-sensing protein 2-like</i>				-1.24		-1.23		-1.5		
1895	SCCCRZ2C01D08.g *	<i>Atp binding protein</i>		-1.08			-1.01				-2.06	
1896	SCCCRZ2C01E04.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-541827, partial</i>							5.42		4.97	
1897	SCCCRZ2C01E09.g *	<i>Mitochondrial uncoupling protein 5-like</i>		1.12		1.57			-1.82		-2.23	
1898	SCCCRZ2C01F05.g	<i>Cinnamyl alcohol dehydrogenase</i>							-1.46		-1.78	
1899	SCCCRZ2C01F07.g	<i>Y domain containing expressed</i>			1.74				1.67		2.05	
1900	SCCCRZ2C01G01.g	<i>Stem-specific protein tsjt1</i>								1.67		
1901	SCCCRZ2C01G05.g	<i>-NA-</i>								1.7		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
1902	SCCCRZ2C01H04.g *	Ferritin		1.21	1.87		1.7		1.67			
1903	SCCCRZ2C02C08.g	Acy carrier protein 3								-2.62		-2.38
1904	SCCCRZ2C02F11.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g038510 [Sorghum bicolor]					-2.99		-2.92			-2.34
1905	SCCCRZ2C03A09.g	5-methyltetrahydropteroylglutamate-homocysteine expressed			-1.03		-1.02			-1.61		-1.74
1906	SCCCRZ2C03A12.g	Atp-dependent protease la domain-containing protein								2.23		2.28
1907	SCCCRZ2C03B01.g	Gdsl esterase lipase at5g55050-like		1.71		1.7		1.14				
1908	SCCCRZ2C03B03.g	Lysm domain receptor-like kinase 4-like					1.5					1.09
1909	SCCCRZ2C03B06.g	Uncharacterized loc101205217								-2.25		
1910	SCCCRZ2C03B08.g	Uncharacterized protein LOC100382231								-2.25		-2.61
1911	SCCCRZ2C03B09.g *	Partial	1.37				1.56					
1912	SCCCRZ2C03C04.g	Histone h2a		-1.67		-3.16				-1.32		-1.34
1913	SCCCRZ2C03C05.g *	Chaperone protein dnaj chloroplastic-like								1.33		1.18
1914	SCCCRZ2C03C06.g *	Protein early responsive to dehydration 15-like				1.4				2.23	-2.37	2.52
1915	SCCCRZ2C03D05.g	Glutamate decarboxylase	1.68	2.11	1.35	2.23	1.41	1.48				-1.09
1916	SCCCRZ2C03D08.g *	Anthranilate phosphoribosyltransferase		-1.39	-1.05							
1917	SCCCRZ2C03D10.g *	Tpa: ubiquitin-conjugating enzyme family						-1.41			-1.14	
1918	SCCCRZ2C03D11.g	Rac-like gtp-binding protein 6				-1.11						-1.29
1919	SCCCRZ2C03E03.g	Lipoxygenase homology domain-containing protein 1-like	1.83	1.6	1.97	1.37	2.55	1.31				
1920	SCCCRZ2C03E07.g	Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like			2.39					-1.23		-1.73
1921	SCCCRZ2C03E10.g	Vip1 protein		1.23								-1.2
1922	SCCCRZ2C03E11.g	Ripening-related protein		2.16		1.9						
1923	SCCCRZ2C03F05.g	Phospholipase a2				-2.17						
1924	SCCCRZ2C03F06.g	-NA-					-1.68					
1925	SCCCRZ2C03F09.g	Harpin-induced protein			-1.99							
1926	SCCCRZ2C03F12.g *	Tubulin alpha-3 chain								-1.15		-1.17
1927	SCCCRZ2C03G05.g	Leucoanthocyanidin reductase										-2.78
1928	SCCCRZ2C04A03.g	Iq motif and sec7 domain-containing protein 2										-1.37
1929	SCCCRZ2C04A05.g	Two-component response regulator arr9-like							-1.82			
1930	SCCCRZ2C04C11.g *	F-box domain containing protein								-1.99		
1931	SCCCRZ2C04D05.g *	Iaa24 - auxin-responsive aux iaa family member	1.15									-1.03
1932	SCCCRZ2C04E08.g	Hypothetical protein		2.25		1.57						
1933	SCCCRZ2C04F03.g	Thioredoxin-dependent peroxidase		1.59		1.23		1.09		-1.99		-2.09
1934	SCCCRZ2C04F04.g	Poly -binding protein c-terminal interacting protein 6								2.15	-1.21	2.51
1935	SCCCRZ2C04F05.g *	Map kinase		-1.47								-1
1936	SCCCRZ2C04F07.g	Ozone-responsive stress related protein		-1.02		-1.49		-1.39				
1937	SCCCRZ2C04G10.g *	Map kinase										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1938	SCCCRZ2C04H07.g *	<i>Histone h1</i>		1.04			1.07		1.29		1.18	
1939	SCCCRZ2C04H09.g *	<i>Serine carboxypeptidase-like 19-like</i>					-1.2					
1940	SCCCRZ2C04H10.g	<i>Dcn1-like protein 2</i>							2.13		2.56	
1941	SCCCRZ3001B03.g	<i>Myb-related protein myb4-like</i>							-1.69		-1.7	
1942	SCCCRZ3001D06.g	<i>Norphototropic hypocotyl protein expressed</i>	-1.13		-1.3		-1.75					
1943	SCCCRZ3001D07.g	<i>Uncharacterized protein loc100278585</i>			1.27		1.13					
1944	SCCCRZ3001F12.g	<i>Serine carboxypeptidase 1 precursor</i>							-1.16		-2.09	
1945	SCCCRZ3001H05.g	<i>Rna-binding protein</i>	1.45		2.78		1.31		2.47			
1946	SCCCRZ3002B06.g	<i>Upf0051 protein chloroplastic-like</i>			1.09				1.08		1.56	
1947	SCCCRZ3002D01.g	<i>Poly polymerase</i>								1.3		1.75
1948	SCCCRZ3002D09.g	<i>Cdp-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase</i>										-1.43
1949	SCCCRZ3002E05.g *	<i>Protein argonaute 2-like</i>							1.65			
1950	SCCCRZ3002F04.g *	<i>Beta-hexosaminidase 2-like</i>			-1.81					-3.97		-4.8
1951	SCCCRZ3002F07.g	<i>Uncharacterized membrane protein at1g06890-like</i>			-2.87		-3.2			-1.58		-1.9
1952	SCCCRZ3002G10.g	<i>Cysteine proteinase inhibitor 8-like</i>								2.69		2.55
1953	SCCCRZ3003A05.g	<i>Serine carboxypeptidase family expressed</i>	-2.42				-1.89		-2.85			
1954	SCCCRZ3003B01.g	<i>Mitochondrial carrier protein cgt-69</i>						1.16				
1955	SCCCRZ3003B11.g	<i>Abc transporter a family member 2-like</i>								1.66		1.52
1956	SCCCRZ3003C09.g	<i>Probable gmp synthase</i>						-2.26			-1.11	-1.08
1957	SCCCRZ3003E03.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-816954</i>			-1.25			-2.47				
1958	SCCCRZ3003G03.g	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>						-1.58			-1.32	-1.66
1959	SCCCRZ3004C06.g	<i>Nad kinase 1</i>					2.52		2.76			
1960	SCCCRZ3004D03.g	<i>Alpha-galactosidase precursor</i>	1.84				2.12		2.68		2.24	
1961	SCCCRZ3004E08.g *	<i>Mitochondrial uncoupling protein 5-like</i>			1.55					-3.38		-3.91
1962	SCCCRZ3004E09.g *	<i>Mitogen-activated protein kinase kinase kinase a-like</i>						-2.25		-2.39		-1.16
1963	SCCCRZ3004F03.g *	<i>Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase mitochondrial-like</i>							-1.55			-1.44
1964	SCCCRZ3004F06.g	<i>PREDICTED: metacaspase-1-like</i>					-1.04					-3.01
1965	SCCCRZ3004G04.g *	<i>Protein tolb</i>			1.68			1.96		1.51		-1.09
1966	SCCCRZ3097C11.g	<i>-NA-</i>						-2.06				-1.68
1967	SCCCRZ3097D07.g *	<i>Probable inactive purple acid phosphatase 29-like</i>			-1.75							
1968	SCCCRZ3C09B09.g *	<i>-NA-</i>								2.49		
1969	SCCCRZ3C09C09.g	<i>Avr9 cf-9 rapidly elicited protein 137</i>					1.41			-1.27		-1.66
1970	SCCCSB1001A12.g	<i>U-box domain-containing protein 19-like</i>					2.51		1.83		1.28	
1971	SCCCSB1002A01.g	<i>7 protein</i>								-1.74		-2.6
1972	SCCCSB1002C02.g	<i>Abc transporter f family member 1-like</i>	1.61		1.49		1.93		1.97		1.94	
1973	SCCCSB1002F02.g	<i>Uncharacterized protein loc100274864</i>			-2.61			-2.05			-1.91	-1.97
1974	SCCCSB1002H04.g	<i>Two-component response regulator-like prr1</i>				-1						
1975	SCCCSB1003B11.g *	<i>Vegetative cell wall protein gp1-like</i>			1.49		1.46		1.75		1.97	1.26

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
1976	SCCCSB1003D09.g	<i>Protein iq-domain 14-like</i>					-1.95				-1.52	-1.73
1977	SCCCSB1004A06.g	-NA-										4.88
1978	SCCCSB1004G01.g	<i>Slt1 protein</i>										1.5
1979	SCCCSD1001H06.g	<i>Cbl-interacting protein kinase 14</i>					1.86					
1980	SCCCSD1002C08.g	<i>Mterf-like protein isoform 2</i>				-1.3						
1981	SCCCSD1003E02.g	<i>Pathogenesis-related protein 5</i>					2.17					
1982	SCCCSD1089C04.g	<i>Organic cation transporter</i>									2.49	
1983	SCCCSD1089G04.g	<i>Ferredoxin- chloroplastic-like</i>				1.13						
1984	SCCCSD1089G05.g	<i>Early light-induced protein</i>	3.67			4.64		1.04		1.21	2.38	1.19
1985	SCCCSD1090B12.g *	<i>Protein fes1a</i>				1.26			1.29			4.14
1986	SCCCSD1090H11.g *	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like</i>		-1.84								
1987	SCCCSD1092H04.g	<i>Senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1</i>	1.75			1.49		2.26				
1988	SCCCSD1093F07.g	-NA-			2.04		2.03		1.9			
1989	SCCCSD1094E07.g	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>			3.96	1.17	3.49		2.39			
1990	SCCCSD1094G08.g	<i>Uncharacterized loc101211273</i>		1.54		2.67						
1991	SCCCSD1095C06.g *	-NA-		5.07								
1992	SCCCSD1096F03.g	-NA-										-3.93
1993	SCCCSD2001A06.g	<i>Root phototropism protein 2-like</i>								1.78		2.39
1994	SCCCSD2001E05.g *	<i>Thaumatin-like protein</i>			-2.98							
1995	SCCCSD2001G01.g *	<i>Peptide transporter ptr2</i>	3.11	3.68								-3.05
1996	SCCCSD2002A11.g	<i>Pumilio homolog chloroplastic-like</i>	-1.24			1.32						-1.16
1997	SCCCSD2002B07.g	-NA-				-1.13						
1998	SCCCSD2002C05.g *	<i>Wound-induced serine protease inhibitor</i>										-3.48
1999	SCCCSD2002D01.g	<i>Tpa: wak receptor-like protein kinase family protein</i>									2.08	2.31
2000	SCCCSD2003C05.g	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>									2.37	2.16
2001	SCCCSD2003F10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g004280</i>				2.35	1.68	1.99			1.47	1.26
2002	SCCCSD2090G06.g	-NA-									-2.21	-2.33
2003	SCCCSD2092A12.g	<i>Thylakoid membrane protein slr0575-like</i>			1.36							
2004	SCCCSD2C04B03.g	<i>26 kDa endochitinase 1</i>		2.19		3.08						
2005	SCCCST1001A04.g	<i>Amino acid carrier</i>			-2.15		-2.78		-2.59			
2006	SCCCST1001A11.g	-NA-		3		2.34		2.41				
2007	SCCCST1001B11.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein 1</i>										2.13
2008	SCCCST1001C01.g *	<i>E3 ubiquitin-protein ligase ring1-like</i>									-1.01	-1.03
2009	SCCCST1001C03.g	-NA-					-2.03					-1.28
2010	SCCCST1001C11.g	<i>Ferric-chelate reductase 1-like</i>			-2.22		-2.08				-1.89	-2.33
2011	SCCCST1001E12.g	<i>Villin-1-like</i>										-2.07
2012	SCCCST1001H07.g	<i>40S ribosomal protein sa</i>									-1	
2013	SCCCST1002D05.g *	<i>Plant-specific domain tigr01627 family protein</i>							1.2		-1.4	-2.21
2014	SCCCST1002D07.g	<i>Glyoxalase i</i>			1.65		1.48				1.73	
2015	SCCCST1002D08.g	<i>Probable xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein 23-like</i>		2.17		2.34					1.65	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2016	SCCCST1003D04.g	<i>Probable methyltransferase pmt18-like</i>					-1.14					
2017	SCCCST1003G09.g	<i>Branched-chain-amino-acid aminotransferase-like protein chloroplastic-like</i>								6.17		5.17
2018	SCCCST1003H06.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g63430-like</i>										-1.72
2019	SCCCST1003H10.g *	-NA-									-2.77	
2020	SCCCST1004A01.g	<i>Atp-citrate synthase</i>		-1.98			-2.08		-1.6			-1.51
2021	SCCCST1004A05.g *	<i>Nucleotide binding protein</i>		2.37								
2022	SCCCST1004A07.g *	<i>Serine threonine protein kinase sapk4</i>					1.33	1.16				
2023	SCCCST1004B07.g	<i>Subtilisin-like protease-like</i>			1.78		1.89		1.81			
2024	SCCCST1004B12.g	<i>Bel1-type homeodomain protein</i>	-1.21		-1.79		-1.08					
2025	SCCCST1004E02.g	<i>Pentatricopeptide repeat superfamily protein</i>										-1.09
2026	SCCCST1004E07.g	<i>Tpa: glycine-rich cell wall structural protein 2</i>		1.28						2.01		1.46
2027	SCCCST1005A12.g *	<i>Acyl-acp thioesterase family protein</i>	2.99									
2028	SCCCST1005B11.g	<i>Ring-h2 finger protein atl5a</i>		2.2			1.46					
2029	SCCCST1006A11.g	<i>Glycine dehydrogenase</i>		-1.09								
2030	SCCCST1006B01.g	<i>6-phosphofructokinase 3</i>								4		4.52
2031	SCCCST1006D11.g	<i>Zn-dependent including glyoxylase</i>					2.42		2.27			
2032	SCCCST1006G03.g *	<i>Ras-related protein rhn1</i>										
2033	SCCCST1007A09.g	<i>Glucan endo -beta-glucosidase 7-like</i>	2.63	1.56	3	1.65	3.09	1.41				
2034	SCCCST1007H08.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>		-2.48		-2.03				-1.88		-3.01
2035	SCCCST1007H11.g *	<i>Ras-related protein rabe1c-like</i>		-1.26								-1.07
2036	SCCCST1008B08.g *	<i>Ribonucleoprotein chloroplastic-like</i>		2.39								
2037	SCCCST1008D06.g	<i>Water chloroplastic-like</i>			-1.32							
2038	SCCCST1008G10.g	<i>Amino acid permease 3-like</i>		1.9		1.54		1.07				
2039	SCCCST1008H01.g *	<i>Gda2 protein</i>					1.4					
2040	SCCCST1C02F06.g	<i>Cysteine protease</i>			-1.85		-1.78					-1.31
2041	SCCCST1C04A09.g	<i>Proteinfaf- chloroplastic-like</i>				-1.89						1.03
2042	SCCCST1C04H09.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g035720</i>										-2.34
2043	SCCCST1C06A07.g *	<i>Aldehyde dehydrogenase family 2 member c4-like</i>		-1.05						-1.66		-1.72
2044	SCCCST1C06G09.g *	<i>Glyoxylate reductase</i>	1.12				1.38					
2045	SCCCST2001A03.g *	<i>R40c1 protein - rice</i>		1.88		1.67	2.85	1.6	-1.4			-1.41
2046	SCCCST2001C03.g *	<i>Probable peptide nitrate transporter at1g62200-like isoform x2</i>		-2.36					-1.94			
2047	SCCCST2001C09.g	<i>Rubber elongation factor family protein</i>		1.64		1.07				1.17		
2048	SCCCST2002A02.g *	<i>Spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	2.3	2.98	3.9	2.6	2	1.91			1.96	
2049	SCCCST2002A09.g	<i>-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase-like</i>			4.04	4.2	2.62		-3.36			-3.34
2050	SCCCST2002C01.g	<i>Glutathione transferase</i>								1.45		1.49
2051	SCCCST2002D08.g *	<i>O-methyltransferase zrp4</i>					-1.1	-2.1		-2.42		-4.05
2052	SCCCST2002F04.g	<i>Glycerol-3-phosphate transporter 1-like</i>							1.4	1.28	1.53	1.77

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2053	SCCCST2002G06.g	<i>Protein binding</i>			1.12							
2054	SCCCST2003C10.g	<i>Tpa: aap7</i>				2.48		2.68				
2055	SCCCST2003C12.g	<i>Alcohol dehydrogenase 1</i>			2.23		2.66		1.59		2.93	2.7
2056	SCCCST2003G03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g040850</i>										-1.86
2057	SCCCST2004A03.g	<i>Shikimate kinase</i>			-1.32		-1.25					-1.28
2058	SCCCST2004A04.g *	<i>Tubulin alpha-3 chain</i>								-1.39		
2059	SCCCST2004F12.g	<i>F-box fbd lrr-repeat protein at4g03220-like</i>				1.71						
2060	SCCCST2004G03.g	<i>Uncharacterized protein loc101771686</i>				-1.44				3.62		3.57
2061	SCCCST3001A06.g	<i>Senescence-associated family protein</i>								-2.42		-2.55
2062	SCCCST3001A07.g	<i>Scarecrow-like protein 8-like</i>	2.25		2.02		2.43					
2063	SCCCST3001B05.g	-NA-				-1.6		-1.31				-1.09
2064	SCCCST3001B06.g *	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101764029 isoform X1</i>							2.43			
2065	SCCCST3001B07.g	-NA-			2.52		3.28					-3.13
2066	SCCCST3001B11.g *	<i>Two-component response regulator-like prr73</i>			-1.89							
2067	SCCCST3001C06.g	<i>Filament-like plant protein 4-like isoform x1</i>			-2.13		-1.7					
2068	SCCCST3001C08.g *	<i>Ferredoxin- chloroplastic-like</i>								1.44		1.62
2069	SCCCST3001E10.g *	<i>Susceptibility homeodomain transcription factor</i>								-1.01		-1.1
2070	SCCCST3001F09.g	<i>Aluminum-activated malate transporter 10-like</i>								1.68		2.14
2071	SCCCST3001H11.g	<i>16kda membrane protein</i>			-1.16							
2072	SCCCST3001H12.g *	<i>Tpa: plasma membrane intrinsic protein2</i>		1.57								
2073	SCCCST3002D03.g *	<i>Extensin-like cell wall protein</i>	4.58	-2.37		-2.42		4.71		-1.72		-2.28
2074	SCCCST3002E02.g	<i>Vamp protein sec22</i>		-2.2		-2.42				-1.28		-2.05
2075	SCCCST3002E03.g	<i>Probable peptide nitrate transporter at5g13400-like</i>				1.64						
2076	SCCCST3002E04.g	<i>Cobra-like protein 5-like</i>		-2.52		-1.69						-1.18
2077	SCCCST3002H03.g *	<i>Abscisic stress ripening</i>					1.13					
2078	SCCCST3002H10.g	<i>Uncharacterized membrane protein at1g16860-like</i>			-1.76					-1.37		-1.84
2079	SCCCST3003D12.g	<i>Zinc finger</i>			-1.14							
2080	SCCCST3004H05.g	<i>Probable inactive purple acid phosphatase 1-like</i>								2.36		2.32
2081	SCCCST3005C10.g *	<i>Chloride channel protein</i>					2.62			-2.27		-2.98
2082	SCCCST3005D09.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>								-3.22		-5.55
2083	SCCCST3005E05.g	<i>Rab6-interacting golgin-like</i>				-2.75				-1.5		-1.49
2084	SCCCST3005E08.g	<i>Peroxidase 70-like</i>								-2.54		-3.12
2085	SCCCST3005F09.g	<i>Nac domain-containing protein 8-like</i>			-2.46					-1.94		-2.31
2086	SCCCST3005H10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g000250</i>			-1.01							
2087	SCCCST3006A04.g	<i>Soluble acid invertase</i>	7.16		5.85		6.31			-2.31		-2.34
2088	SCCCST3006B11.g *	<i>Udp-glucuronate:xyilan alpha-glucuronosyltransferase 2-like isoform x2</i>								-1.04		-1.34
2089	SCCCST3006E12.g	<i>Auxin-induced in root cultures protein 12-like</i>		-1.45		-1.73		-1.43		-1.36		-1.61
2090	SCCCST3006H07.g	<i>Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1-like</i>			1.03							-1.16
2091	SCCCST3083E07.g *	<i>Cystathionine gamma-synthase</i>					-1.06					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2092	SCCCST3144E01.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor</i>		-1.91		-1.57				-1.21		-1.66
2093	SCCCST3144G03.g *	<i>Kynurenone formamidase-like</i>	1.95				1.55					
2094	SCCCST3C01H09.g	-NA-										-1.57
2095	SCCCST3C02F08.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>				-1.18				-1.33		-1.74
2096	SCCCST3C04D06.g *	<i>Cytochrome p450 76c2</i>								-1.3		-1.63
2097	SCCCST3C04E01.g *	<i>Tpa: duf869 domain containing family protein</i>		-1.77								
2098	SCCCST3C07B10.g	-NA-								-3.16		-3.85
2099	SCCCST3C11D03.g	<i>Alpha beta fold family expressed</i>								-2.89		-3.13
2100	SCCCST3C11F07.g	<i>Lux</i>			-1.52							
2101	SCEPAM1015C09.g	<i>Broad-range acid phosphatase det1-like</i>										-1.7
2102	SCEPAM1015E08.g	<i>Peroxidase 1-like</i>		-3.18		-3.24				-1.82		-2.23
2103	SCEPAM1015H10.g	-NA-				3.78						
2104	SCEPAM1016A12.g	<i>Hypothetical protein</i>				2.25						
2105	SCEPAM1017D02.g	<i>Guanine nucleotide-binding protein alpha-2 subunit</i>			-1.55							
2106	SCEPAM1017E02.g	<i>Wall-associated receptor kinase 2-like</i>			-4.11		-4.33					
2107	SCEPAM1017F06.g *	<i>Myb transcription factor 1</i>		1.71								
2108	SCEPAM1017H07.g	<i>Translation initiation factor if-2</i>				-2.5		-2.66				
2109	SCEPAM1018F04.g	<i>Chloroplast post-illumination chlorophyll fluorescence increase protein</i>	-1.76		-2.07		-1.49					
2110	SCEPAM1018G02.g	<i>Protein yls7-like</i>		-2.41		-2.34		-2.29		-2.56		-3.37
2111	SCEPAM1021C06.g	<i>Ribosome-inactivating protein</i>				1.79		1.41				
2112	SCEPAM1021D01.g	<i>Glucan endo- beta-glucosidase 8-like</i>										-1.62
2113	SCEPAM1022B09.g	-NA-			-1.67							
2114	SCEPAM1022D01.g	<i>Anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>								2.33		2.2
2115	SCEPAM1023B01.g *	<i>Abc transporter b family member 20-like</i>		-1.58								
2116	SCEPAM1023G03.g	<i>Probable calcium-binding protein cml32-like</i>				-2.38						
2117	SCEPAM1023G09.g *	<i>Uncharacterized protein LOC100276174</i>	4.63							-2.52		-3.85
2118	SCEPAM1024D09.g	<i>6-phosphofructokinase 3-like</i>				-2				3.78		4.11
2119	SCEPAM1024F10.g *	<i>Protein doublesex-like</i>		1.14		1.18		1.2				
2120	SCEPAM1024H02.g *	<i>PREDICTED: lipase-like</i>					2.61					
2121	SCEPAM1051D07.g *	<i>Polyphenol oxidase</i>	-1.17									
2122	SCEPAM1053B04.g	<i>Quercetin 3-o-glucoside-6 -o-malonyltransferase</i>		2.12		1.73		1.5				
2123	SCEPAM1053F09.g *	<i>Chalcone-flavonone isomerase</i>						-2.09				
2124	SCEPAM1054A04.g *	<i>N-rich protein</i>					1.94					
2125	SCEPAM2011D11.g	<i>Dna (cytosine-5)-methyltransferase 3-like</i>				-3.85						
2126	SCEPAM2011H02.g *	<i>Phosphate transporter</i>				-1.92				-1.68		
2127	SCEPAM2012B02.g	<i>Glycogenin-like protein</i>				-1.33						
2128	SCEPAM2012F04.g *	<i>Cbl-interacting serine threonine-protein kinase 9</i>					1.25					
2129	SCEPAM2012F05.g	<i>Uncharacterized loc101210921</i>				-3.63						
2130	SCEPAM2012F09.g	<i>Protein ndr1-like</i>				-1.77		-1.46				-1.14
2131	SCEPAM2013C03.g *	<i>Ked-like protein</i>							-1.46			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2132	SCEPAM2013C08.g	<i>Cinnamyl alcohol dehydrogenase 5</i>	2.37		2.5		2.62					
2133	SCEPAM2013H06.g *	<i>Zinc finger cccch domain-containing protein 33-like</i>		1.28			1.53					
2134	SCEPAM2014A10.g	<i>Initiator binding protein</i>							1.36		1.29	
2135	SCEPAM2014C07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g019910</i>							2.25		2.31	
2136	SCEPAM2014D05.g *	<i>Disease resistance protein rga3</i>		-2.38								-1.44
2137	SCEPAM2014D11.g	<i>Uncharacterized protein loc101771982</i>				-2.18		-2.48				
2138	SCEPAM2015F01.g *	<i>Auxin response factor 1</i>		-1.22								
2139	SCEPAM2015H07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g001620</i>		1.87	2.54		6.18			-1.59		-2.89
2140	SCEPAM2053G11.g	<i>Amino acid permease 3-like</i>		2.01						-1.81		-2.33
2141	SCEPAM2053H09.g *	-NA-						-1.84				
2142	SCEPAM2054G11.g *	-NA-		-2.4		-1.47				-1.78		
2143	SCEPAM2055G05.g	<i>Filament-like plant protein 4-like</i>				-1.61						
2144	SCEPAM2055H02.g	<i>Legumin-like protein</i>		1.04		1.24		1.04				
2145	SCEPAM2056E04.g	<i>Uncharacterized membrane protein ymr155w-like</i>		1.5		1.59		1.25				
2146	SCEPAM2057G02.g	<i>Uncharacterized protein LOC100278090 precursor</i>									1.59	
2147	SCEPAM2057G03.g	<i>Uncharacterized protein loc100277582</i>				-1.2		-1.43		-1.34		-1.32
2148	SCEPCL6018D08.g	<i>Tpa: homeobox dna-binding and leucine zipper domain family protein</i>		-1.26		-1.45					1.1	
2149	SCEPCL6018E05.g *	<i>Chitinase</i>		2.3				2.04				
2150	SCEPCL6018H02.g	<i>6-phosphofructokinase 3</i>							3.85		4.36	
2151	SCEPCL6018H10.g	<i>Cytochrome p450 cyp727a4</i>				1.51						
2152	SCEPCL6019B10.g	<i>Gdp-mannose pyrophosphorylase</i>		2.77	-1.44	2.73	-1.29			1.36		1.42
2153	SCEPCL6019C02.g	<i>Leucine-rich repeat-containing protein ddb-g0290503-like</i>							1.32		1.42	
2154	SCEPCL6019C11.g *	<i>Dna-binding protein phosphatase 2c</i>		-1.53				-1.48				
2155	SCEPCL6020E05.g	<i>Homogentisate -dioxygenase</i>					2.58					
2156	SCEPCL6020F07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g005990</i>		1.58		1.74	1.48					
2157	SCEPCL6021A04.g	<i>Early light-induced protein</i>		2.9		3.8				1.21		4.53
2158	SCEPCL6021C08.g	<i>Cellular retinaldehyde-binding triple c-terminal</i>									1.28	1.7
2159	SCEPCL6021C11.g *	<i>Transposase</i>									4.34	5.07
2160	SCEPCL6023A11.g	<i>Uncharacterized loc101222223</i>										3.35
2161	SCEPCL6023B11.g	<i>Probable lysine-specific demethylase jmj14-like</i>										
2162	SCEPCL6023C05.g *	<i>Ubiquinone biosynthesis protein coq-</i>			-1.92							
2163	SCEPCL6023D03.g	<i>Uncharacterized protein loc101780010 isoform x2</i>					-1.88		-2.82		-1.59	-1.68
2164	SCEPCL6023F02.g *	<i>Sucrose synthase 1</i>		1.68	2.07	1.94	3	1.69	2.1		-1.28	
2165	SCEPCL6023G01.g	<i>Tpa: glycolipid transfer protein family protein</i>									2.62	
2166	SCEPCL6023G11.g	<i>Cationic peroxidase spc4-like</i>			5.33		3.87		3.42			-1.68
2167	SCEPCL6023H02.g	<i>Aconitase hydratase 1</i>					3.5		2.98			
2168	SCEPFL3080D05.g *	-NA-		2.72							-2.38	-3.75
2169	SCEPFL3082E05.g	<i>Alpha-L-fucosidase 2 precursor</i>										
2170	SCEPFL3084B12.g *	<i>Somatic embryogenesis protein kinase 1</i>						-1.46				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2171	SCEPFL3087G08.g	<i>Probable carotenoid cleavage dioxygenase chloroplastic-like</i>			-1.19							
2172	SCEPFL4173E10.g	<i>Bzip transcription factor abi5</i>								-3.01		-3
2173	SCEPFL4174G12.g *	<i>Dead box rna helicase</i>			-1			-1.24				
2174	SCEPFL4176D07.g *	<i>Type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase cvp2</i>								-2.12		
2175	SCEPFL4178B08.g	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at1g68400-like</i>								-2.3		-2.86
2176	SCEPFL4178D12.g *	<i>Hypothetical protein</i>						4.13				
2177	SCEPFL4178F08.g *	<i>Clathrin heavy chain 1</i>			-1.66							-1.64
2178	SCEPFL4180E10.g	<i>Hydroperoxide lyase</i>		-1.57								
2179	SCEPLB1041B09.g	<i>Glucose-6-phosphate 1- chloroplastic-like</i>			-1.43							
2180	SCEPLB1041G03.g	-NA-			2.3							
2181	SCEPLB1041G08.g *	<i>Pg1 homology to homo sapiens</i>		3.2						2.39		2.26
2182	SCEPLB1042B03.g	<i>Heavy metal-associated isoprenylated plant protein 26-like</i>										
2183	SCEPLB1042F08.g	<i>Glutathione s-transferase 3-like</i>			-1.03							-1.02
2184	SCEPLB1042G03.g	-NA-										1.28
2185	SCEPLB1042H12.g	<i>Uncharacterized protein loc101785677</i>			-1.51			-1.71		-2.34		-2.54
2186	SCEPLB1043E09.g	<i>Rab gdp dissociation inhibitor alpha</i>								-1.36		-1.62
2187	SCEPLB1043F06.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-2</i>		2.61		1.81		2.35				
2188	SCEPLB1043G04.g	<i>Udp-glycosyltransferase 85a2-like</i>										-3.58
2189	SCEPLB1043G07.g	<i>Early nodulin 93</i>			-3.01					4.57		4.64
2190	SCEPLB1043G09.g *	-NA-					-1.11					
2191	SCEPLB1043H10.g	<i>Fibrillarin 2</i>										-1.02
2192	SCEPLB1044A08.g	<i>Esterase precursor</i>		-1.52		-2.15		-1.8		-1.43		-2.03
2193	SCEPLB1044D11.g	<i>Plant-specific domain tigr01615 family protein</i>		1.74		1.48		1.34				
2194	SCEPLB1044E03.g *	<i>Nucleoside transporter</i>		-1.19								
2195	SCEPLB1044G12.g	<i>Heavy metal transporter 3</i>										-1.27
2196	SCEPLB1044H04.g	<i>Nonspecific lipid-transfer protein precursor</i>		5.26		5.78						
2197	SCEPLR1008A10.g *	<i>Iaa31 - auxin-responsive aux iaa family member</i>		-1.47				-1.57				
2198	SCEPLR1008E04.g	-NA-		1.61		2.09		2.01		1.9		2.53
2199	SCEPLR1008G07.g	-NA-			3.09	3.31	3.05	2.6	3.36			
2200	SCEPLR1008G10.g	<i>Zinc finger cch domain-containing protein 40-like</i>								1.06		1.07
2201	SCEPLR1030A02.g *	<i>Rubber elongation factor family protein</i>		1.83						1.89		1.89
2202	SCEPLR1030C10.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 16-like</i>		-1.4		-1.64						-1.09
2203	SCEPLR1030D01.g	-NA-			2.15	1.6			1.21			
2204	SCEPLR1030D05.g *	<i>Zinc-finger protein wzf1</i>					2.35					
2205	SCEPLR1030F01.g	<i>Nucleosome assembly protein 1-like 1-like</i>										-1.14
2206	SCEPLR1030F03.g	<i>Uncharacterized membrane protein at1g16860-like</i>				-1.91				-1.24		
2207	SCEPLR1030F06.g	<i>Probable rhamnose biosynthetic enzyme 1-like</i>				-1.38				-1.54		-1.95
2208	SCEPLR1030F09.g	<i>Catalytic protein phosphatase type 2c</i>		-1.07								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2209	SCEPLR1030F10.g	<i>Brain protein 44-like protein</i>									-4.16	-3.66
2210	SCEPLR1030G02.g *	<i>Unknown</i>									-2.24	
2211	SCEPLR1030G05.g *	-NA-			1.71		1.43					
2212	SCEPLR1030G07.g	-NA-				2.46		2.49				
2213	SCEPLR1030G10.g	<i>Probable receptor-like protein kinase at5g18500-like</i>			-2.71		-1.86		-1.36		-1.13	-1.41
2214	SCEPLR1030H02.g	<i>Acc oxidase</i>					-3.02		-2.77			
2215	SCEPLR1030H05.g	-NA-					-1.83					
2216	SCEPLR1030H10.g	<i>Mitogen-activated protein kinase 7-like</i>	1.44		1.13			1.5				
2217	SCEPLR1051A01.g *	<i>Probable ran guanine nucleotide release factor-like</i>							1.72			
2218	SCEPLR1051A07.g	<i>Trehalose-6-phosphate phosphatase</i>		-1.88			-2.96		-3.28			
2219	SCEPLR1051B04.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 2-like</i>					-1.69				-1.36	
2220	SCEPLR1051B12.g	<i>Uncharacterized wd repeat-containing</i>	2.38		2			2.22			3.52	4.04
2221	SCEPLR1051C09.g *	<i>Cysteine proteinase inhibitor</i>		1.21			1.22					
2222	SCEPLR1051C10.g	<i>Ef-hand containing protein</i>		3.05			3.9			3.54		
2223	SCEPLR1051D05.g	<i>Calreticulin precursor</i>	-1.05	-1.5	-1.1		-1.44		-1.25		-1.45	-1.48
2224	SCEPLR1051F11.g *	<i>Brefeldin a-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 5-like</i>		-1.4								
2225	SCEPLR1051G01.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>									-1.22	
2226	SCEPLR1051G07.g	-NA-					-1.77					
2227	SCEPLR1051G11.g	<i>Ocs element-binding factor 1-like</i>							-1.09			
2228	SCEPLR1051H07.g *	<i>Golgi-body localization protein domain isoform 1</i>			-1.66							
2229	SCEPLR1051H12.g	<i>Histone h4</i>					-1.99					
2230	SCEPRT2043A06.g	<i>Pbs lyase heat-like repeat family expressed</i>										1.24
2231	SCEPRT2043B01.g	<i>Beta-expansin 1a precursor</i>		-3.62			-4.48		-3.32		1.17	1.1
2232	SCEPRT2043B02.g	<i>Pinus taeda anonymous locus cl64contig1-07 genomic sequence</i>				2.25						
2233	SCEPRT2043C06.g *	<i>Tpa: hlh dna-binding domain superfamily protein</i>	-1.62					-1.14				-1.47
2234	SCEPRT2043E12.g	<i>Sulfate transporter -like</i>		2.19			2.29		2			
2235	SCEPRT2043G11.g	<i>Early nodulin 93</i>					-2.17				4.69	4.58
2236	SCEPRT2043H03.g *	<i>Abscisic stress ripening</i>						1.15				
2237	SCEPRT2043H06.g	<i>Wrky69 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains</i>					-1.81		-2.52		-1.12	-1.58
2238	SCEPRT2044A09.g	<i>C2 domain-containing protein</i>					-1.56					-1.36
2239	SCEPRT2044A10.g	<i>Proton-coupled amino acid transporter 3-like</i>		1.2			1.64		1.37			
2240	SCEPRT2044A11.g	-NA-									2.09	2.78
2241	SCEPRT2044B07.g *	<i>Cytochrome p450 93a1-like</i>			-2.12		-2.47		-2.18		-1.54	
2242	SCEPRT2044E09.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-419311, partial</i>									1.87	2.14
2243	SCEPRT2044F05.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>									1.14	1.46
2244	SCEPRT2046A05.g	<i>F-box lrr-repeat protein 23-like</i>									2.25	2.08
2245	SCEPRT2046F01.g *	<i>Tpa: protein kinase superfamily protein</i>		-1.77							-2.44	
2246	SCEPRT2046F04.g *	<i>Cinnamoyl- reductase</i>	-1.2					-1.15				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2247	SCEPRT2046G08.g	<i>Metacaspase 2</i>								1.16		
2248	SCEPRT2047E02.g	<i>Protein lurp-one-related 15-like</i>			-1.29	-1.17			1.1	1.88	1.76	1.69
2249	SCEPRT2047E12.g *	<i>-NA-</i>		1.08								
2250	SCEPRT2047F01.g	<i>Glutathione s-transferase 4-like</i>		-1.28		-2.62					-1.05	
2251	SCEPRT2047F02.g *	<i>Phytoene synthase 2</i>	3.64	-2.85		-3.51		-2.41	1.02	-2.13	1.3	-2.17
2252	SCEPRT2047G06.g	<i>Respiratory burst oxidase protein b</i>								4.92		4.88
2253	SCEPRT2047G12.g	<i>Quinone-oxidoreductase chloroplastic-like</i>								6.23		5.68
2254	SCEPRT2047H08.g	<i>Gibberellin 2-oxidase</i>								2.09		2.26
2255	SCEPRT2048A01.g *	<i>Nodulin-like protein</i>					-1.07					
2256	SCEPRT2048A10.g	<i>Nodulin-like protein</i>							-2.2	1	-1.89	
2257	SCEPRT2048C12.g	<i>Pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like</i>	1.7		1.42		1.7					
2258	SCEPRT2048D06.g	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like</i>							-3.42		-2.52	
2259	SCEPRT2048D07.g *	<i>Nad h-dependent oxidoreductase</i>	1.04		1.21		1.23	1.18	-1.82		-1.92	
2260	SCEPRT2048D12.g	<i>Aluminum activated citrate transporter</i>							1.77		2.11	
2261	SCEPRT2048E05.g	<i>Wound-induced basic</i>									-1.05	
2262	SCEPRT2048E07.g	<i>Two-component response regulator arr6-like</i>				-1.1		-1.38				
2263	SCEPRT2048F09.g	<i>Protein binding protein</i>		-1.68		-1.46		-1.48				-1.95
2264	SCEPRT2048G02.g	<i>Receptor serine threonine kinase pr5k</i>										
2265	SCEPRT2048G05.g *	<i>Nac domain-containing protein 21 22-like</i>	2.43									
2266	SCEPRT2048G12.g *	<i>Ctp synthase</i>	2.37									
2267	SCEPRT2048H12.g	<i>Ring-h2 finger protein atl66-like</i>							2.47		2.71	
2268	SCEPRZ1008A04.g	<i>Ethylene-responsive element binding protein 2</i>							2.08		1.99	
2269	SCEPRZ1008A06.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g022510</i>									-1.35	
2270	SCEPRZ1008B11.g	<i>Farnesylated protein</i>							1		1.04	
2271	SCEPRZ1008C02.g	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>			1.15		1.11		2.04		2.51	
2272	SCEPRZ1008D05.g *	<i>Probable aquaporin nip5-1-like</i>		-1.91								
2273	SCEPRZ1008F02.g	<i>Pollen-specific protein sf3</i>		-2.44		-2.36		-1.88	-1.68		-2.17	
2274	SCEPRZ1008G07.g	<i>Far upstream element-binding protein 2-like</i>									1.03	
2275	SCEPRZ1008H01.g	<i>Harpin-induced protein</i>								-1.31		-1.76
2276	SCEPRZ1009B12.g	<i>Triosephosphate isomerase</i>			-2.07					3.58		4.46
2277	SCEPRZ1009C02.g	<i>60s ribosomal protein l18</i>									-1.27	
2278	SCEPRZ1009F07.g	<i>Xyloglucan endotransglycosylase hydrolase protein 8</i>			-1.33							
2279	SCEPRZ1009G11.g *	<i>La-related protein 6</i>							1.44			
2280	SCEPRZ1009H01.g	<i>Catalase</i>			1.08							
2281	SCEPRZ1009H07.g	<i>Arabinogalactan peptide 16-like</i>			-2.02							
2282	SCEPRZ1009H11.g	<i>Amino acid carrier</i>		-1.31		-2.57			-1.06			
2283	SCEPRZ1010A03.g *	<i>Serine threonine-protein phosphatase 2a 65 kda regulatory subunit a beta isoform-like</i>					-1.06					
2284	SCEPRZ1010B10.g	<i>Homeodomain-leucine zipper transcription factor ipi-1</i>			1.28				-1.6		-2.19	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2285	SCEPRZ1010C11.g *	<i>Abc transporter d family member 1-like</i>		-1.53								
2286	SCEPRZ1010D11.g	<i>Amino acid expressed</i>	2.53	1.43	2.19		2.08	1.32				
2287	SCEPRZ1010E06.g	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>	2.53	1.97	2.99	1.85	2.54	1.95				
2288	SCEPRZ1010F07.g	<i>Light-induced protein 1-like</i>	-1.52		-1.2	2.36	-1.47				-1.12	
2289	SCEPRZ1010F12.g *	<i>Nucleolin 2-like isoform x2</i>		-1.08					-1.12	-1.22		-1.28
2290	SCEPRZ1010G04.g	<i>Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit d-like</i>				1.38						
2291	SCEPRZ1010H10.g	<i>Kinesin light chain</i>				-1.84						
2292	SCEPRZ1011A01.g	<i>Stem-specific protein tsjt1</i>				-1.2						
2293	SCEPRZ1011A02.g	<i>Cinnamyl alcohol dehydrogenase 2</i>							-1.57		-2.41	
2294	SCEPRZ1011A06.g *	<i>Peroxidase 72-like</i>		-2.29								
2295	SCEPRZ1011C11.g	<i>Iaa15 - auxin-responsive aux iaa family member</i>							1.19		1.16	
2296	SCEPRZ1011G05.g *	<i>Topless-related protein 2-like</i>		-1.5				1.42				
2297	SCEPRZ1011G09.g	<i>Sugar transporter</i>			1.16		1.34					
2298	SCEPRZ1011H06.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g019411</i>							1.81			
2299	SCEPRZ3044H01.g	<i>Zim motif family protein</i>			-4.71		-4.56		-2.18		-2.54	
2300	SCEPRZ3045D08.g	<i>Potassium transporter 25-like</i>				-1.26			-1.33		-1.43	
2301	SCEPRZ3045E10.g	<i>Probable serine threonine-protein kinase wnk11-like</i>							-1.46		-1.37	
2302	SCEPRZ3045G11.g *	<i>N-acetylglucosaminyltransferase iii</i>							-1.89			
2303	SCEPRZ3046F03.g	<i>Glycosyltransferase</i>						-1.33				
2304	SCEPRZ3046F05.g *	<i>Dihydrofolate reductase</i>		-2.11			-1.74		-2.4		-3.23	
2305	SCEPRZ3046F08.g	<i>Photoperiod responsive protein</i>	4.22		4.34		4.82					
2306	SCEPRZ3046G08.g	<i>Saur12 - auxin-responsive saur family member</i>		1.65								
2307	SCEPRZ3047B08.g	<i>Tmv response-related protein</i>				-2.85		-3.12	2.37		2.48	
2308	SCEPRZ3047D12.g	<i>Vamp protein sec22</i>				-2.16		-2.16	-1.28		-1.98	
2309	SCEPRZ3048E09.g *	<i>Nuclease harbil1-like</i>							-1.09			
2310	SCEPRZ3048H02.g *	<i>Metal ion binding protein</i>						-2.06				
2311	SCEPRZ3084C01.g	<i>Probable beta- xylosyltransferase irx10l-like</i>				-2.05			-2.61		-3.2	
2312	SCEPRZ3084C02.g	<i>Ribosome maturation factor rimm</i>								-1.33		
2313	SCEPRZ3085A11.g	<i>Aspartic proteinase asp1-like</i>		-2.02		-1.36		-1.21				
2314	SCEPRZ3085A12.g	<i>Peroxidase 1</i>							-1.7		-2.38	
2315	SCEPRZ3085D07.g	-NA-				-3.75					-2.84	
2316	SCEPRZ3086B09.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1-like</i>							-5.79		-6.29	
2317	SCEPRZ3086D12.g *	<i>Pleckstrin homology domain-containing family a member 8-like</i>		-1.31					2.31		2.22	
2318	SCEPRZ3086F09.g	<i>Lysine-specific demethylase 8-like</i>				2.68						
2319	SCEPRZ3087C08.g *	<i>Low temperature induced-like protein</i>		1.66			2.29					
2320	SCEPRZ3087F04.g	<i>Chitin-inducible gibberellin-responsive protein 1-like</i>				-1.84						
2321	SCEPRZ3128A05.g	-NA-		-1.76		-2.56						
2322	SCEPRZ3129A06.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor 4</i>				-1.82			-1.1		-1.43	
2323	SCEPRZ3129G09.g	<i>Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-1</i>		3.09		3.09		3.52				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2324	SCEPRZ3132A06.g *	<i>Ubiquitin-protein ligase</i>		2.38				1.3				
2325	SCEPRZ3132D11.g	<i>Seed maturation protein</i>			2.46							
2326	SCEPSB1127F11.g	<i>Probable glucuronosyltransferase os03g0287800-like</i>				-1.16		-1.13		-1.55		-2.56
2327	SCEPSB1129C07.g	<i>Uncharacterized protein loc101780010 isoform x2</i>				-1.75		-2.72				-1.58
2328	SCEPSB1130A03.g	<i>Beta-glucosidase precursor</i>								-1.66		-1.92
2329	SCEPSB1133F05.g	<i>Metal tolerance protein c3</i>							1.64		1.88	
2330	SCEPSB1135A04.g *	<i>Cinnamoyl- reductase 1-like</i>	-1.18				-1.31			-2.22		
2331	SCEPSB1135C05.g *	<i>Late embryogenesis abundant protein d-34-like</i>	6.98	5.54		5.37		5.22				
2332	SCEPSD1005E12.g	<i>Bowman-birk type trypsin inhibitor-like</i>		1.9		1.8						
2333	SCEPSD1007C11.g	<i>Pathogenesis-related protein class i</i>				2.36						
2334	SCEPSD1008D01.g	<i>Carboxyl-terminal-processing protease isoform 1</i>	1.63		2.22		2					
2335	SCEPSD1069D02.g	<i>Calreticulin precursor</i>		-2.64	-2.48	-2.18				-2.03		-2.36
2336	SCEPSD1069F08.g	<i>Photosystem i reaction center subunit v</i>			-1.12							
2337	SCEPSD1072A02.g *	-NA-					2.23					
2338	SCEPSD1073D07.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-399037</i>	6.18	4.19	6.84	3.62	5.14	3.66				-3.49
2339	SCEPSD2006B02.g	<i>Alpha-galactosidase-like isoform x1</i>	2		2.42							
2340	SCEPSD2006H04.g	<i>Protein wax2</i>	5.2		5.02							
2341	SCEPSD2007F10.g	<i>Sucrose transporter</i>		2.16		1.63		1.51		-1.51		-2.1
2342	SCEPSD2008H04.g *	-NA-		2.61						2.39		
2343	SCEPSD2070C10.g	<i>Aldose reductase</i>		4.68		4.3		4.54				
2344	SCEPSD2070E07.g *	<i>Dirigent-like expressed</i>								-4.55		
2345	SCEPSD2072E03.g	-NA-		6.26		6.01		7.47				
2346	SCEPSD2072F06.g	<i>High chlorophyll fluorescence phenotype 173 protein</i>	2.44		2.88		2.74					
2347	SCEQAD1016F11.g	<i>Nac domain-containing protein 8-like</i>				-1.19				-2.02		-2.71
2348	SCEQAD1017G06.g	<i>Mitochondrial substrate carrier family protein</i>		1.53						-2.07		-2.27
2349	SCEQAD1018A08.g *	-NA-						-1.87				
2350	SCEQAD1018D12.g	<i>Transposon protein mutator sub-class</i>			-2.57		-2.13				1.88	2.77
2351	SCEQAD1018E12.g	-NA-								2.24		1.82
2352	SCEQAD1018F12.g	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>								-2.89		
2353	SCEQAD1018H08.g *	-NA-										
2354	SCEQAD1019B12.g *	<i>Calnexin homolog</i>		-1.43								
2355	SCEQAD1019D08.g	<i>Cbl-interacting protein kinase 5-like</i>			-1.77	1.78						
2356	SCEQAM1036A06.g	<i>Sucrose phosphate synthase</i>	1.97		1.99		1.95		1.07		1.11	
2357	SCEQAM1037D01.g *	<i>Asc1-like protein 1</i>								-2.03		2.31
2358	SCEQAM1038A09.g	<i>Uncharacterized loc101218566 isoform 1</i>										
2359	SCEQAM1040E02.g *	<i>Flocculation protein flo11-like</i>								-4.23		
2360	SCEQAM1040E11.g *	-NA-								-1.32		
2361	SCEQAM1041B03.g	<i>Myb family transcription factor-related protein</i>									-2.18	
2362	SCEQAM1041C08.g	-NA-			-2.04							
2363	SCEQAM1041E07.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g008290</i>		1.57		1.37		-1.47		-1.84		
2364	SCEQAM1042F10.g	-NA-										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2365	SCEQAM1043C10.g	-NA-					2			1.54		1.29
2366	SCEQAM1044G07.g	Pentatricopeptide repeat-containing protein at3g59040-like									-2.24	
2367	SCEQAM2036D10.g	Pre-mrna processing protein expressed			-1.09							
2368	SCEQAM2036G02.g *	Ubiquitin-conjugating enzyme e2 2-like	-1.01									
2369	SCEQAM2037D09.g	Ethyleno-responsive transcription factor erf109-like					-3.07		-3.65	-2.4		-2.62
2370	SCEQAM2038H04.g	Gdp-l-galactose phosphorylase 2-like				1.74	-1.13	2.5		-2.12	1.25	-2.36
2371	SCEQAM2039A02.g	Fiber protein fb34				-1.31	-1.32		-1.44		-1.69	-2.08
2372	SCEQAM2040B07.g	Atp binding cassette subfamily b4 isoform 2					-1.46					
2373	SCEQAM2040E08.g *	Unknown						1.73				
2374	SCEQFL5044B07.g	Peptidyl-prolyl cis-trans chloroplastic-like			-1.01							
2375	SCEQFL5049E03.g	Ureidoglycolate hydrolases					1.19					
2376	SCEQHR1078A09.g *	-NA-								1.33		
2377	SCEQHR1079D05.g	Seed specific protein bn15d17a									1.34	
2378	SCEQHR1079E01.g	Uncharacterized protein loc100303883	3.85			3.13						
2379	SCEQHR1079E04.g *	Peroxidase 51-like							1.2			
2380	SCEQHR1079E05.g *	Glycine-rich rna binding protein	1.1		-1.76							
2381	SCEQHR1079G05.g	-NA-					2.17					
2382	SCEQHR1079G09.g	Halocid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 3-like								2.2		2.15
2383	SCEQHR1079G12.g	Zinc finger protein 7-like	1.62			1.85				1.66		1.48
2384	SCEQHR1080F03.g	Uroporphyrinogen decarboxylase									-1.24	
2385	SCEQHR1080H04.g	Hypothetical protein ZEAMMB73-966081			-1.01							
2386	SCEQHR1081C02.g *	Uncharacterized protein at4g06744-like							-2.39		-1.57	
2387	SCEQHR1081C08.g	Late cornified envelope-like proline-rich protein 1-like				-3.96						
2388	SCEQHR1081D02.g	Uncharacterized protein loc100831703				-1.88			-1.28			-1.17
2389	SCEQHR1081G07.g *	Cytochrome p450 89a2-like	-1.36									
2390	SCEQHR1081H11.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g042240								3.32		3.15
2391	SCEQHR1082B01.g *	Beta-glucosidase isozyme 2 precursor	-3.23		-1.37					-1.78		-2.38
2392	SCEQHR1082D05.g	Protoporphyrin ix magnesium chelatase-like protein										
2393	SCEQLB1063B10.g	Retrovirus-related pol polyprotein from transposon tnt 1-94								-1.48		-1.78
2394	SCEQLB1063D10.g *	Seven-transmembrane-domain protein 1		-1.77						1.9		2.01
2395	SCEQLB1063F10.g	-NA-									2.7	
2396	SCEQLB1063G04.g	Carbonic anhydrase			1.95		1.32					
2397	SCEQLB1064H10.g	Plasma membrane atpase 1-like								-2.11		-2.44
2398	SCEQLB1065B11.g	Novel plant snare 13-like			-1.64							
2399	SCEQLB1065D11.g *	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase					2					
2400	SCEQLB1066C12.g	Histone h3			-2.93							
2401	SCEQLB1066D12.g	-NA-			-2.2					-1.57		-1.95
2402	SCEQLB1066G04.g	Cellulose synthase-like 6	-1.67						2.28			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2403	SCEQLB1066H08.g	<i>60s ribosomal protein l18a</i>									-1.23	
2404	SCEQLB1067B05.g	<i>Wound stress protein</i>	3.12	1.49	3.49	1.49	3.85	1.66				
2405	SCEQLB1067C03.g	<i>1-deoxy-d-xylulose 5-phosphate synthase</i>	1.31	2.51	1.49	2.27	1.48	2.11				
2406	SCEQLB1067C05.g	<i>Phosphatidic acid phosphatase-like</i>			-1.7		-1.85					
2407	SCEQLB1067D10.g	<i>Chitinase</i>		1.5		1.85						
2408	SCEQLB1067E03.g	<i>Two-component response regulator arr9-like</i>								-1.06		
2409	SCEQLB1067F01.g	<i>Bark storage protein a-like</i>	1.57	-2.74	1.29	-2.5	-1.84		-1.69		-2.39	
2410	SCEQLB1067F03.g *	<i>Plastidic phosphate translocator-like protein1</i>							-1.16		-1.48	
2411	SCEQLB1067F07.g	<i>U-box domain-containing protein</i>									1.13	
2412	SCEQLB1068C05.g *	<i>Dihydrofolate reductase</i>		-2.23			-1.8		-2.01		-1.94	
2413	SCEQLB1068E12.g *	<i>Microtubule-associated protein futsch-like</i>		-1.36								
2414	SCEQLB1068F07.g	<i>Probable glucuronosyltransferase os05g0123100-like</i>		-1.86		-1.58		-1.74		-1.93	-2.51	
2415	SCEQLB1068G05.g	<i>60s acidic ribosomal protein p2a</i>				-1.05						
2416	SCEQLB1068G06.g	<i>Uncharacterized gpi-anchored protein at3g06035-like</i>		-1.3		-2.06		-1.61		-1.67	-2.16	
2417	SCEQLB1068G08.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g002390</i>		1.44		1.76						
2418	SCEQLB1068H06.g	<i>Heparanase-like protein 3-like</i>			-4.52							
2419	SCEQLB1068H10.g *	<i>Ap2 domain containing protein</i>		-1.43					-1.19		-1.01	
2420	SCEQLB2020F07.g	<i>Probable receptor-like protein kinase at1g33260-like</i>			-2.66		-3.14		-1.09		-1.1	
2421	SCEQLR1007F11.g	<i>Tpa: homeobox dna-binding and leucine zipper domain family protein</i>									1.15	
2422	SCEQLR1007F12.g	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>			1.17				1.32		1.36	
2423	SCEQLR1007G01.g	<i>3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase</i>			-1.4		-1.48		-1.1		-1.69	
2424	SCEQLR1007H06.g	<i>Protein iq-domain 1-like isoform x1</i>		-1.34		-1.2						
2425	SCEQLR1007H11.g *	<i>-NA-</i>		1.68		1.48		1.24		1.63	1.53	
2426	SCEQLR1029A07.g	<i>Dna-binding protein</i>							1.26		1.21	
2427	SCEQLR1029A10.g *	<i>E3 ubiquitin-protein ligase xb3-like</i>		1.53								
2428	SCEQLR1029C10.g *	<i>Calmodulin-related protein touch-induced</i>	2.9		1.87		3.69		-2.04		-1.1	
2429	SCEQLR1029D03.g	<i>Cellulose synthase a catalytic subunit 4</i>		-1.98		-2.04				-1.5	-1.47	
2430	SCEQLR1029D10.g	<i>Acetyl-coenzyme a carboxylase</i>		-1.84		-1.44		-1.75		-1.56	-1.3	
2431	SCEQLR1029E05.g	<i>Tpa: cinnamyl-alcohol dehydrogenase family protein</i>			-1.23					-1.63	-2.36	
2432	SCEQLR1029F01.g	<i>Homeodomain leucine zipper protein cphb-5</i>							1.25		1.51	
2433	SCEQLR1029F07.g	<i>Tpa: laccase family protein</i>		1.52		1.56		1.62		1.62	1.73	
2434	SCEQLR1029H01.g	<i>Protein kinase superfamily protein</i>										
2435	SCEQLR1029H08.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>		1.57		1.44				-1.29		
2436	SCEQLR1050A02.g	<i>Histone</i>		-1.75		-2.03						
2437	SCEQLR1050B01.g	<i>Seed specific protein bn15d17a</i>							3.36		3.25	
2438	SCEQLR1050B06.g *	<i>Probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 1-like</i>	1.34	-1.72		-1.99		-2.43				
2439	SCEQLR1050C11.g *	<i>Hypothetical protein</i>							1.19		1.06	
2440	SCEQLR1050D05.g	<i>Aquaporin sip1-2-like</i>							-1.82		-1.88	
2441	SCEQLR1050E07.g	<i>Elongation factor 1-gamma 2</i>									-1.1	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2442	SCEQLR1050F05.g	<i>Auxin-repressed kda protein</i>			1.13		1.08		1.14		-1.19	
2443	SCEQLR1050F10.g *	<i>Uncharacterized loc101215808</i>		1.67		-1.54		-1.49		-1.76		
2444	SCEQLR1050F11.g	<i>Nucleic acid binding protein</i>				-1.25						
2445	SCEQLR1091B01.g	<i>Copper chaperone</i>				-1.02						
2446	SCEQLR1091D11.g	<i>Potassium transporter hak2p</i>								-1.85		
2447	SCEQLR1091E04.g *	-NA-		1.26							-2.26	
2448	SCEQLR1091F02.g	<i>Purple acid phosphatase-like protein</i>				1.21						
2449	SCEQLR1091F06.g	<i>Sorbitol dehydrogenase</i>	-1.08	1.15	-1.14		-1.18		1.55		1.55	
2450	SCEQLR1091H06.g	<i>Blue copper</i>				-1.7		-1.51		-2.73		
2451	SCEQLR1092A03.g *	<i>Metal ion binding protein</i>						-2.08		-1.56		
2452	SCEQLR1092B06.g	<i>Rubredoxin family protein</i>	1.04		1.81		1.36					
2453	SCEQLR1092B07.g *	<i>Protein translation factor sui1</i>		1.07				1.2		1.42		
2454	SCEQLR1092B09.g	<i>Kda class i heat shock</i>	2.08	1.32	2.68		2.28					
2455	SCEQLR1092C09.g	-NA-	5.62	5.11	6.4	5.18	4.88	3.74	-2.84		-4.97	
2456	SCEQLR1092E02.g *	<i>Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>	1.77	1.15	1.12		2.41					
2457	SCEQLR1092E10.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-541827, partial</i>							4.97		5.85	
2458	SCEQLR1092H10.g	<i>Snfl-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>							1.33		1.1	
2459	SCEQLR1093A01.g	-NA-				2.02						
2460	SCEQLR1093A02.g	<i>Uncharacterized protein loc101776555</i>		1.46		-1.43			-1.18		-1.27	
2461	SCEQLR1093A05.g	<i>Mcb2 protein</i>	1.42	1.36	1.11	1.19	1.12					
2462	SCEQLR1093A06.g	<i>Transcription factor hy5</i>			1.27							
2463	SCEQLR1093C07.g *	<i>Af331852-1proline-rich partial</i>		2.97		3.73						
2464	SCEQLR1093E02.g *	<i>Src2-like protein</i>		1.43								
2465	SCEQLR1093E06.g *	<i>Alanine-glyoxylate aminotransferase 2 homolog mitochondrial-like</i>		-1.61								
2466	SCEQLR1093E12.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like</i>				-3.66			-2.47		-3.19	
2467	SCEQLR1093F09.g	<i>Lysosomal beta glucosidase-like</i>				1.1				-1.02		
2468	SCEQLR1093H01.g	<i>Uncharacterized protein loc100275324</i>				-2.15		-1.93		-1.46		
2469	SCEQLR1093H11.g	-NA-	2.33	2.33	2.41	1.78	2.68	1.8				
2470	SCEQLR1094C07.g	<i>Aldo keto reductase family-like protein</i>			1.06							
2471	SCEQLR1094G10.g *	-NA-		2.7								
2472	SCEQLR1094G12.g *	<i>Cbs domain-containing protein cbsx5-like</i>						-1.09		-1.02		
2473	SCEQRT1024B11.g	<i>Plasma membrane integral protein</i>				-1.4						
2474	SCEQRT1024C07.g	<i>Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like</i>				-2.17		-1.61		7.8	8.03	
2475	SCEQRT1024D06.g	<i>Cell division protein aaa atpase family</i>									1.47	
2476	SCEQRT1024E02.g	<i>Acetate-ligase chloroplastic glyoxysomal-like</i>			-1.03							
2477	SCEQRT1024E08.g	<i>Cytochrome b5</i>			-2.49				3.14		2.95	
2478	SCEQRT1024E11.g	<i>Cinnamoyl-reductase</i>							-2.04		-2.22	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2479	SCEQRT1024E12.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>					-1.07		1.24	-1.31		-1.75
2480	SCEQRT1024F02.g	<i>Class iii peroxidase</i>		-3.19			-4.34		-3.24		-1.42	-1.8
2481	SCEQRT1024F09.g	<i>Plant viral-response family protein</i>					3.02					-2.64
2482	SCEQRT1024F11.g	<i>Endoglucanase 7-like</i>					-2.63		-2.45		-1.28	-1.45
2483	SCEQRT1024G06.g	<i>Asparagine synthetase</i>									-3.49	-3.54
2484	SCEQRT1024G08.g	<i>Nac domain transcription factor superfamily protein</i>								1.52		1.3
2485	SCEQRT1024G12.g	<i>Mcb2 protein</i>								2.02		2.5
2486	SCEQRT1024H02.g	<i>Probable o-methyltransferase 2-like</i>					-3.18		-2.64		-3.34	-3.91
2487	SCEQRT1024H10.g	<i>Pathogenesis-related protein 5</i>		-2.59	-1.22	-2.33			-1.05			
2488	SCEQRT1025A05.g	<i>Ferritin</i>	1.35	2.6	1.07	2.31			2.11			
2489	SCEQRT1025B03.g	<i>Cysteine desulfurase mitochondrial-like</i>			1.53		1.6		1.42			
2490	SCEQRT1025B05.g	<i>Solute carrier family 25 member 44-like</i>								2.87		2.53
2491	SCEQRT1025B07.g	<i>Halocid dehalogenase-like hydrolase superfamily protein isoform 2</i>			-3.74		-2.71					
2492	SCEQRT1025C04.g *	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>			-1.17							
2493	SCEQRT1025C10.g	<i>Tpa: o-glycosyl hydrolase family 17 protein</i>		-4.58		-5.44				1.3		1.23
2494	SCEQRT1025D06.g	<i>14-3-3-like protein</i>	1.1		1.25							
2495	SCEQRT1025E04.g	-NA-			-1.01		-2.01		-1.72		-1.34	-1.56
2496	SCEQRT1025F04.g *	<i>Susceptibility homeodomain transcription factor</i>							-1.03			-1.08
2497	SCEQRT1025F12.g	<i>Tpa: receptor-like kinase family protein</i>					-2.3		-1.86			
2498	SCEQRT1025G10.g	-NA-					1.82					
2499	SCEQRT1025H04.g	<i>Heat shock protein 101</i>	3.06	2.24	2.97	3.1	2.82	1.95				
2500	SCEQRT1025H06.g	<i>Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like</i>				-3.57		-1.33		7.64		7.8
2501	SCEQRT1026A03.g	<i>3-hydroxyisobutyryl-coenzyme a expressed</i>								1.33		1.34
2502	SCEQRT1026B11.g	<i>Hydroxymethylbutenyl 4-diphosphate synthase</i>								-2.04		-2.15
2503	SCEQRT1026C07.g	<i>Heavy-metal-associated domain-containing expressed</i>								2.67		1.92
2504	SCEQRT1026C12.g	<i>Minor allergen alt a 7-like</i>								-1.22		-1.25
2505	SCEQRT1026D09.g *	<i>Cysteine protease 1 precursor</i>				-1.38						
2506	SCEQRT1026D10.g	<i>Ferric-chelate reductase</i>								5.98		6
2507	SCEQRT1026E02.g *	<i>Cyclin-dependent protein kinase inhibitor smr1-like</i>						-1.2				
2508	SCEQRT1026F05.g	<i>Probable carboxylesterase 2-like</i>		-1.37		-2.1				-1.59		-2.29
2509	SCEQRT1026F09.g	<i>Peroxidase 1-like</i>				1.84		2.06		-1.49		-2.53
2510	SCEQRT1026G11.g *	<i>Leucine aminopeptidase chloroplastic-like</i>								-1.05		-1.28
2511	SCEQRT1026H08.g *	<i>Flavonoid 3 -hydroxylase</i>	2.3			-1.49		-1.24		-1.23		-1.66
2512	SCEQRT1027A06.g	<i>Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase chloroplastic-like</i>								-1		
2513	SCEQRT1027A12.g	<i>Inactive rhomboid protein 1-like</i>						-1.31				
2514	SCEQRT1027B08.g	<i>Beta-cyanolanine synthase</i>		-3.29		-3.59						
2515	SCEQRT1027D08.g	<i>Pleiotropic drug resistance protein 3-like</i>		-2.18		-1.48		-1.55				-1.23
2516	SCEQRT1027D12.g	<i>Ltp1</i>		-2.52		-2.35		-1.61				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2517	SCEQRT1027E02.g	Calcium-dependent protein kinase 2		-1.22		-1.83						
2518	SCEQRT1027E04.g *	Thaumatin-like protein 1-like		-3.25								
2519	SCEQRT1027F02.g	Probable o-methyltransferase 2-like		-3.57		-2.66		-2.36		-3.29		-3.94
2520	SCEQRT1027G02.g *	Endo- -beta-glucanase 2-like						-1.5				
2521	SCEQRT1027G11.g	Wound responsive protein			-1.38	-1.52				1.75	-1.12	1.89
2522	SCEQRT1027H04.g	Nac domain transcription factor superfamily protein				-2.49						
2523	SCEQRT1028A02.g *	Gdp-mannose-3 -epimerase		-1.36								
2524	SCEQRT1028A07.g *	Lactate dehydrogenase								1.94		2.06
2525	SCEQRT1028B06.g	14 kDa proline-rich		-3.57		-3.29		-2.65		1.04		
2526	SCEQRT1028B07.g	Inorganic phosphate transporter 1-4			-1.6					-1.07		-1.32
2527	SCEQRT1028B12.g	Tpa: duf231 domain containing family protein		-2.26	-3.88	-2.35						
2528	SCEQRT1028C03.g	Pathogenesis-related protein 1-like				-1.15						-1.36
2529	SCEQRT1028C09.g *	Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g74360-like							1.24			
2530	SCEQRT1028D11.g	Carnitine isoform 1										-1.03
2531	SCEQRT1028D12.g	Peroxidase 2-like		-3.71		-4.67		-3.47				
2532	SCEQRT1028E06.g	Senescence-associated family protein										2.34
2533	SCEQRT1028G06.g	Vamp protein sec22										-1.16
2534	SCEQRT1028G10.g	Chalcone synthase					-1.28	-1.45		-1.08		-1.76
2535	SCEQRT1028H05.g	Sugar transport protein 13-like		1.88		1.75		1.7				
2536	SCEQRT1028H09.g	Anionic peroxidase		-1.39		-1.89						
2537	SCEQRT1028H10.g	Glycosyltransferase ago61				-1.11						-1.04
2538	SCEQRT1029B08.g	Protein phosphatase 2c										-1.04
2539	SCEQRT1029C03.g	Cinnamoyl reductase								1.92		-2.62
2540	SCEQRT1029C05.g	Iq calmodulin-binding motif family protein								1.66		1.72
2541	SCEQRT1029E10.g	Probable o-methyltransferase 2-like		-2.24		-1.85				-1.34		-1.31
2542	SCEQRT1029F09.g *	Glutamate decarboxylase-like		-3.45								
2543	SCEQRT1029G12.g	Sigma factor sigB regulation protein rsbq		2.22		2.29		1.84				
2544	SCEQRT1029H04.g *	Cortical cell-delineating protein precursor		-4.11		-4.97				1.59		
2545	SCEQRT1029H05.g	Somatic embryogenesis receptor kinase 1-like	-1.05		-1.29	-1.41	-1.19	-1.58				
2546	SCEQRT1029H07.g *	Catalytic hydrolase										-1.49
2547	SCEQRT1030A07.g	Interactor of constitutive active rops chloroplastic-like isoform x2										-1.73
2548	SCEQRT1030B05.g *	Sodium-coupled neutral amino acid transporter 4-like					2.15					
2549	SCEQRT1030C03.g	Potassium transporter 2 isoform 1		1.42		1.36				1.98		2.33
2550	SCEQRT1030E05.g	Low expression of osmotically responsive genes 1								1.71		2.08
2551	SCEQRT1030F12.g	Tpa: loricrin		-2.21		-3.22				-2.17		-2.26
2552	SCEQRT1031B01.g	Cis-zeatin o-glucosyltransferase				-1.58				3.08		3.1
2553	SCEQRT1031B05.g *	Protein doublesex-like					-3.13					-1.8
2554	SCEQRT1031C02.g	Protein chloroplastic-like										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2555	SCEQRT1031D02.g *	14-3-3-like protein									-1.09	
2556	SCEQRT1031D05.g *	Phosphoethanolamine n-methyltransferase 1-like			2.06		1.86	2.21				
2557	SCEQRT1031E02.g	Uclacyanin-2 precursor				-1.68				-1.97	-2.2	
2558	SCEQRT1031E06.g	Nac domain-containing protein 43-like								-1.89	-2.21	
2559	SCEQRT1031E09.g	Alcohol dehydrogenase family-2				-2.55				4.36	4.37	
2560	SCEQRT1031G05.g	Cysteine-rich receptor-like protein kinase 10-like				-2.09				2.66	3.05	
2561	SCEQRT1031H03.g	Cytochrome p450 superfamily protein				1.79						
2562	SCEQRT1031H05.g *	Myb dna-binding domain superfamily protein					1.82		1.24			
2563	SCEQRT1032E06.g *	Erebp-like protein							1.24			
2564	SCEQRT1032G04.g	Pleiotropic drug resistance protein 4-like									-2.29	
2565	SCEQRT1032H02.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101783535 isoform X2			-2.21		-1.61					
2566	SCEQRT1033A06.g *	Omega-hydroxypalmitate o-feruloyl transferase-like			-1.14							
2567	SCEQRT1033A12.g *	Leucoanthocyanidin reductase								1.11		
2568	SCEQRT1033C01.g	2-aminoethanethiol dioxygenase-like				-4.3				6.23	5.98	
2569	SCEQRT1033D01.g	Stem 28 kda glyco				-2.09				-1.63	-1.94	
2570	SCEQRT1033D11.g *	Leucine-rich repeat extensin-like protein 1-like			-1.72							
2571	SCEQRT1033E11.g	2-nitropropane dioxygenase			1.85		2.22		1.91			
2572	SCEQRT1033E12.g	Regulatory subunit								1.8	2.04	
2573	SCEQRT1033F06.g	Probable nitrite transporter at1g68570-like	4.45		5.73		4.8					
2574	SCEQRT1033G03.g	Early nodulin-like protein		-1.08		-2.06		-1.14				
2575	SCEQRT2025A02.g *	-NA-				-2.02						
2576	SCEQRT2025D06.g	Pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta								-1.11		
2577	SCEQRT2025D08.g	-NA-								1.66	1.6	
2578	SCEQRT2025E08.g	Tubulin alpha-3								-1.01	-1.34	
2579	SCEQRT2025E10.g	Probable glutathione s-transferase gstu6-like								-4.6	-4.9	
2580	SCEQRT2025F07.g	Wat1-related protein at5g64700-like isoform x1				-2.6				5.81	5.56	
2581	SCEQRT2025G01.g	Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein										
2582	SCEQRT2025H02.g	Melibiase family protein				1.86	1.79		1.3			
2583	SCEQRT2025H09.g	Eid1-like f-box protein 3-like									-3.83	
2584	SCEQRT2026B09.g	Bes1 bzh1 homolog protein 4-like					-1.15					
2585	SCEQRT2026C10.g *	Non-lysosomal glucosylceramidase-like			-1.85							
2586	SCEQRT2026D03.g	Tropinone reductase 2			-1.82		-2.14					
2587	SCEQRT2026D04.g	Kinesin-related protein 4-like									1.5	
2588	SCEQRT2026D09.g	-NA-									3.17	
2589	SCEQRT2026F11.g *	Serine carboxypeptidase-like 18-like					3.62					
2590	SCEQRT2026H02.g	-NA-								1.49	1.41	
2591	SCEQRT2026H10.g	Transcription factor 2					1.1					
2592	SCEQRT2027A01.g *	Yellow stripe-like transporter 12		-1.71	-1.54	-2.1		-1.91				
2593	SCEQRT2027A02.g *	Enth domain-containing		4.58	2.48			1.34				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2594	SCEQRT2027A08.g	<i>Tpa: pyruvate decarboxylase3</i>					-2.04				3.95	3.91
2595	SCEQRT2027A10.g *	<i>Expansin os-expa2</i>							-2.2			
2596	SCEQRT2027A12.g	<i>Probable methyltransferase pmt28-like</i>					-2.17					
2597	SCEQRT2027C10.g	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like</i>					-2.9					
2598	SCEQRT2027D08.g *	<i>Uncharacterized protein loc101771182</i>										1.03
2599	SCEQRT2027E03.g	<i>Nitrilase 1</i>	1.92		1.54	1.19			1.16			
2600	SCEQRT2027G04.g	<i>Formin homology 2 domain-containing family protein</i>			-1.53							
2601	SCEQRT2027G07.g	<i>Universal stress protein</i>	-1.6		-1.68					3.16	-2.02	3.71
2602	SCEQRT2027H09.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-648118</i>		-1.89	-1.96			-2.21				
2603	SCEQRT2028C04.g	<i>Pip1 protein</i>	4.62		4.23		4.07					
2604	SCEQRT2028C06.g	<i>Endoglucanase 7-like</i>			-1.9					-1.27	-1.85	
2605	SCEQRT2028D04.g	<i>Receptor protein kinase perk1</i>								-1.36	-1.98	
2606	SCEQRT2028D09.g	<i>Xylem cysteine proteinase 2-like</i>	-2.7		-2.49			-2.22			-1.3	
2607	SCEQRT2028E02.g	<i>Pyruvate cytosolic isozyme-like</i>								1.81	2.11	
2608	SCEQRT2028E03.g	<i>Gtp-binding nuclear protein ran-3-like</i>									1.54	
2609	SCEQRT2028E09.g	<i>Probable lysine-specific demethylase jmj14-like isoform x1</i>							2.43		2.47	
2610	SCEQRT2028G11.g	<i>Glycosyl hydrolases family 17 expressed</i>	3.79	2.8	4.13	3.2		3.19				
2611	SCEQRT2028G12.g	<i>Phosphatase family protein</i>								-1.5	-1.68	
2612	SCEQRT2028H08.g *	<i>Cytosolic orthophosphate dikinase</i>					-1.5			7.1	7.48	
2613	SCEQRT2029A10.g	<i>Ceramide-1-phosphate transfer</i>										
2614	SCEQRT2029E12.g	<i>Protein</i>		2.15		3		1.96				
2615	SCEQRT2029G11.g	<i>Amino acid-polyamine transporter</i>				3.1		2.34		-2.29		-2.32
2616	SCEQRT2029H03.g *	<i>Microtubule-associated protein</i>	-1.87									
2617	SCEQRT2030A04.g	<i>Peroxidase 3</i>				-2.09						
2618	SCEQRT2030C12.g	<i>Mutator-like transposase isoform 1</i>				1.29						
2619	SCEQRT2030D12.g *	<i>Nac domain-containing protein 18</i>		-1.67						-1.53		
2620	SCEQRT2030F11.g	<i>Protein transparent testa 12-like</i>							1.11		1.4	
2621	SCEQRT2030G04.g *	<i>Cbl-interacting protein kinase 17</i>					1.98					
2622	SCEQRT2090A10.g *	<i>Transformer serine arginine-rich ribonucleoprotein</i>	2.04	1.97	2.12		2.54	1.6				
2623	SCEQRT2090C11.g	<i>Sucrose transporter</i>		2.07		1.63		1.28		-1.32		-1.89
2624	SCEQRT2090E04.g *	<i>Calreticulin precursor</i>		-3.29								
2625	SCEQRT2090H09.g	<i>Vhs gat domain containing family protein</i>								1.19	1.1	
2626	SCEQRT2090H11.g	<i>G-beta domain containing family</i>								1.17	1.34	
2627	SCEQRT2091A09.g	<i>Tpa: beta-amylase</i>	2.6	3.02	2.63	2.82	2.84	3.47	1.21			
2628	SCEQRT2091B01.g	<i>Homeobox-leucine zipper protein hox6-like</i>				1.11						
2629	SCEQRT2091C06.g	<i>Shikimate o-hydroxycinnamoyltransferase-like</i>		-2.07		-2.03		-2.36				
2630	SCEQRT2091F04.g	<i>Alpha beta fold family expressed</i>								-1.79		-1.85
2631	SCEQRT2091H09.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g017040</i>		-1.17								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2632	SCEQRT2091H12.g	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>							3.27	3.02		
2633	SCEQRT2092B02.g	<i>Zinc c2h2 type family protein</i>		-2.59		-1.94			1.02	1.1		
2634	SCEQRT2092B03.g	<i>Tpa: heparanase-like protein 2</i>				-2.33		-1.99				
2635	SCEQRT2092C02.g *	-NA-						1.35	-1.59	-2.52		
2636	SCEQRT2092D05.g *	<i>Pyruvate decarboxylase</i>	2.07	1.24		1.86		2.12	1.98	2.38		
2637	SCEQRT2092H02.g	<i>Pentatricopeptide repeat-containing</i>							3.85	5		
2638	SCEQRT2093C02.g	<i>Prephenate dehydratase</i>							-1.31	-1.65		
2639	SCEQRT2093C03.g	<i>Hypothetical protein OsI-05658 [Oryza sativa Indica Group]</i>				-1.6				-1.86		
2640	SCEQRT2093C12.g	-NA-		1.8	1.92	1.48		1.05				
2641	SCEQRT2093D02.g	<i>Probable e3 ubiquitin-protein ligase ari5-like</i>				1.14						
2642	SCEQRT2093D08.g	<i>Iaa12 - auxin-responsive aux iaa family member</i>		-2.11		-2.11						
2643	SCEQRT2093F09.g *	<i>Gdsl esterase lipase at5g37690-like</i>		-3.04								
2644	SCEQRT2093F11.g	<i>Thylakoid-bound ascorbate peroxidase</i>	1.27		1.47		1.06					
2645	SCEQRT2094B01.g	<i>14-3-3-like protein</i>							1.38	1.39		
2646	SCEQRT2094B05.g *	<i>Glycine-rich rna-binding protein 7</i>								-1.05		
2647	SCEQRT2094D07.g	<i>Cortical cell delineating protein expressed</i>		-2.24		-2.28		-1.4				
2648	SCEQRT2094F06.g	<i>G-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130-like</i>			-2.13				-2.51	-3.81		
2649	SCEQRT2094F10.g	<i>Scar-like protein 2-like isoform x1</i>		-1.89		-1.44						
2650	SCEQRT2094G10.g	<i>Cbl-interacting protein kinase family protein</i>								1.94		
2651	SCEQRT2095D10.g	<i>Gdp-mannose -epimerase 1-like</i>		-1.15		-1.14		-1.15				
2652	SCEQRT2095D12.g *	-NA-		2.41								
2653	SCEQRT2095F02.g *	<i>Lysine ketoglutarate reductase trans-splicing 1</i>					1.09					
2654	SCEQRT2095G03.g	<i>Glycerophosphodiester phosphodiesterase gde1-like</i>							1.21	1.73	1.16	
2655	SCEQRT2095G07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g009650</i>	-1.26	-1.42	-1.28	-1.28	-1.51				1.39	
2656	SCEQRT2096B02.g	<i>Dehydrin cor410</i>	2.45	2.29	2.93	2.18	2.04	2.04		-1.51	-1.48	
2657	SCEQRT2096B03.g	-NA-								-1.87	-1.96	
2658	SCEQRT2096D07.g	<i>Protein aspartic protease in guard cell 2-like</i>		-3.41		-2.58				-1.81	-2.16	
2659	SCEQRT2096D09.g	<i>Two-component response regulator expressed</i>			-2.21		-1.52					
2660	SCEQRT2096D11.g	<i>Lac25-orysj ame: full=laccase-25 ame: full=benzenediol:oxygen oxidoreductase 25 ame: full=diphenol oxidase 25 ame: full=urishiol oxidase 25 flags: precursor</i>									-2.53	
2661	SCEQRT2096E05.g	<i>Phospholipid-transferring atpase 9-like</i>		-1.78		-1.6						
2662	SCEQRT2096E09.g	<i>Cytochrome p450 cyp727a4</i>				1.32						
2663	SCEQRT2096F12.g *	<i>Senescence-associated protein dh</i>		1.31	-1.61							
2664	SCEQRT2096G05.g *	<i>Protein larp-one-related 15-like</i>		1.45								
2665	SCEQRT2096H11.g	<i>Sugar transport protein 13</i>		1.48		1.54						
2666	SCEQRT2097F02.g	-NA-		-2.41		-2.06		-2.43				
2667	SCEQRT2098A06.g	<i>Mediator of rna polymerase ii transcription subunit 25-like</i>									-1.15	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2668	SCEQRT2098D06.g *	<i>Udp-glucuronate 4-epimerase 1-like</i>		1.51				1.04				
2669	SCEQRT2098D12.g	<i>Senescence-associated protein</i>				1.57						
2670	SCEQRT2098E08.g	<i>-NA-</i>			-1.33		-1.73		-1.31		-1.03	
2671	SCEQRT2098E10.g	<i>Rgh1a</i>				1.42						
2672	SCEQRT2098F05.g *	<i>Nb-arc domain-containing protein</i>								-1.76		
2673	SCEQRT2099A07.g *	<i>Allene oxide synthase</i>								-1.51	-1.46	
2674	SCEQRT2099A11.g	<i>Pvr3-like protein</i>					-4.08		-3.3			
2675	SCEQRT2099C08.g *	<i>Protein phosphatase 2c</i>	2.64	2.34	2.4	1.98	2.53	1.73		-1.25		
2676	SCEQRT2099E03.g	<i>L-allo-threonine aldolase</i>								-1.67	-2.16	
2677	SCEQRT2099E04.g *	<i>Anthocyanidin -o-glucosyltransferase-like</i>			-1.2					-1.64	-2.35	
2678	SCEQRT2099E06.g *	<i>Tryptophan aminotransferase-related protein 4-like</i>	-1.25	-1.34	-1.65			-1.32				
2679	SCEQRT2099E08.g *	<i>Symbiosis-related protein</i>	1.11									
2680	SCEQRT2099H01.g	<i>Calcium-dependent protein isoform ak1</i>				1.61						
2681	SCEQRT2100B02.g	<i>Plasma membrane intrinsic protein</i>			-1.18		-1.18					
2682	SCEQRT2100D09.g	<i>Pinus taeda anonymous locus 2-2356-02 genomic sequence</i>							3.06	2.97		
2683	SCEQRT2101A06.g	<i>Germin-like protein 1-3</i>			-3.68		-2.79			-1.74		
2684	SCEQRT2101A11.g *	<i>Pathogenesis-related protein 5</i>			-2.12				-2.45			
2685	SCEQRT2101B11.g	<i>Microtubule-associated protein tortifolia1</i>								-1.87	-2.29	
2686	SCEQRT2101C07.g	<i>Avr9 cf-9 rapidly elicited protein 137</i>			1.59					-1.31	-1.42	
2687	SCEQRT2101D07.g	<i>Uncharacterized protein loc101780407</i>					6.02			6.79	7.23	
2688	SCEQRT2101D09.g	<i>Nac domain-containing protein 29</i>								1.72	1.79	
2689	SCEQRT2101E08.g *	<i>Glutathione transferase</i>	1.17									
2690	SCEQRT3018E10.g	<i>Uncharacterized acetyltransferase at3g50280-like</i>				1.76						
2691	SCEQRT3018H07.g	<i>-NA-</i>			-3.25		-5.03					
2692	SCEQRT3019E01.g	<i>Secologanin synthase-like</i>									-2.03	
2693	SCEQRT3020F04.g	<i>Bzip transcription factor superfamily protein</i>				3.22						
2694	SCEQRT3C02A11.g *	<i>Glycerol kinase</i>			-1.5					-1.9	-1.72	
2695	SCEQRT3C03G03.g *	<i>Cationic amino acid transporter 1 family protein</i>								-1.54		
2696	SCEQRT3C04D05.g	<i>Snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>	4.11		4.61	2.84	4.13	3.21				
2697	SCEQRT3C05D04.g	<i>Phospholipase d family protein</i>			-3.33		-3.96		-3.45			
2698	SCEQRZ3020C02.g	<i>Brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 expressed</i>				-1.37						
2699	SCEQRZ3020G11.g *	<i>Uncharacterized protein loc101757550</i>			1.41							
2700	SCEQRZ3021A05.g	<i>Trehalose phosphate partial</i>			-2.38		-2.79		-4.24			
2701	SCEQRZ3021H07.g	<i>-NA-</i>			1.12		1.24					
2702	SCEQRZ3021H08.g	<i>Uncharacterized protein loc101776555</i>					-1.31		-1.5	-1.28	-1.39	
2703	SCEQRZ3022B06.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g006070</i>								1.64	1.82	
2704	SCEQRZ3023B08.g	<i>Early endosome antigen 1-like isoform x1</i>								-2.25	-2.69	
2705	SCEQRZ3023C12.g	<i>Ap2 domain containing expressed</i>								1.65	2.25	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2706	SCEQRZ3023D09.g	<i>Transmembrane 9 superfamily member 4-like</i>		-1.46		-1.51		-1.51		-1.48		-1.92
2707	SCEQRZ3023E01.g *	<i>Dehydration responsive element binding protein 1a</i>		2.47						-2.42		-2.82
2708	SCEQRZ3023E10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g041020</i>	1.34		1.59		1.45			-1.6		-1.32
2709	SCEQRZ3024A07.g	-NA-				-3.95						
2710	SCEQRZ3024B07.g *	<i>Phospholipase a1</i>			2		1.53	1.94				-2.28
2711	SCEQRZ3024G03.g	-NA-				-2.75		-2.8				-1.32
2712	SCEQRZ3089B10.g	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>								-1.6		
2713	SCEQRZ3090D08.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>								-1.89		-3.04
2714	SCEQSB1016H02.g	<i>Mediator of rna polymerase ii transcription subunit 33a-like</i>										-1.73
2715	SCEQSB1017E06.g	<i>Subtilisin-like protease</i>	5.85	2.49	6.53	2.8	5.59	2.83				
2716	SCEQSB1019A07.g	<i>Retrotransposon tyl1-copia subclass</i>				1.39		1.34				
2717	SCEQSB1C02G10.g	<i>Spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	2.97		2.19	1.81	2.2					
2718	SCEQSB1C06D05.g	<i>Cinnamoyl reductase</i>		-2.39		-2.73				-2.43		-3.58
2719	SCEQSB1C11E06.g *	<i>Hypersensitive-induced response protein</i>	-1.52	-1.45	-1.67		-1.71			1.66		1.93
2720	SCEQSD1074A04.g *	<i>Cycloartenol synthase</i>					4.86					
2721	SCEQSD1074F04.g	<i>Udp-glycosyltransferase 73c5-like</i>								-2.21		-2.8
2722	SCEQSD1076D06.g	<i>Cytochrome p450 78a4-like</i>								-2.64		-2.89
2723	SCEQSD2075H10.g	-NA-								-2.14		-2.3
2724	SCEZAD1078F06.g *	<i>Mrp-like abc transporter</i>		-1.48				-1.78				
2725	SCEZAD1079A06.g *	<i>Disease resistance protein rga3-like isoform x1</i>		-2.33								
2726	SCEZAD1079B03.g *	<i>Ap2-like ethylene-responsive transcription factor ail5</i>						2.08				
2727	SCEZAD1080C09.g	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>								1.92		1.6
2728	SCEZAD1C01D10.g	-NA-								-2.29		-2.19
2729	SCEZAD1C01H05.g *	<i>Heat shock</i>				-1.45						
2730	SCEZAD1C05E07.g	<i>Magnesium-chelatase subunit chloroplastic-like</i>				-1.53						
2731	SCEZAM1079A05.g	<i>Thioredoxin</i>										-1.53
2732	SCEZAM1079C03.g	<i>1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase fab1c-like</i>										-1.51
2733	SCEZAM1080D01.g	<i>Methionine s-methyltransferase</i>		-1.98		-1.94				-1.11		-1.39
2734	SCEZAM1080D09.g *	<i>Ras-related protein raba1f-like</i>				-2.22		-2.37		-1.53		
2735	SCEZAM1081H06.g *	<i>Senescence-associated protein 5</i>		2.2								
2736	SCEZAM1082E07.g	-NA-		1.78		1.7		1.5				1.39
2737	SCEZAM1083D10.g	<i>Dna binding protein</i>	1.21		1.23		1.7					
2738	SCEZAM2031A08.g	-NA-			-2.46		-2.32					
2739	SCEZAM2031C06.g	<i>Map kinase family protein</i>		-3.56		-3.37						
2740	SCEZAM2031D01.g	<i>Protein spiral1-like 2-like isoform x2</i>				-1.95		-1.46		-2.01		-1.66
2741	SCEZAM2032F02.g *	<i>Mitogen-activated protein kinase kinase kinase a-like</i>								-2.04		
2742	SCEZAM2032F10.g	<i>Hydroquinone glucosyltransferase</i>		1.43		1.19		1.51		-1.63		-1.85
2743	SCEZAM2033A10.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>		-1.76		-1.72		-1.82				
2744	SCEZAM2034C10.g *	<i>Polcalcin jun o 2</i>		1.56			2.25		-1.37		-1.56	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2745	SCEZAM2035A03.g	<i>Transcription factor bhlh96-like</i>					-3.34				2.44	2.52
2746	SCEZAM2035G09.g	<i>Phosphoglycerate mutase family protein</i>					-1.44			-1.21		
2747	SCEZAM2058A03.g	-NA-										
2748	SCEZAM2058C09.g	<i>Diacylglycerol o-acyltransferase 1</i>										-1.85
2749	SCEZAM2058D02.g	<i>Ribonucleoside-diphosphate reductase small chain</i>			-3.19		-2.61				-1.4	-1.78
2750	SCEZAM2058E08.g	<i>Probable inactive receptor kinase at2g26730-like</i>										-1.63
2751	SCEZAM2058F03.g	<i>Plastidic atp adp-transporter</i>					2.29					
2752	SCEZAM2059C07.g	<i>Ring-h2 finger protein atl7-like</i>									-1.54	-2.03
2753	SCEZAM2059F04.g	<i>Probable ccr4-associated factor 1 homolog 11-like</i>									-1.35	-1.27
2754	SCEZAM2059G02.g	<i>Thioredoxin superfamily protein</i>	1.88	1.46	2.3	1.88	2.48	1.65				
2755	SCEZAM2061A12.g *	<i>Hypothetical protein</i>	2.12		1.66		3.08	-1.31			-1.36	-1.8
2756	SCEZAM2096D06.g	<i>Probable cellulose synthase a catalytic subunit 5</i>		-2.8		-3						1.03
2757	SCEZFL4038C07.g	<i>Uncharacterized protein LOC100278776</i>										
2758	SCEZFL4040A01.g *	<i>Pfk-like carbohydrate kinase family protein</i>									1.89	
2759	SCEZFL4040G02.g *	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>		1.09					1.04			
2760	SCEZFL4043C02.g	<i>Cationic amino acid transporter vacuolar-like</i>									1.46	1.57
2761	SCEZFL4044G01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g005750</i>										2.13
2762	SCEZFL5083E02.g	<i>Probable folate-biopterin transporter chloroplastic-like</i>	3.43		3.13		2.85		1.05		1.27	
2763	SCEZFL5085A06.g	<i>Seed maturation protein pm27 precursor</i>		6.84		5.68		6.29				
2764	SCEZFL5086E01.g	<i>Hypothetical protein</i>					1.59	1.62				
2765	SCEZFL5086G02.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-596914</i>			-1.68	-1.47		-1.53		-2.9		-3.64
2766	SCEZFL5089C05.g	<i>Probable glycerol-3-phosphate acyltransferase 3-like</i>					1.5					
2767	SCEZHR1047A03.g	<i>Wrky transcription factor</i>					-2.68		-3.12		-2.59	-2.64
2768	SCEZHR1047F05.g	<i>Rhodanese-like domain-containing protein chloroplastic-like</i>										1.69
2769	SCEZHR1047H08.g	<i>Probable f-box protein at1g60180-like</i>									-2.6	-2.7
2770	SCEZHR1048C09.g	<i>Thiol protease sen102-like</i>					-1.82		-2.45	1.62	-2.37	1.51
2771	SCEZHR1048C10.g	<i>Glycosyltransferase-like domain-containing protein 2-like</i>					-1.57		-1.42		-1.24	-1.63
2772	SCEZHR1048C12.g *	-NA-										-2.9
2773	SCEZHR1048E07.g	<i>Tpa: homeodomain-like transcription factor superfamily protein</i>					-2.35					
2774	SCEZHR1048H09.g	<i>Chloride channel protein</i>	2.51		2.38		2.64				-2.21	-2.4
2775	SCEZHR1049B08.g	<i>Reversibly glycosylated polypeptide</i>					-1.28					
2776	SCEZHR1049C07.g	<i>50s ribosomal protein l29</i>										-1.03
2777	SCEZHR1049C12.g	-NA-			2.42		2.37		1.74		2.02	1.8
2778	SCEZHR1049D07.g	<i>Rhicadhesin receptor precursor</i>			-2.54		-1.76					
2779	SCEZHR1049E02.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at2g16250-like</i>										1.54
2780	SCEZHR1054A07.g *	<i>Uncharacterized protein LOC100278028</i>							-1.12			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2781	SCEZHR1055C08.g	<i>Major pollen allergen-like</i>		-2.66		-2.59		-2.31		1.01	1.03	
2782	SCEZHR1055D06.g	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 3</i>			-1.18					3.08	2.76	
2783	SCEZHR1055G12.g	<i>Trehalose-phosphate phosphatase</i>			1.28		1.81				1.43	
2784	SCEZHR1085C12.g	<i>Probable serine incorporator-like isoform x1</i>										
2785	SCEZHR1085H05.g *	<i>Cold shock protein-1 precursor</i>		1.8								
2786	SCEZHR1086A11.g *	<i>Qltg3-1</i>				-1.75		-1.66		1.14		
2787	SCEZHR1086E11.g	-NA-		2.34		2.08		2.07				
2788	SCEZHR1086H05.g	<i>Phosphate transporter pho1-2-like</i>		-1.21								
2789	SCEZHR1087B05.g	<i>Homeodomain leucine zipper protein cphb-5</i>		2.32		2.28		1.72				
2790	SCEZHR1087D09.g *	<i>Microsomal glutathione s-transferase 3-like</i>									1.14	
2791	SCEZHR1087F06.g *	<i>Cytochrome p450 84a1</i>							-2.04		-1.9	
2792	SCEZHR1088D09.g	-NA-		2.14		1.4		1.14		1.31	1.33	
2793	SCEZHR1088D11.g	<i>Probable glucuronosyltransferase os01g0926700-like</i>		-1.42		-1.76				-1.49	-2.4	
2794	SCEZLB1005A02.g	<i>Cellulose synthase-like protein d3-like</i>				-2.27				-1.29	-1.81	
2795	SCEZLB1005A07.g *	-NA-					2.61			2.12	2.31	
2796	SCEZLB1005A10.g *	<i>Scarecrow-like protein 8-like</i>	2.15	1.13	1.91		2.6					
2797	SCEZLB1005A11.g *	-NA-		-3.99	2.79	-3.94				-2.9		
2798	SCEZLB1005B06.g	<i>Auxin-repressed kda protein</i>		2.12		1.51						
2799	SCEZLB1005D08.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing protein</i>							2.48		3.15	
2800	SCEZLB1005F06.g	<i>Respiratory burst oxidase homolog protein b-like</i>									-1.39	
2801	SCEZLB1005F12.g	<i>Ap-2 complex subunit sigma-like</i>				-1.55						
2802	SCEZLB1005H03.g	<i>Proteasome maturation factor ump1 family protein</i>									-1.17	
2803	SCEZLB1005H06.g *	<i>Low-molecular-weight cysteine-rich protein lcr69 precursor</i>		1.83								
2804	SCEZLB1006D01.g	<i>F-box protein at5g55150-like</i>		-1.1		-1.13		-1.33				
2805	SCEZLB1006D09.g	<i>Lsg</i>		-2.89		-1.95		-1.64			-1.23	
2806	SCEZLB1006E12.g *	<i>Tryptophan aminotransferase-related protein 4-like</i>	-1.13	-1.25	-1.47		-1.47					
2807	SCEZLB1006F09.g	<i>Phospholipid transfer protein 1</i>	4.17		6.99	2.66						
2808	SCEZLB1006G08.g	<i>Glucan-beta-glucosidase</i>		-3.75		-3.78		-3.15				
2809	SCEZLB1006G09.g	<i>Pyruvate cytosolic isozyme-like</i>							1.81		1.98	
2810	SCEZLB1006H04.g	<i>Uncharacterized protein loc101770153</i>				-1.58		-2.02		-1.55	-1.93	
2811	SCEZLB1007A09.g	<i>Tpa: exhydrolyase ii</i>				-1.66				-1.5		
2812	SCEZLB1007B12.g	<i>Zim motif family protein</i>		-1.2		-1.38					-1.24	
2813	SCEZLB1007D06.g	-NA-				3.12			2.38		2.17	
2814	SCEZLB1007D07.g	<i>Polyphenol oxidase</i>			-1.05					2.59		
2815	SCEZLB1007D12.g	<i>Rapid alkalinization factor 1 precursor</i>		-1.61		-2.11		-1.83	1.53		-1.36	
2816	SCEZLB1007E09.g	<i>Amp-binding protein</i>		1.82		2.3		2.35				
2817	SCEZLB1007G07.g	<i>Pinus taeda anonymous locus 2-4079-01 genomic sequence</i>	3.22	1.45	3.57	1.51	4.1	1.66				
2818	SCEZLB1007H11.g	<i>Cobra-like protein 7-like</i>				-1.65			-1.45		-1.82	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2819	SCEZLB1008B10.g	Hexokinase 5							-1.44		-1.44	
2820	SCEZLB1008D12.g *	Aquaporin tip4-1	-2.71	1.08	-1.53		-1.57	1.01	-2.36		-2.24	
2821	SCEZLB1008G11.g *	Calmodulin binding protein		-3.65								
2822	SCEZLB1008H03.g	Transmembrane protein 205-like							1.83		2.21	
2823	SCEZLB1009B04.g	Arid-type transcription partial							2.48		2.19	
2824	SCEZLB1009E06.g	Universal stress protein family expressed							7.99		8.22	
2825	SCEZLB1009F11.g *	Nuclear factor yb2						1.19				
2826	SCEZLB1009H05.g *	Alpha-n-acetylglucosaminidase-like		-2.42								
2827	SCEZLB1010A02.g	-NA-					-3.03		-1.29		-1.66	
2828	SCEZLB1010A03.g	Spermidine synthase							-1.25		-1.3	
2829	SCEZLB1010C01.g	Annexin d4-like		1.89		1.55		1.69		-2.29		-2.58
2830	SCEZLB1010C02.g	Pathogenesis-related protein class i		-2.74		-3.36		-2.1		3.87		3.61
2831	SCEZLB1010E02.g	-NA-									-1.28	
2832	SCEZLB1010E04.g	Peptide transporter ptr2							-1.75		-1.97	
2833	SCEZLB1010E07.g	Nadh dehydrogenase				-1.09						
2834	SCEZLB1010F05.g	Pirin-like protein									-2.9	
2835	SCEZLB1011B11.g	Microtubule-associated protein futsch-like isoform x3							1.64			
2836	SCEZLB1011C09.g	Clathrin assembly protein at2g01600-like									-1.92	
2837	SCEZLB1011H05.g *	Tetracycline transporter protein		-2.84								
2838	SCEZLB1012B11.g	Uncharacterized protein loc101779043		2.14		1.89		1.36		2.48		2.73
2839	SCEZLB1012C07.g	Cbl-interacting protein kinase 6-like	3.93		2.43		3.27		2.14		1.84	
2840	SCEZLB1012C10.g	Soluble inorganic pyrophosphatase		-1.57		-1.7		-1.28		-1.69		-2.08
2841	SCEZLB1012C12.g *	Protein notum homolog		-2.02						-1.75		-2.13
2842	SCEZLB1012D01.g	Bifunctional polymyxin resistance arna protein								-1.79		-1.82
2843	SCEZLB1012D03.g	Auxin-independent growth promoter				-2.08						
2844	SCEZLB1012D05.g *	-NA-	1.06		1.37		1.27				1.24	
2845	SCEZLB1012E05.g	Peroxidase 19-like								2.75		3.69
2846	SCEZLB1012G01.g	Glutathione s-transferase								-2.08		-2.94
2847	SCEZLB1013A10.g	F-box protein at2g32560-like				-1.71				-1.82		-1.96
2848	SCEZLB1013C01.g	Hsf-type dna-binding domain containing expressed		1.67		2.24		2.13				
2849	SCEZLB1013F08.g	-NA-	1.05									-1.1
2850	SCEZLB1013G06.g	S-adenosyl-l-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein isoform 1										
2851	SCEZLB1013H07.g	Rapid alkalinization factor 1 precursor				-2.24		-1.98				
2852	SCEZLB1014B04.g	Heavy metal-associated domain containing expressed								1.22		1.08
2853	SCEZLB1014B11.g	F-box protein ore9-like		1.25		1.6		1.4		1.14		1.22
2854	SCEZLB1014C04.g	Protein phosphatase 2c	2.91	3.09	2.14	2.03	2.71	1.75		-1.53		-1.77
2855	SCEZLB1014D12.g	-NA-								3.58		3.34
2856	SCEZLB1014E04.g	Serine threonine-protein kinase-like protein ccr3-like				-1.83		-2.01		-1.25		-1.1
2857	SCEZLB1014G11.g	Pollen-specific protein c13-like										-1.44
2858	SCEZLB1014H01.g	Bowman-birk type wound-induced proteinase inhibitor wip1 precursor		2.56		3.27		2.37				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2859	SCEZLB2068C01.g	-NA-			3.78		4.77					
2860	SCEZLB2068C05.g	<i>Ureide permease expressed</i>	4.17	3.46	6.26	4.26	5.09					
2861	SCEZLB2069D10.g	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>	6.63	4.86	6.61	4.56	5.43	3.3				
2862	SCEZLB2070E01.g	-NA-				2.44						
2863	SCEZLR1009A01.g *	<i>Auxin response factor 4</i>		1.05								
2864	SCEZLR1009C12.g *	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>					1.33					
2865	SCEZLR1009D05.g	<i>Tpa: protochlorophyllide reductase-like protein</i>	-1.6		-2.08		-1.62					
2866	SCEZLR1009E05.g	<i>Farnesylated protein 2</i>	1.25	3.82	1.5	3.27	1.32	2.41				
2867	SCEZLR1009E06.g	<i>Acc oxidase</i>		1.76		1.38					-2.21	
2868	SCEZLR1009F06.g *	<i>Pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta</i>					-1.39	-1.01				
2869	SCEZLR1009G07.g	<i>Seed maturation protein expressed</i>		1				1.06				
2870	SCEZLR1031A03.g	<i>Auxin response factor 4</i>	1.24									
2871	SCEZLR1031A11.g *	<i>Acetyl cytosolic 1</i>							-1.02	-1.11		
2872	SCEZLR1031D06.g	<i>Uncharacterized protein loc100383684</i>								-1.23		
2873	SCEZLR1031D10.g	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>							2.06	2.7		
2874	SCEZLR1031F04.g	<i>G-box binding factor 1</i>	2.58		2.06		1.88					
2875	SCEZLR1031F05.g	<i>Protein</i>							-1.63	-2.47		
2876	SCEZLR1031F06.g *	<i>Qltg3-1</i>				-1.45			1.04			
2877	SCEZLR1031F10.g	<i>Chaperone protein dnaj 16</i>								-1.49		
2878	SCEZLR1031G01.g	<i>Probable udp-arabinose 4-epimerase 2-like</i>		-1.46		-1.38				-1.25		
2879	SCEZLR1031H06.g *	<i>Catalytic hydrolase</i>	1.64				1.67					
2880	SCEZLR1052B01.g *	<i>Protein mor1-like isoform x3</i>		-2.12								
2881	SCEZLR1052C03.g	<i>Sucrose synthase</i>		-1.82		-1.76		-1.61	1.54	1.91		
2882	SCEZLR1052C06.g	<i>Histidine kinase</i>								1.04		
2883	SCEZLR1052D12.g *	<i>Universal stress protein a-like</i>	-1.57				-1.39					
2884	SCEZLR1052H01.g *	<i>Disease resistance response protein 206-like</i>		-3.46					-1.69			
2885	SCEZLR1052H03.g	<i>Raffinose synthase or seed imbibition protein</i>		4.13		4.02		3.96				
2886	SCEZRT2015B09.g	<i>Protein kinase superfamily protein</i>		-1.14		-3.1		-2.8				
2887	SCEZRT2015C02.g	<i>Pathogenesis related protein</i>				-2.53		-2.1	-2.84	-2.76		
2888	SCEZRT2015F08.g *	<i>Long chain acyl-synthetase 4-like</i>		-1.35								
2889	SCEZRT2017A10.g	<i>Spore coat protein</i>								2.12		
2890	SCEZRT2017G09.g	<i>Mixed-linked glucan synthase 2</i>		-2.04		-2.29			2.12	1.82		
2891	SCEZRT2018A06.g	<i>Calmodulin 8 family protein</i>				-1.94						
2892	SCEZRT2018B08.g *	<i>Calmodulin-binding transcription activator 4-like isoform x2</i>		-1.84								
2893	SCEZRT2018B10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g034690</i>								-1.87		
2894	SCEZRT2018E04.g *	<i>Mal d 1-associated protein</i>	1.52				1.72			1.49		
2895	SCEZRT2018F03.g	<i>Cysteine proteinase inhibitor 8-like</i>							3.05	2.89		
2896	SCEZRT2018H04.g	-NA-	1.86	1.83	1.75	1.75	2.95	1.61				
2897	SCEZRT2019A09.g	<i>Secologanin synthase</i>		-1.02	-3.9	-3.08		-3.47			-1.12	
2898	SCEZRT2019B05.g *	<i>Inorganic phosphate transporter 1-4</i>		1.78								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
2899	SCEZRT2019B08.g	<i>Y domain containing expressed</i>			1.53							
2900	SCEZRT2019B11.g	<i>Cinnamoyl-reductase 1-like</i>		-3.16		-2.97						
2901	SCEZRT2019C05.g *	<i>Soluble inorganic pyrophosphatase</i>								-1.49		
2902	SCEZRT2019D08.g	<i>Nac domain-containing protein 21.22</i>								-1.98		-2.09
2903	SCEZRT2019F10.g *	<i>Peroxidase 1</i>		-3.41								-2.91
2904	SCEZRT2020G01.g *	<i>Ac074282-6 polyprotein</i>										
2905	SCEZRT2020H09.g *	<i>Peroxidase 5-like</i>		1.2				1.22				
2906	SCEZRT2021A01.g	<i>Nac domain transcription factor superfamily protein isoform 1</i>		-1.07								
2907	SCEZRT2021A09.g *	<i>Ethylene insensitive 3-like 1</i>		1.52				1.29				-1.42
2908	SCEZRT2021C03.g	<i>Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 2b-like</i>			1.6							-1.9
2909	SCEZRT2022B07.g	<i>Protein kinase superfamily protein</i>										-2.17
2910	SCEZRT2023A09.g *	<i>-NA-</i>	2.09	1.61	2.3		2.25					
2911	SCEZRT2023B07.g *	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 2</i>		-2.46						-2.68		
2912	SCEZRT2023C02.g *	<i>Ap2 erf and b3 domain-containing protein os01g0141000-like</i>					-2.4		3.32		3.36	
2913	SCEZRT2023D07.g *	<i>-NA-</i>					1.84					
2914	SCEZRT2023G12.g	<i>Tpa: nac domain transcription factor superfamily protein</i>							-1.14		-1.32	
2915	SCEZRT2023H06.g *	<i>Pleckstrin domain-containing expressed</i>		-1.41								
2916	SCEZRT2023H12.g *	<i>-NA-</i>		-2.09						-2.47		-3.7
2917	SCEZRT2024C04.g	<i>Protein spiral1-like 2-like isoform x2</i>				-2.16				-2.17		-1.79
2918	SCEZRT3069E08.g *	<i>-NA-</i>								1.21		
2919	SCEZRT3069H08.g	<i>Glutamine amidotransferase-like</i>		-1.94		-3.15		-3.42		-3.28		-3.13
2920	SCEZRT3070A09.g *	<i>Glutathione transferase iii</i>								-1.09		
2921	SCEZRZ1012A01.g	<i>2-oxoglutarate mitochondrial-like</i>								-1.15		-1.39
2922	SCEZRZ1012A02.g	<i>Cytochrome p450 90a1-like</i>			1.2	1.85						
2923	SCEZRZ1012A11.g	<i>Myb transcription factor</i>								1.17		1
2924	SCEZRZ1012A12.g	<i>Peptide transporter ptr5</i>				1.19						
2925	SCEZRZ1012B07.g	<i>Plasma membrane atpase 1-like</i>								-1.61		-2.15
2926	SCEZRZ1012C11.g *	<i>Hypothetical protein</i>	-1.08									
2927	SCEZRZ1012E05.g *	<i>Formamidase -like isoform x1</i>	-2.28				-1.87		-1.65		-2.03	
2928	SCEZRZ1012E11.g *	<i>-NA-</i>				1.82						
2929	SCEZRZ1012F05.g	<i>Methylenetetrahydrofolate reductase</i>		-1.78		-1.98		-1.17		-1.71		-1.92
2930	SCEZRZ1012G03.g *	<i>Probable calcium-binding protein cml44-like</i>		1.38		1.06				-1.88		-2.6
2931	SCEZRZ1012H10.g	<i>Homeodomain leucine zipper protein cphb-5</i>								1.01		1.07
2932	SCEZRZ1013A06.g	<i>Senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1</i>										-2.21
2933	SCEZRZ1013B08.g	<i>Alpha beta fold family expressed</i>				-2.67		-2.76		-2.31		-2.27
2934	SCEZRZ1013C01.g	<i>Probable cellulose synthase a catalytic subunit 1</i>		-2.01		-1.79						-1.19
2935	SCEZRZ1013G05.g	<i>Transmembrane 9 superfamily member 4-like</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2936	SCEZRZ1013G10.g	-NA-					-1.95					-1.38
2937	SCEZRZ1014A03.g *	Pantothenate kinase 2-like			-1.65							
2938	SCEZRZ1014A04.g	Zinc-finger protein c60910-like			1.59		1.44		1.09			
2939	SCEZRZ1014A06.g	Halocid dehalogenase-like hydrolase family protein					1.04			-1.29	1.17	-1.67
2940	SCEZRZ1014B01.g	Rrm-containing protein seb-4								-1.47		-1.99
2941	SCEZRZ1014B06.g	Ferric-chelate reductase 1-like			-2.36		-2.08		-2.06		-1.99	-2.34
2942	SCEZRZ1014C04.g	Osmotin-like protein					1.57			1.88		1.7
2943	SCEZRZ1014D09.g	Beta subunit isoform 1										-1.01
2944	SCEZRZ1014E01.g	Diphosphonucleotide phosphatase expressed										1.29
2945	SCEZRZ1014E07.g	Narrow leaf 1					1.79					
2946	SCEZRZ1014E09.g	Heat shock protein										-1.3
2947	SCEZRZ1014F04.g	Mitogen-activated protein kinase 2							1.14		1.16	
2948	SCEZRZ1014F10.g *	Peroxiredoxin-2e- chloroplastic-like			1.06					-1.99		-2.22
2949	SCEZRZ1014F11.g *	-NA-			1.54							
2950	SCEZRZ1015B10.g *	Ring finger protein 5			1.04			1.42				
2951	SCEZRZ1015D09.g	Serine threonine-protein kinase at5g01020-like					-1.99		-2.3		-1.5	-1.74
2952	SCEZRZ1015F07.g	Ring-h2 finger protein atl1r					-2.22					
2953	SCEZRZ1015F10.g	Qltg3-1					-1.65		-2.82		1.33	1.48
2954	SCEZRZ1015H12.g	Probable histone deacetylase 19-like									1.41	1.51
2955	SCEZRZ1016B02.g	Grx-i1 - glutaredoxin subgroup iii			1.31		-1.19		-1.49		-1	-1.26
2956	SCEZRZ1016C05.g	Disease resistance protein rpm1-like isoform x4								1.68		
2957	SCEZRZ1016C11.g	Dna binding like					1.66		1.92			
2958	SCEZRZ1016E12.g	Atp-citrate synthase alpha chain protein 2-like			-1.97		-1.87		-1.53			-1.37
2959	SCEZRZ1016F10.g *	Aldose reductase	1.16			1.58		1.3				
2960	SCEZRZ1016G04.g	Plant disease resistance poly					1.67					
2961	SCEZRZ1016G06.g *	Pentatricopeptide repeat-containing protein at3g22690-like					-1.25	2.69	-1.51		-1.22	-1.55
2962	SCEZRZ1016G07.g	2 -deoxymugineic-acid 2 -dioxygenase-like	-1.09			-1.02					-2.12	-2.76
2963	SCEZRZ1016H12.g *	Isoflavone reductase homolog			-1.35						-1.13	-1.36
2964	SCEZRZ1017B01.g	-NA-			1.19						2.17	1.45
2965	SCEZRZ1017B12.g *	Uncharacterized protein loc101780825							-1.8		-1.38	-2.07
2966	SCEZRZ1017C09.g	-NA-				1.33						
2967	SCEZRZ1017D10.g *	Shikimate kinase			-1.27			4.54				-1.32
2968	SCEZRZ1017E04.g	Phi-1					-2.04					
2969	SCEZRZ3015E11.g *	Basic endochitinase c precursor								-2.27		-2.6
2970	SCEZRZ3016A08.g	Heat shock factor			3.35	2.58	2.27	2.78				
2971	SCEZRZ3016E07.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g036060 [Sorghum bicolor]					-1.94			-1.83		-2.22
2972	SCEZRZ3016G06.g	Polyol transporter protein 4			1.07		1.16				-2.62	-3.13
2973	SCEZRZ3016H03.g	Serine carboxypeptidase 1 precursor								-2.34		-2.47
2974	SCEZRZ3016H08.g	Protein isoform 2					-2.03					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
2975	SCEZRZ3017C06.g *	-NA-		-2.51				-3.32		-2.69		
2976	SCEZRZ3017H08.g	<i>Folic acid and derivative biosynthetic process</i>				-2.53						
2977	SCEZRZ3018F02.g	<i>Tgacg-sequence-specific dna-binding protein tga-like</i>							1.65		1.95	
2978	SCEZRZ3018G06.g	<i>Actin cross-linking</i>				-1.79						
2979	SCEZRZ3019C12.g	<i>Trehalose-phosphate phosphatase</i>	-1.05		-1.96	-1.68		-2.16				
2980	SCEZRZ3019D04.g *	<i>F-box wd repeat-containing protein 4</i>							2.28			
2981	SCEZRZ3019D08.g	<i>Uncharacterized protein loc101757508</i>				-1.82			-2.39		-1.93	
2982	SCEZRZ3019F06.g *	<i>Gamma-glutamyltranspeptidase 1</i>	-1.61		-1.48				-2.46		-2.45	
2983	SCEZRZ3019H07.g	<i>Mate efflux family protein 9-like</i>				-2.41		-2.53	-1.58		-1.44	
2984	SCEZRZ3019H09.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>							-1.17		-1.92	
2985	SCEZRZ3049D03.g *	<i>Xylosyltransferase oxt</i>							-3.17			
2986	SCEZRZ3050D04.g	<i>Peptide transporter ptr2</i>							-2.14		-2.21	
2987	SCEZRZ3050D12.g	<i>Microtubule-associated protein 70-5-like</i>							-3.11		-3.72	
2988	SCEZRZ3050F07.g	<i>Anthranilate synthase component i family expressed</i>		-1.44			-1.46					
2989	SCEZRZ3050H04.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-013833</i>				-3						
2990	SCEZRZ3052B02.g *	<i>Unc93-like protein 1-like</i>	-1.11						-1.52		-1.87	
2991	SCEZRZ3052D11.g *	<i>Wrky45-like transcription factor</i>			-1.34	-1.32			-1.06			
2992	SCEZRZ3052F10.g *	-NA-							2.42			
2993	SCEZRZ3052G06.g	<i>3 -n-debenzoyltaxol n-benzoyltransferase -like</i>	-1.08		-2.78		-2.98					
2994	SCEZRZ3052G09.g *	<i>Bzip protein</i>	1.73						-1.18			
2995	SCEZRZ3053A03.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g041020</i>	1.53		1.35			1.55		-1.14	-1.23	
2996	SCEZRZ3088A10.g	<i>Alpha -glycosyltransferase-like protein</i>									-1.57	
2997	SCEZRZ3088B06.g	<i>Hga1-like protein</i>							1.39		1.4	
2998	SCEZRZ3094D10.g	<i>3 -n-debenzoyl-2 -deoxytaxol n-benzoyltransferase-like</i>							-1.15		-1.29	
2999	SCEZRZ3095G08.g *	<i>Mate efflux family protein 9-like</i>				-2.43		-2.51		-1.58		
3000	SCEZRZ3095H04.g	-NA-		-2.28		-1.03						
3001	SCEZRZ3098F01.g *	-NA-					-2.29					
3002	SCEZRZ3099A11.g	<i>T-complex protein 11-like protein 1</i>							1.34			
3003	SCEZRZ3099D06.g	<i>Sucrose synthase</i>		-1.75		-1.88		-1.79		1.52	2.17	
3004	SCEZRZ3100G04.g *	<i>Probable protein phosphatase 2c 29-like</i>		2.3					-1.14		-1.55	
3005	SCEZRZ3100H11.g *	<i>Multiple stress-responsive zinc-finger protein isap1</i>	1.02		1.12			1.4				
3006	SCEZRZ3101A11.g *	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 2</i>							-3.37		-3.81	
3007	SCEZRZ3101D09.g	<i>Nodulin family protein</i>							2.26		2.33	
3008	SCEZRZ3101E07.g	<i>Pinus taeda anonymous locus 0-8672-01 genomic sequence</i>							-2.17		-2.46	
3009	SCEZRZ3127F12.g	<i>Phi-1 precursor</i>		2.8		2.35		2.4				
3010	SCEZRZ3127H07.g	<i>Late embryogenesis abundant protein</i>				-3.49			-1.01		-1.53	
3011	SCEZSB1090C11.g *	<i>Temperature-induced lipocalin</i>						2.14				
3012	SCEZSB1090E08.g	<i>Adenine nucleotide translocator</i>							-1.18		-1.29	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3013	SCEZSB1091A07.g	<i>Glucose-6-phosphate isomerase</i>							2.69		3	
3014	SCEZSB1092B08.g	<i>Maternal effect embryo arrest 59</i>	-2.96		-2.36						-1.53	
3015	SCEZSB1093H02.g *	<i>Monoacylglyceride lipase-like</i>	4.2	2.38	4.08		3.63	2.2	1.65			
3016	SCEZSB1093H10.g	<i>Alkaline alpha galactosidase 2</i>				1.24						
3017	SCEZSB1094A07.g	<i>Pyrrolidone-carboxylate peptidase</i>								3.64	4.1	
3018	SCEZSD1079C10.g	<i>Bidirectional sugar transporter sweet3a-like</i>				-3.55		-3.35			-3.35	
3019	SCEZSD2080C09.g *	<i>Beta-glucosidase 12-like</i>		-3.15								
3020	SCEZST3147B04.g *	<i>Uncharacterized loc101221763</i>	4.87									
3021	SCEZST3147B09.g	<i>F-box kelch-repeat protein at1g23390-like isoform x1</i>							1.59		1.72	
3022	SCEZST3148B03.g	<i>Hlh dna-binding domain superfamily protein</i>				-1.64						
3023	SCEZST3150C12.g	<i>Vacuolar-sorting receptor 6-like</i>								-1.53	-1.44	
3024	SCEZST3151H02.g	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like</i>							2.53		2.73	
3025	SCJFAD1011A07.b *	<i>Beta-glucosidase 25-like</i>		-4.03								
3026	SCJFAD1011B11.g *	<i>Abc transporter g family member 11-like</i>						-1.35				
3027	SCJFAD1011C01.g	<i>Acyl-protein thioesterase 1 homolog 1-like</i>									1.68	
3028	SCJFAD1011F07.b	<i>Probable glucuronosyltransferase os01g0926700-like</i>				-2		-1.61		-1.78		-2.76
3029	SCJFAD1012C08.g *	<i>Elongation factor 1 alpha</i>	-1.09									
3030	SCJFAD1012D01.b *	<i>Gds1 esterase lipase at5g37690-like</i>	-1.92									
3031	SCJFAD1012G09.b	<i>Dihydrophingosine 1-phosphate phosphatase -like</i>							1.53		1.56	
3032	SCJFAD1012G09.g	<i>Dihydrophingosine 1-phosphate phosphatase -like</i>							1.85		1.86	
3033	SCJFAD1012H12.g	<i>Serine threonine-protein kinase nak</i>				-3.56		-3.38		-1.27		-1.49
3034	SCJFAD1013A10.g	<i>Amp-dependent synthetase and ligase family protein</i>	-2.74						3.07		3.02	
3035	SCJFAD1013G12.g	<i>Farnesylcysteine lyase-like</i>							1.98		2.05	
3036	SCJFAD1013H02.g	<i>16kda membrane protein</i>		-1.26								
3037	SCJFAD1014C09.b *	<i>Peroxidase 2-like</i>	-1.87								-1.51	
3038	SCJFAD1014E12.b *	<i>Tpa: alcohol dehydrogenase superfamily protein</i>	-1.65									
3039	SCJFAD1C12A04.b	<i>Root abundant factor</i>	-2.17		-1.79		-1.72				1.21	
3040	SCJFAD1C12D04.b *	<i>Protein</i>	-1.42						1.62		1.71	
3041	SCJFAD1C12H02.b	<i>Tpa: submergence induced protein si397</i>							2.58		2.81	
3042	SCJFAM1065E06.g	<i>Probable anion transporter chloroplastic-like</i>	2.54		2.77		2.91					
3043	SCJFAM1065H12.g *	<i>Serine threonine-protein kinase-like protein ccr3-like</i>			-2.05				-1.45			
3044	SCJFAM1066B05.g	<i>14 kda zinc-binding</i>			-1.24							
3045	SCJFAM1067F03.g	<i>Boron transporter</i>	3.57		3.9				1.09		1.13	
3046	SCJFFL1C01H07.b *	<i>Protein phosphatase 2c</i>	4.86	2.1	5.2		4.76		-1.9		-2.65	
3047	SCJFFL1C03B07.b	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>							2.27		3.08	
3048	SCJFFL1C03C07.g	<i>Pollen-specific protein sf3</i>				-2.6			-1.92		-2.57	
3049	SCJFFL1C04C08.b *	<i>3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase</i>							-3.08			
3050	SCJFFL1C04F02.b	<i>Ent-copalyl diphosphate synthase chloroplastic-like</i>	-3.73		-5.51		-4.45		-3.62		-4.26	
3051	SCJFFL1C08H12.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g002400</i>					1.43					
3052	SCJFFL3C01G10.g *	<i>Ubiquitin-protein ligase</i>		1.29								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3053	SCJFFL3C03F08.b	-NA-									-2	
3054	SCJFFL3C04H06.b *	<i>Nac1 transcription factor</i>		1.49			2.33					
3055	SCJFFL3C06E11.b *	<i>Zim motif family expressed</i>					-1.21			-1.55	-1.66	
3056	SCJFHR1032D11.g	<i>Glutamine synthetase</i>										
3057	SCJFHR1033C07.g *	<i>S-adenosylmethionine decarboxylase proenzyme</i>	1.11	1.23								
3058	SCJFHR1034B07.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g004270</i>		1.17								
3059	SCJFHR1C03B08.g *	<i>Peptide transporter ptr2</i>		-1.81						-4.42	-3.94	
3060	SCJFHR1C03C09.g	<i>Hypothetical protein</i>			1.64							
3061	SCJFHR1C03E12.b *	<i>Beta-glucosidase 16</i>		-1.75						-1.77	-1.89	
3062	SCJFHR1C04D06.b *	-NA-							-1.39	-1.43	-2.05	
3063	SCJFHR1C05H09.b	<i>Putative protein of unknown function (DUF594) domain family protein</i>			2.24							
3064	SCJFHR1C06C03.b	<i>Isoform 1</i>			-2.28							
3065	SCJFHR1C06D07.b *	<i>Amino acid permease 3-like</i>	1.79				1.63		-2.09		-3.01	
3066	SCJFLR1013A01.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g014340</i>					1.99					
3067	SCJFLR1013A09.g	<i>Cysteine proteinase 1-like</i>									-1.06	
3068	SCJFLR1013A11.g *	<i>Disease resistance response protein 206-like</i>			-1.59					-1.36		
3069	SCJFLR1013A12.g *	<i>Histone h4</i>		-1.13								
3070	SCJFLR1013B03.g *	<i>bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase</i>		-1.16								
3071	SCJFLR1013B10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g007740</i>									1.05	
3072	SCJFLR1013D04.g	<i>Cinnamoyl-reductase 1-like</i>			1.61							
3073	SCJFLR1013D07.g	<i>Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein isoform 1</i>									-1.88	
3074	SCJFLR1013E04.g	<i>Uridine diphosphate glucose dehydrogenase</i>										
3075	SCJFLR1013E10.g *	<i>Ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1</i>	1.77	-2.16	1.25	-2.45	1.5	-1.95				
3076	SCJFLR1013E12.g *	<i>Calcium-dependent lipid-binding family</i>					1.78		-1.46		-1.76	
3077	SCJFLR1013F02.g	-NA-							-1.02			
3078	SCJFLR1013G06.g	<i>Yt521-b-like family expressed</i>				1.67	1.29		1.05		1.27	
3079	SCJFLR1013H07.g	<i>Uncharacterized protein loc100191649</i>				-2.49	-2.06				-1.51	
3080	SCJFLR1013H10.g	<i>Udp-glucose 6-expressed</i>		-1.09		-1.03					-1.02	
3081	SCJFLR1017B09.g	<i>Cellulose synthase a catalytic subunit 4</i>		-2.33		-2.37		-1.68		-1.93	-1.58	
3082	SCJFLR1017B12.g	<i>Uncharacterized cog1678 family expressed</i>	3.89		4.97				1.19		2.25	
3083	SCJFLR1017C01.g	<i>Protein glutamine dumper 4-like</i>		1.19		1.01				1.68	1.76	
3084	SCJFLR1017C10.g *	<i>Hypothetical protein</i>					2.27					
3085	SCJFLR1017D12.g	<i>Wat1-related protein at4g30420-like</i>								2.07	2.49	
3086	SCJFLR1017E03.g	<i>B chain semi-active e176q mutant of rice a plant - glucosidase</i>								-1.32	-1.77	
3087	SCJFLR1017E09.g *	<i>Probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like</i>	2.46	4.75	2.56	4.23	2.94	3.44				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3088	SCJFLR1017H12.g	<i>Vegetative cell wall protein gp1-like</i>									-1.76	-1.88
3089	SCJFLR1035A11.g *	<i>R2r3-myb transcription factor</i>		1.02		1.36						
3090	SCJFLR1035B03.g *	<i>Response regulator 9</i>			-1.27							
3091	SCJFLR1035B10.g *	<i>Ocs element-binding factor 1</i>										1.05
3092	SCJFLR1035B11.g	<i>Thioredoxin-like protein chloroplastic-like</i>		1.45		1.77						
3093	SCJFLR1035C02.g	<i>Asparagine synthetase</i>					-1.24			-1.05		
3094	SCJFLR1035D12.g *	<i>Glycine-rich rna binding protein</i>			-1.15				-1.51			
3095	SCJFLR1035E04.g	<i>Chitin-inducible gibberellin-responsive protein 1-like</i>					-1.4					
3096	SCJFLR1035G06.g	<i>Unknown</i>					1.45	-1.04				
3097	SCJFLR1035H06.g *	<i>Tpa: tify domain cct motif transcription factor family protein</i>							-1.13			
3098	SCJFLR1035H10.g *	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>						1.14				
3099	SCJFLR1056D07.g	<i>Lachrymatory-factor synthase-like</i>			-2.8							
3100	SCJFLR1071B03.g	<i>Adenyllyl-sulfate kinase</i>					-2.04					
3101	SCJFLR1073A01.g *	<i>Metal ion binding protein</i>					-1.44		-1.98			
3102	SCJFLR1073A02.g *	<i>Protein ycf23</i>	-2.1							-1.05		-1.25
3103	SCJFLR1073D03.g	<i>Glutamate-1-semialdehyde - chloroplastic-like</i>					1.46					-1.47
3104	SCJFLR1073D07.g *	<i>Annexin-like protein rj4</i>		1.47						-1.51		
3105	SCJFLR1073E04.g	<i>Adipocyte plasma membrane-associated</i>										-1.15
3106	SCJFLR1073E07.g	<i>Photosystem ii 10 kda polypeptide</i>					1.82		1.27			2.07
3107	SCJFLR1073F05.g	<i>Heparan-alpha-glucosaminidase</i>										
		<i>n-acetyltransferase-like isoform x1</i>										
3108	SCJFLR1073F10.g *	<i>Ccaat-binding transcription factor subunit b family expressed</i>		1.54			1.61		1.54			
3109	SCJFLR1073G04.g	<i>Uncharacterized protein loc101780165</i>		1.21		1.23						
3110	SCJFLR1073H07.g *	<i>Aba 8-hydroxylase</i>		2.31								
3111	SCJFLR1073H08.g *	<i>Glutathione transferase iii</i>								-1.18		-1.24
3112	SCJFLR1073H09.g	<i>Enolase 1</i>								1.12		1.42
3113	SCJFLR1073H12.g	<i>Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>	3.94		4.24	2.07	4	2.22				
3114	SCJFLR1074A11.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like</i>										2.49
3115	SCJFLR1074C05.g	<i>Cellulose synthase-like protein h1</i>										-3.21
3116	SCJFLR1074C07.g	<i>Seed specific protein bn15d1b</i>								-1.41		-1.46
3117	SCJFLR1074D04.g	<i>Probable 6-phosphogluconolactonase chloroplastic-like</i>										-1.76
3118	SCJFLR1074D09.g	<i>Uncharacterized protein loc100276525</i>		-1.33		-1.54		-1.37		-1.68		-1.62
3119	SCJFLR1074E02.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at3g47570-like</i>										1.91
3120	SCJFLR1074E06.g	<i>31 kda chloroplastic-like</i>									-1.19	
3121	SCJFLR1074E09.g	<i>Cold acclimation protein</i>	2.97	2.18	3.3	2.77		1.97		-1.64		-2.06
3122	SCJFLR1074F10.g *	<i>Plasma membrane</i>		-1.54	-1.55						1.28	1.45
3123	SCJFLR2035B06.g	<i>Wound induced protein</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3124	SCJFLR2036A02.g	Hypothetical protein OsI-26864 [ <i>Oryza sativa Indica Group</i> ]					-1.35				1.01	
3125	SCJFLR2036A04.g	Gibberellin receptor <i>gid1l2</i>									-1.56	
3126	SCJFLR2036B04.g *	Cyclophilin 1	-1.01					-1.07				
3127	SCJFLR2036D10.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g017980									-2.05	
3128	SCJFLR2036E03.g	Protein kinase superfamily protein					2.07					
3129	SCJFLR2036F02.g *	-NA-							-2.13		-2.32	
3130	SCJFLR2036G04.g	-NA-			-1.93		-1.47		-1.82			
3131	SCJFLR2036G11.g	Root phototropism protein 2-like	-1.21		-2.43		-1.81					
3132	SCJFRT1005A02.g	<i>Cspl5-sorbi ame: full=casp-like protein sb02g009660</i>		-1.39		-1.6						
3133	SCJFRT1005B02.g	Senescence-associated family protein					1.45		2.54		2.48	
3134	SCJFRT1005C11.g	Protein srg1-like		-1.78		-2.06		-1.28		-2.17		-2.77
3135	SCJFRT1005D01.g	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase								1.72		1.5
3136	SCJFRT1005D04.g	Pyruvate decarboxylase isozyme 2					-1.15		2.44		2.62	
3137	SCJFRT1005F11.g *	Peroxidase 49 precursor		-1.54								
3138	SCJFRT1005G08.g *	Anthranoilate n-benzoyltransferase protein 1	2.59	2.13					1.17	-1.99	1.24	-1.86
3139	SCJFRT1007A05.g	Protein <i>afg1</i> -like								1.62		1.83
3140	SCJFRT1007A11.g	Probable galacturonosyltransferase-like 9-like					-1.37		-1.31			
3141	SCJFRT1007A12.g	Ethylene receptor								1.98		2.33
3142	SCJFRT1007E01.g *	2 -deoxymugaineic-acid 2 -dioxygenase-like		-2.81						-1.3		-1.12
3143	SCJFRT1007F09.g	Probable o-methyltransferase 2-like		-2.15		-1.95				-1.02		-1.29
3144	SCJFRT1007G02.g *	Glucuronosyltransferase <i>pgsip7</i> -like					-1.79			-2.72		
3145	SCJFRT1007H07.g	Linoleate 9s-lipoxygenase 2-like		-2.28	-1.32	-3.02				-3.02		-2.69
3146	SCJFRT1008A04.b	Ferric-chelate reductase 1-like								4.58		4.46
3147	SCJFRT1008A04.g	Cytochrome b561 ferric reductase transmembrane with domain related domain								4.55		4.96
3148	SCJFRT1008A08.g	Abc transporter c family member 5-like					1.59					
3149	SCJFRT1008A09.g *	Probable glutathione s-transferase <i>gstu6</i> -like						-2.61				
3150	SCJFRT1008C05.g	Hypersensitive-induced response protein	-1.47	-1.15	-1.67		-1.73			1.45		1.7
3151	SCJFRT1008C09.g *	Fatty acid elongase					-1.09	2.76		-1.62		-1.36
3152	SCJFRT1008F04.b	Tpa: submergence induced protein <i>si397</i>								2.17		2.21
3153	SCJFRT1008F05.g	Transcription factor <i>bhlh128</i> -like								2.68		2.98
3154	SCJFRT1008G05.g *	Lichenase-2 precursor										-2.43
3155	SCJFRT1008H01.g	Lustrin a-like					-1.04					
3156	SCJFRT1009A02.g	PREDICTED: uncharacterized protein <i>LOC101777413</i>		-3.76		-3.22						
3157	SCJFRT1009B01.g	Patatin t5 precursor		-2.49		-2.01		-2.26				
3158	SCJFRT1009B11.g *	Brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 precursor						-1.92				
3159	SCJFRT1009E03.g	Cysteine proteinase					-5.56			7.26		6.91
3160	SCJFRT1009E08.g	Heavy metal-associated domain containing protein					1.56		1.59			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3161	SCJFRT1009E12.g	Glycine-rich protein							1.21		1.49	
3162	SCJFRT1009F02.g	Regulatory subunit							1.62		1.94	
3163	SCJFRT1009H11.g *	Ethylenic-responsive transcription factor rap2-7-like	-1.36				-1.47					
3164	SCJFRT1010A11.g	Stress response protein nst1-like isoform x1							2.02		1.74	
3165	SCJFRT1010B06.g	Probable inactive purple acid phosphatase 1-like					-1.62	-1.84	1.28		1.39	
3166	SCJFRT1010C08.g *	Tonoplast intrinsic protein		-1.58		-1.81		-1.57				
3167	SCJFRT1010D11.g	Zeaxanthin chloroplastic-like				-1.79			1.09		1.42	
3168	SCJFRT1010E08.g	3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase-like		-1.23		-2.81		-3.05				
3169	SCJFRT1010G04.g *	Vq motif family protein	2.88		2.74		3.13	-2	3.11		3.81	
3170	SCJFRT1010H03.g	Alcohol dehydrogenase i		3.09		3.12		2.27				
3171	SCJFRT1011E05.b *	Ocs element-binding factor 1	1.09		1.11		1.58	1.26				
3172	SCJFRT1012A12.g *	Ureide permease 2-like		-2.04				-1.83	-2.14		-2.02	
3173	SCJFRT1012B01.b	-NA-							-3.02		-4.98	
3174	SCJFRT1012B05.g *	Abscisic acid receptor pyl4-like	-4.04				-4.61		1.29		1.52	
3175	SCJFRT1012B07.g *	Anthocyanidin -o-glucosyltransferase					-1.43		-1.41		-1.58	
3176	SCJFRT1012F09.g	Probable serine threonine-protein kinase at1g01540-like									-2.33	
3177	SCJFRT1012G12.g *	Cytochrome p450 superfamily protein							-1.15			
3178	SCJFRT1012H07.g *	Calmodulin-binding family protein					1.8				-1.71	
3179	SCJFRT1058A02.g *	-NA-										
3180	SCJFRT1058A06.g	Germin-like protein 3-7-like					-2.75					
3181	SCJFRT1058B04.g	65-kda microtubule-associated protein 6-like					-3.13					
3182	SCJFRT1058C05.g	Tpa: patellin family protein					1.03		1.35		1.64	
3183	SCJFRT1058E07.g *	Tpa: plasma membrane intrinsic protein2	1.34		2.56							
3184	SCJFRT1058F10.g *	Ferredoxin-nadp root chloroplastic		-1.04				-1.85				
3185	SCJFRT1058H12.g	Tpa: wrky dna-binding domain superfamily protein									2.76	
3186	SCJFRT1059A03.g *	Cbs domain-containing protein cbsx5-like		1.2					-1.09			
3187	SCJFRT1059B03.g *	Grx-i1 - glutaredoxin subgroup iii	1.12			-1.18		1.33	1.06		1.19	
3188	SCJFRT1059C11.g	Plasma membrane intrinsic protein	5.96	2.17	5.89	2.54	5.19	1.89	-1.58		-1.29	
3189	SCJFRT1059E03.g	Uncharacterized protein loc102717879				-1.29		-1.74	-1.25		-1.48	
3190	SCJFRT1059F02.g	Senescence-associated family protein							2.53		2.6	
3191	SCJFRT1059F03.g	Ethylenic-responsive transcription factor rap2-13-like		1.04	1.01		1.99					
3192	SCJFRT1059F04.g	Probable ccr4-associated factor 1 homolog 11-like			-1.61	-1.18					-1.19	
3193	SCJFRT1059F12.g	Serine carboxypeptidase family expressed								-1.82		
3194	SCJFRT1060A09.b *	Leucoanthocyanidin reductase		-1.04					1.42			
3195	SCJFRT1060C03.g	Ribonuclease h protein at1g65750-like				-2.13			-1.87		-2.1	
3196	SCJFRT1060F11.g	Cytosolic orthophosphate dikinase				-3.2		-1.98	2.13		2.27	
3197	SCJFRT1060G12.g	Asr2 protein		-1.24		-1.21				1.07		
3198	SCJFRT1061B06.g *	Lactoylglutathione lyase				-1.57		1.42				
3199	SCJFRT1061B07.g	O-methyltransferase							-1.28		-1.77	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3200	SCJFRT1061B11.b *	Glycosyl hydrolase family 10 protein		-1.79				-3.28		1.14	1.16	
3201	SCJFRT1061G09.g *	Probable inactive purple acid phosphatase 27-like	-2.1	-1.82		-1.86				-1.97	-2.45	
3202	SCJFRT1062A07.b	Transferase caf17 mitochondrial-like			1.99		2.07					
3203	SCJFRT1062C04.g	Protein yls9-like			-1.02					-1.54	-1.81	
3204	SCJFRT1062D03.b *	Alpha amylase		-1.71						-2.35	-2.75	
3205	SCJFRT1062D12.b	Xylanase inhibitor protein 1-like		2.37		2.96		2.32		1.59		
3206	SCJFRT1062E02.b *	Amino acid-polyamine transporter						1.91		-2.04	-2.11	
3207	SCJFRT1062H01.b	Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g009350 [Sorghum bicolor]				-1.02					-1.04	
3208	SCJFRT1062H02.g	Probable allantoinase 1-like			-2.36	-2.54		-2.24				
3209	SCJFRT1062H07.g	Pyruvate decarboxylase							3.77	3.72		
3210	SCJFRT2053C08.g *	Probable protein phosphatase 2c 63-like							-1.31	-1.46		
3211	SCJFRT2053C12.g	Blue-light photoreceptor phr2-like							-1.15	-1.56		
3212	SCJFRT2053D08.g	Cspl5-sorbi ame: full=casp-like protein sb02g009660		-1.67		-1.48						
3213	SCJFRT2053E02.b *	-NA-		-3.21		-2.25						
3214	SCJFRT2053H09.g *	-NA-				1.21			1.26			
3215	SCJFRT2054A03.g	Transmembrane 9 superfamily member 4-like		-1.8		-1.6		-1.44		-1.39	-1.03	
3216	SCJFRT2054A12.b *	-NA-							4.45			
3217	SCJFRT2054E01.g	3 -n-debenzoyl-2 -deoxytaxol n-benzoyltransferase-like		-1.27		-1.31					-1.29	
3218	SCJFRT2054G08.g	Cytochrome p450 reductase		-2.26		-1.84		-1.79		-2.17	-3.34	
3219	SCJFRT2054G12.g *	Uncharacterized protein loc100277139		1.37								
3220	SCJFRT2054H03.g *	Nad h-dependent oxidoreductase	1.21		1.47		1.53	1.05		-1.9	-2.36	
3221	SCJFRT2054H05.g	Tpa: thaumatin domain family protein							1.46	-1.67	1.53	
3222	SCJFRT2055A07.g	U-box domain-containing protein 27-like			-1.98						-2.42	
3223	SCJFRT2055B05.g	Heat shock protein 90	3.2	2.57	4.01	4.52	2.63	2.35		-1.08		
3224	SCJFRT2055C03.g	Blue copper protein		-1.26		-2.15		-1.95		-3.34	-3.35	
3225	SCJFRT2055D01.g	Protein phosphatase 2c family protein						1.74		1.79	1.87	
3226	SCJFRT2055E04.g *	O-glycosyl hydrolase superfamily protein										
3227	SCJFRT2055E06.b *	Protein					-1.26					
3228	SCJFRT2055E11.b	Beta-expansin 1a precursor				-4.15						
3229	SCJFRT2055F08.g *	Probable nitrite transporter at1g68570-like							2.29			
3230	SCJFRT2056C09.g	Tpa: glycoprotein				1.65						
3231	SCJFRT2057A02.g	1-deoxy-d-xylulose 5-phosphate reductoisomerase									-2.52	
3232	SCJFRT2057C02.g *	-NA-						1.68				
3233	SCJFRT2057D05.g *	2-succinylbenzoate-ligase			-2.43			-2.79		3.07	3.09	
3234	SCJFRT2057D09.g *	Heavy-metal-associated domain-containing expressed								1.29		
3235	SCJFRT2057F01.g *	Subtilisin-like protease-like	1.45					1.62		-1.56		
3236	SCJFRT2057F03.g *	Subtilisin-like protease-like								-1.64	-1.66	
3237	SCJFRT2057H11.g	Protease inhibitor seed storage ltp family protein		-3.51		-4.57		-2.76				
3238	SCJFRT2058E02.g *	Probable 4-coumarate-ligase 5-like			-2.37		-2.3			-2.61		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3239	SCJFRT2058E08.g	<i>Cinnamoyl reductase</i>							-1.46		-1.85	
3240	SCJFRT2058F08.g *	<i>Receptor protein kinase 1</i>							1.84			
3241	SCJFRT2058G11.g	-NA-			2.04		2.08					
3242	SCJFRT2058H04.g	<i>Cis-zeatin o-glucosyltransferase</i>			-3.24				-3.88		-4.13	
3243	SCJFRT2059C10.g	<i>Protein tpx2-like</i>			-3.58						-2.04	
3244	SCJFRT2059C12.g *	<i>Uncharacterized protein loc100279332</i>		-1.51				-1.2		-1.47	-1.54	
3245	SCJFRT2059D02.b	<i>Plant viral-response family</i>							1.82		1.86	
3246	SCJFRT2059E07.g *	<i>Zinc finger protein constans-like 11</i>				2.86						
3247	SCJFRT2059E08.b	<i>Ammonium transporter</i>			-1.61				-1.27		-1.57	
3248	SCJFRT2059E11.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g031530</i>			-2.67		-2.1					
3249	SCJFRT2059G12.b *	<i>Receptor-like protein kinase hsl1-like</i>	1.59				1.69					
3250	SCJFRT2059H01.g *	<i>Caltractin</i>							1.24			
3251	SCJFRT2059H03.b	<i>Uncharacterized loc101212597</i>			1.81					1.24		
3252	SCJFRT2059H06.b *	<i>Protease i-like protein yls5</i>				1.58			-1.64			
3253	SCJFRT2059H07.b	<i>U-box domain-containing protein 27-like</i>	4.77		4.79		5.83					
3254	SCJFRT2059H08.g	<i>Transcription factor myb1r1-like</i>	1.54	1.14	1.17	1.2	1.43					
3255	SCJFRT2059H11.g *	<i>Sulfotransferase 17</i>						-1.55	-1.65		-2.38	
3256	SCJFRT2060A01.g *	<i>Protein yls7-like</i>						-2.53	-1.37		-2.18	
3257	SCJFRT2060A05.g	<i>Probable o-methyltransferase 2-like</i>		-3.42		-3.02		-2.46		-3.18	-4.25	
3258	SCJFRT2060C07.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor 2</i>			-1.42							
3259	SCJFRT2060D05.g	<i>Protein walls are thin 1</i>		-1.66		-2.27			-1.84		-1.84	
3260	SCJFRT2060F11.g *	<i>Gibberellin 20 oxidase 2</i>					1.42					
3261	SCJFRT2060G01.g	<i>Heparan-alpha-glucosaminide n-acetyltransferase-like isoform x2</i>			1.94	1.59		1.4				
3262	SCJFRT2060G04.g *	<i>Zf-hd homeobox protein at4g24660-like</i>		-1.98				-1.99		1.36		
3263	SCJFRZ1005C03.g	<i>3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase</i>							-1.2		-1.45	
3264	SCJFRZ1005E07.g	<i>Nuclease s1-like</i>									-1.51	
3265	SCJFRZ1005F03.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein 2</i>									2.75	
3266	SCJFRZ1005G06.g *	<i>Aconitate cytoplasmic</i>		-1.52								
3267	SCJFRZ1005H04.b	<i>Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein</i>	-1.39		-1.18							
3268	SCJFRZ1006A05.g	<i>Bzip transcription factor abi5</i>			2.02							
3269	SCJFRZ1006A09.g	<i>Nicotianamine synthase 3</i>							-1.73		-2.26	
3270	SCJFRZ1006E06.g	<i>Tubulin beta-3 chain-like</i>		-2.12		-1.26		-1.78		-1.29	-1.54	
3271	SCJFRZ1006G04.g	<i>Cas1 domain-containing protein 1-like</i>		-1.52		-1.49		-1.25		-1.44	-2.06	
3272	SCJFRZ1007A10.g	<i>Betaine aldehyde dehydrogenase</i>							-1.33		-1.2	
3273	SCJFRZ1007B11.g *	<i>Kinesin heavy chain</i>		-2.15							-1.37	
3274	SCJFRZ1007C01.g	<i>Hypothetical protein TRIUR3-29875</i>							3.42		3.16	
3275	SCJFRZ1007D07.g	<i>Hypothetical protein [Zea mays]</i>			1.17				2.02		1.82	
3276	SCJFRZ1007G01.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-104204</i>		1.2		1.59		1.27				
3277	SCJFRZ1007G02.g	<i>Polyamine oxidase</i>		-2.54		-3.17						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3278	SCJFRZ1007G03.g *	<i>Histidine amino acid transporter</i>	-1.12	-1.7		-1.96	-1.12	-2.12		-1.54		-1.27
3279	SCJFRZ1007H04.g	<i>Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein</i>	-1.51		-1.22							
3280	SCJFRZ2005A01.g	<i>At-rich element binding factor 3</i>								1.05	1.02	1.16
3281	SCJFRZ2005G11.g *	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>								1.14		1.22
3282	SCJFRZ2006A09.g	<i>-NA-</i>			1.67	2.4						
3283	SCJFRZ2006C11.g	<i>-NA-</i>		-1.03		-1.86				-1.43		-1.84
3284	SCJFRZ2006E01.g *	<i>Proline-rich protein subfamily 1-like</i>	-1.02									
3285	SCJFRZ2006E02.g	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>		3.92		2.77		2.7				
3286	SCJFRZ2006E04.g	<i>-NA-</i>		1.94	1.77	2						
3287	SCJFRZ2006G07.g	<i>Hypothetical protein</i>								1.36		1.53
3288	SCJFRZ2006H09.g *	<i>Protein wir1b-like</i>							-2.57			
3289	SCJFRZ2007A03.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>	2.87		2.59		3.45					
3290	SCJFRZ2007B03.g *	<i>Polyadenylate-binding cytoplasmic and nuclear-like</i>		-1.25								
3291	SCJFRZ2007C01.g *	<i>Cysteine synthase</i>	-1.32				-1.42					
3292	SCJFRZ2007D12.g *	<i>5'-adenylylsulfate reductase chloroplastic</i>	1.29						1.54			
3293	SCJFRZ2007F10.g	<i>U-box domain-containing protein 16-like</i>		1.74		-1.24				-1.27		-1.25
3294	SCJFRZ2007G11.g	<i>Glutaredoxin-like family protein</i>				3.75						
3295	SCJFRZ2007H01.g	<i>Rpm1-interacting protein 4-like</i>				-2		-2.15		-1.76		-1.91
3296	SCJFRZ2007H07.g	<i>Nad-dependent malic enzyme 59 kda mitochondrial</i>										-2.06
3297	SCJFRZ2009A06.g *	<i>-NA-</i>	-1.57				-2.06					-1.42
3298	SCJFRZ2009B07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g047250</i>		1.55						-1.53		-1.66
3299	SCJFRZ2009C12.g	<i>Histone h3</i>				-3.36						
3300	SCJFRZ2009D12.g *	<i>Tpa: wrky dna-binding domain superfamily protein</i>	-1.33									
3301	SCJFRZ2009E12.g	<i>Subtilisin-like protease-like</i>	2.6	3.26	2.1		2.31		-1.66			-2.25
3302	SCJFRZ2009F12.g *	<i>Drought responsive protein 2</i>						-1.02				
3303	SCJFRZ2009G07.g *	<i>Mar-binding expressed</i>								-1.18		
3304	SCJFRZ2010A01.g	<i>Thiosulfate transferase</i>								3.31		3.21
3305	SCJFRZ2010A05.g	<i>Transcription factor qsh-1</i>										1.08
3306	SCJFRZ2010E03.b *	<i>-NA-</i>	-1.31									
3307	SCJFRZ2010E03.g	<i>-NA-</i>			-1.44							
3308	SCJFRZ2010F03.g	<i>-NA-</i>		3.47		2.88		3.78				
3309	SCJFRZ2010G06.g *	<i>Udp-galactose transporter 2-like</i>		-1.51								-1.69
3310	SCJFRZ2010G10.g	<i>Phenylcoumaran benzylic ether reductase pt1</i>				1.79				1.48		1.57
3311	SCJFRZ2011B02.g	<i>Poly polymerase</i>								1.41		1.76
3312	SCJFRZ2011B05.g	<i>-NA-</i>			-1.52							
3313	SCJFRZ2011B07.g *	<i>Subtilisin-like protease-like</i>				-1.48	-1.52			-1.51		-1.4
3314	SCJFRZ2011C02.g *	<i>Uncharacterized abhydrolase domain-containing protein ddb-g0269086-like</i>								-1.8		
3315	SCJFRZ2011C05.g	<i>Tpa: tassel seed1</i>				-2.23		-1.94				
3316	SCJFRZ2011C06.g	<i>2og-fe oxygenase family protein</i>	2.29		2.28		1.96					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3317	SCJFRZ2011F04.g *	<i>Coatomer beta subunit family protein</i>		-1.06								
3318	SCJFRZ2011F06.g	<i>Pras-rich protein</i>			-1.51	-1.38			-1.7			-1.16
3319	SCJFRZ2011F12.g *	-NA-		-1.97								-2.84
3320	SCJFRZ2011G03.g	<i>F-box protein skp2a-like</i>				2.12						
3321	SCJFRZ2012A04.g	<i>Splicing factor u2af 38 kda subunit</i>				1.96	1.78					
3322	SCJFRZ2012A12.g *	<i>Cortical cell-delimiting protein</i>	1.47	1.19	1.48					-1.66		1.19
3323	SCJFRZ2012G04.g	<i>Spx domain-containing protein 1-like</i>						-1.21				
3324	SCJFRZ2013B02.g	<i>Probable 26s proteasome complex subunit sem1-1-like</i>										
3325	SCJFRZ2013B05.g	-NA-				-3.93						
3326	SCJFRZ2013C01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g007240</i>			-1.33	-1.43						
3327	SCJFRZ2013D06.g *	-NA-		1.28								
3328	SCJFRZ2013E06.g *	<i>Tyrosine n-monoxygenase-like</i>		-2.92					-2.66			-1.23
3329	SCJFRZ2013F03.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor 7-like</i>		1.21	-1.29		2.44					
3330	SCJFRZ2013F04.g *	<i>Peroxidase 24-like</i>					-1.25					
3331	SCJFRZ2013G01.g	<i>Uncharacterized protein LOC100277717</i>								1.97	1.97	
3332	SCJFRZ2013H05.g	<i>Halocid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 3-like</i>								1.9	1.92	
3333	SCJFRZ2013H11.g	<i>Heavy metal-associated isoprenylated plant protein 26-like</i>								1.54	1.76	
3334	SCJFRZ2014B12.g *	<i>Kda proline-rich protein</i>		2.52				3.63				
3335	SCJFRZ2014D05.g *	<i>Nodulin protein</i>		-1.18					1.73	-2.1		-3.41
3336	SCJFRZ2014D06.g *	<i>Nac domain transcription factor</i>	2.25									
3337	SCJFRZ2014F02.g	<i>Tpa: apyrase family protein</i>				-1.41						
3338	SCJFRZ2014G08.g *	<i>Ralf precursor</i>	2.53	1.23			2.53					
3339	SCJFRZ2014H12.g	<i>Flavoprotein wrba</i>										-1.37
3340	SCJFRZ2015A03.g	<i>At5g37830 k22f20-70</i>				1.49						
3341	SCJFRZ2015B03.g	<i>Senescence associated gene</i>								-2.95	1.46	-2.79
3342	SCJFRZ2015B10.g *	<i>Stress responsive protein</i>	2.47	1.43	2.86		1.98			-1.24		-1.99
3343	SCJFRZ2015C05.g	<i>Annexin d4-like</i>		1.5		1.65		1.68		-2.17		-2.63
3344	SCJFRZ2015D05.g	<i>Primary amine oxidase-like</i>	-1.75		-1.76							-1.21
3345	SCJFRZ2015D10.g	<i>Beta-hexosaminidase 1-like</i>										-1.13
3346	SCJFRZ2015E01.g *	<i>Tpa: tify domain cct motif transcription factor family protein</i>				-1.97		-2.34				-1.29
3347	SCJFRZ2015G06.g	<i>Protein transport protein sec61 gamma subunit</i>				-1.27						
3348	SCJFRZ2015G10.g	-NA-				1.5						
3349	SCJFRZ2015H09.g	<i>Bidirectional sugar transporter sweet4-like</i>	2.58			2.64		2.33				
3350	SCJFRZ2025A06.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor 4</i>			-2.04							
3351	SCJFRZ2025B08.g	<i>Vacuolar protein sorting-associated protein 52 homolog</i>			1.47	1.53						
3352	SCJFRZ2025C06.g	<i>Xylem cysteine proteinase 1-like</i>	2.73		2.92	-1.85	2.58	-1.42		-1.5		-1.94

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3353	SCJFRZ2025D07.g	-NA-				1.95						
3354	SCJFRZ2025E01.g	-NA-			1.33	1.5				1.86		2.33
3355	SCJFRZ2025E05.g *	<i>Thaumatin-like protein precursor</i>			1.56				1.34			
3356	SCJFRZ2025E06.g *	<i>Udp-glucuronate 4-epimerase 1-like</i>			1.37							
3357	SCJFRZ2025F03.g	<i>Farnesylcysteine lyase-like</i>								1.6		1.79
3358	SCJFRZ2025G05.g	<i>Chorismate mutase</i>					-1.45					
3359	SCJFRZ2025G06.g	<i>Cytochrome b-c1 complex subunit 9-like</i>					-1.01					
3360	SCJFRZ2025H12.g *	<i>Nucleobase-ascorbate transporter 6-like</i>							1.17			
3361	SCJFRZ2026B09.g	<i>Gibberellin-regulated protein 2 precursor</i>				2.51						
3362	SCJFRZ2026C06.g	-NA-					-2.32			4.79		4.55
3363	SCJFRZ2026D04.g *	<i>Arogenate dehydratase prephenate dehydratase</i>								-1.64		-1.78
3364	SCJFRZ2026D11.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>				-2.05				2.4		2.9
3365	SCJFRZ2027B01.g	<i>Amp-binding protein</i>								-1.57		-1.66
3366	SCJFRZ2027C07.g	<i>Aspartic proteinase</i>								-1.09		-1.26
3367	SCJFRZ2027C09.g *	<i>Kda heat shock protein</i>	1.04						1.3		-2.15	-2.43
3368	SCJFRZ2027D11.g	<i>Hypothetical protein</i>				1.92						
3369	SCJFRZ2028D05.g	<i>S-formylglutathione hydrolase</i>								-1.07		-1.2
3370	SCJFRZ2028F05.g	-NA-										1.26
3371	SCJFRZ2029B10.g *	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101768766						-1.88				
3372	SCJFRZ2029D02.g *	PREDICTED: uncharacterized protein COV1					2.3		1.02	3.12	1.58	2.96
3373	SCJFRZ2031A07.g									2.52		3.31
3374	SCJFRZ2031B11.g	<i>Cinnamate 4-hydroxylase</i>				-2.18				-3.27		-3.46
3375	SCJFRZ2031D01.g	<i>Nep1-interacting protein 1-like</i>								2.53		2.48
3376	SCJFRZ2031D02.g	<i>Protein-tyrosine phosphatase containing expressed</i>			-1.51		-1.69					
3377	SCJFRZ2031E09.g	-NA-										1.09
3378	SCJFRZ2031F09.g	<i>Boron transporter-like protein 2</i>	3.72		3.54							
3379	SCJFRZ2032A02.g	-NA-	-1.61		-1.96		-1.65					
3380	SCJFRZ2032B09.g	<i>Allene oxide synthase</i>				-1.4		-1.47		-1.66		-1.64
3381	SCJFRZ2032C08.g	<i>Cbl-interacting protein kinase family protein</i>			2.91		2.92					
3382	SCJFRZ2032D08.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region</i> <i>containing protein</i>							2.23			3.27
3383	SCJFRZ2032F11.g	<i>Catalytic hydrolase</i>	2.79		3.03		2.93			-1.36		-1.55
3384	SCJFRZ2032H11.g	<i>Peroxidase 5-like</i>				-2.28						
3385	SCJFRZ2033G09.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>			1.56	1.53	-1.38	1.22			-1.25	
3386	SCJFRZ2034A03.g	<i>Ring-h2 finger protein</i>			1.6	1.5		1.24				-1.33
3387	SCJFRZ2034B10.g *	<i>Ozone-responsive stress related protein</i>	2.55				3.08			-1.36		
3388	SCJFRZ2034F01.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101771988				-2.01		-2.19				
3389	SCJFRZ2034G04.g *	<i>Vacuolar-processing enzyme-like</i>		-2.3							-1.81	
3390	SCJFRZ2034H02.g	<i>Rna recognition motif containing protein</i>							2.24		2.49	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3391	SCJFRZ3C01A10.g *	Ethylene-responsive element binding protein 2		1.21	-1.47					-1.01	-1.02	
3392	SCJFRZ3C01D11.g	Histidine-containing phosphotransfer protein			-1.06							
3393	SCJFRZ3C02B06.g	Zinc finger b-box domain containing protein 1 isoform 1			-1.69							
3394	SCJFRZ3C02B08.g	Polyadenylate-binding protein 1-b-binding protein							1.25		1.31	
3395	SCJFRZ3C02E08.b	Octicosapeptide phox bem1p									1.47	
3396	SCJFRZ3C02E08.g	Tpa: octicosapeptide phox bem1p									1.38	
3397	SCJFRZ3C03A07.b	D-amino acid oxidase		1.74		1.83					1.31	
3398	SCJFRZ3C03H10.g	Shoot1 protein	1.31		2.07		1.73					
3399	SCJFRZ3C04F07.b	-NA-		-2.74		-2.55		-2.6				
3400	SCJFRZ3C04F10.b	U-box domain-containing protein 27-like	5.42		6.37		5.58					
3401	SCJFRZ3C04G08.b	-NA-			-1.86		-2.08					
3402	SCJFRZ3C04H06.g	-NA-		-1.73		-2.27		-1.43				
3403	SCJFRZ3C05E03.b	Isoflavone reductase homolog irl-like		-1.64		-1.8		-1.84	-1.5		-2.11	
3404	SCJFRZ3C06A10.g	Uncharacterized protein loc101778818				-2.57			1.53		1.41	
3405	SCJFRZ3C07G07.g	Peroxidase 19-like							3.36		3.46	
3406	SCJFSB1010C08.b *	Anthranilate n-benzoyltransferase protein 1							2.58			
3407	SCJFSB1011G12.g *	-NA-	2.04				1.97				-2.17	
3408	SCJFSB1012D05.g *	L-ascorbate peroxidase 6-like					-1.65					
3409	SCJFSB1012D12.g	Unknown				-1.42						
3410	SCJFSB1012F09.b	Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like	-1.3		-1.16		-1.14		-1.64		-1.14	
3411	SCJFSB1014F03.b	Chlorophyll a-b binding protein cp24			-1.66							
3412	SCJFST1009C09.b *	Polcalcin jun o 2	2.01				2.42		-1.62			
3413	SCJFST1009E06.g *	Rubisco subunit binding-protein beta subunit-like		-1.61					-1.43			
3414	SCJFST1009G01.g *	Disease resistance protein rga1		-2.32								
3415	SCJFST1009G12.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g008450 [Sorghum bicolor]				-2.38			-2.02		-3.03	
3416	SCJFST1010H07.g *	Rna polymerase sigma factor chloroplastic mitochondrial-like	3.06							1.18		
3417	SCJFST1011D02.g	-NA-				-2.12			-1.71		-1.76	
3418	SCJFST1012A02.g	Two-pore calcium channel		1.43								
3419	SCJFST1012B01.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g003850			2							
3420	SCJFST1012D03.g	Mannosylglycoprotein endo-beta-mannosidase-like isoform x1							-1.76		-2.08	
3421	SCJFST1012H02.g	Phosphoethanolamine n-methyltransferase 1-like		-3.19	2.17	-3.65		-3.61	-2.57		-2.38	
3422	SCJFST1015A09.g	-NA-							-2.16		-2.67	
3423	SCJFST1015B09.g	Auxin-induced protein 5ng4							-1.51		-1.55	
3424	SCJFST1015C07.g	Blue copper			-2.59		-1.86		-2.07		-2.42	
3425	SCJFST1016A03.g	-NA-			-1.99				-1.43		-1.17	
3426	SCJFST1016A12.g	Mediator of rna polymerase ii transcription subunit 33a-like							-1.18		-1.81	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3427	SCJFST1016B06.g	<i>Galactosylgalactosylxylosylprotein 3-beta-glucuronosyltransferase 1</i>							-1.79		-1.88	
3428	SCJFST1016F08.g	<i>At-rich interactive domain-containing protein 4-like isoform x3</i>							1.94		2.23	
3429	SCJFST1016G12.g	<i>Hydroxyproline-rich glycoprotein</i>			1.19		1		1.05		1.34	
3430	SCJFST1017C11.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-224312</i>								2.11		
3431	SCJFST1018D06.g *	<i>L-ascorbate oxidase</i>	5.9				3.07	3.94	-5.41			
3432	SCJFST1018F05.g *	<i>Receptor-like protein kinase feronia-like</i>	2.33				2.77		-2.32		-3.49	
3433	SCJFST1047B03.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g024020</i>					-2.25		-1.47		-1.7	
3434	SCJFST1047D11.g	<i>Glycosyltransferase-like domain-containing protein 2-like</i>										
3435	SCJFST1047E02.g	<i>Heat shock 70 kda protein 4</i>							1.17		1.13	
3436	SCJFST1048E06.g	<i>Avr9 cf-9 rapidly elicited protein 146</i>	2.64		2.79		2.69					
3437	SCJFST1048G05.g	<i>Alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>							-2.38		-2.66	
3438	SCJLAM1060D03.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g000870</i>					-1.08					
3439	SCJLAM1061B04.g	<i>Fructokinase-like protein 1</i>								-2.53		
3440	SCJLAM1062A05.g	<i>Glutathione peroxidase</i>			1.49							
3441	SCJLAM1062H06.g	<i>Jumonji-like transcription factor family protein</i>							1.52		1.73	
3442	SCJLAM1063F08.g	<i>Bifunctional epoxide hydrolase 2-like</i>	-1.82		-4.24		-3.48		-4.35		-3.04	
3443	SCJLAM1064D11.g	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>							3.46		3.33	
3444	SCJLAM2093B05.g	<i>Inactive beta-amylase 9-like</i>									-3.02	
3445	SCJLAM2093E12.b	<i>-NA-</i>			-2.12							
3446	SCJLAM2093F04.b	<i>-NA-</i>				-3.85		-3.71		-1.9	-2.9	
3447	SCJLAM2093F08.g	<i>Phi-1 precursor</i>	2.55		2.37		2.07					
3448	SCJLAM2094B04.g	<i>-NA-</i>			1.09						-1.17	
3449	SCJLFL1047D11.g *	<i>Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like</i>	-2.04									
3450	SCJLFL1048D03.g	<i>Dehydrin cor410</i>	2.96	2.33	2.67	2.59	2.5	1.97				
3451	SCJLFL1052F07.g *	<i>Phosphoinositide phosphatase sac2-like</i>		-1.52								
3452	SCJLFL1053G08.g	<i>Enolase chloroplastic-like</i>							-1.39		-2.07	
3453	SCJLFL1054C07.g *	<i>Eid1-like f-box protein 3-like</i>	4.05	2.52	3.23		4.57		-2.53		-2.96	
3454	SCJLFL3011A10.g	<i>Homeodomain-like transcription factor superfamily protein</i>				-2.33		-2.43				
3455	SCJLFL3011F10.g	<i>Catalytic hydrolase</i>			-1.46							
3456	SCJLFL3013C05.g	<i>Inositol hexakisphosphate and diphosphoinositol-pentakisphosphate kinase 2-like</i>								1.94		
3457	SCJLFL3013C10.g *	<i>Maltose excess protein 1-like</i>					1.32					
3458	SCJLFL3014G01.g	<i>Atp synthase epsilon mitochondrial</i>			-1.53							
3459	SCJLFL3014H03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g010390</i>							2.6		2.45	
3460	SCJLFL3016E09.g *	<i>Lysine ketoglutarate reductase trans-splicing 1</i>						1.15				
3461	SCJLFL3018D03.g *	<i>Meiosis protein mei2</i>		-2.17								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3462	SCJFL4098A06.g	<i>Tpa: protein phosphatase 2c family protein</i>	3.8		3.3	2.34	2.77					
3463	SCJFL4099F08.g	<i>Glutamate decarboxylase</i>		2.02		2.28		1.78				-4.53
3464	SCJFL4099G10.g	<i>Sugar transport protein 5</i>										
3465	SCJFL4100F04.g *	<i>Ferredoxin- chloroplastic-like</i>	1.9		3.3		2.33	3.06	4.24		4.26	
3466	SCJFL4183C08.g *	<i>Ethylene-responsive transcription factor erf025-like</i>				-2.75		-3.57		-1.67		
3467	SCJLR1025D07.g *	<i>Bidirectional sugar transporter sweet3a-like</i>		-3.97								
3468	SCJLR1025F07.g	<i>-NA-</i>										1.41
3469	SCJLR1026C12.g *	<i>Protein srg1-like</i>			2.14							
3470	SCJLR1026H04.g	<i>Uncharacterized protein loc100275282</i>				-1.66						-1.48
3471	SCJLR1027A10.g	<i>Psbp domain-containing protein chloroplastic-like</i>							-1.05		-1.19	
3472	SCJLR1027D07.g *	<i>Udp-glycosyltransferase 74f2-like</i>		-1.67								
3473	SCJLR1027E12.g *	<i>Transmembrane protein 115-like</i>						-1.09		-1.2		-1.52
3474	SCJLR1027F04.b	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g004860</i>				-1.56						
3475	SCJLR1027G07.g	<i>Lob domain-containing protein 41-like</i>		-1.68		-2.31				2.26		2.7
3476	SCJLR1027H06.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>		1.68		1.47						
3477	SCJLR1028B09.g	<i>Calmodulin</i>		-1.05		-1.06		-1.09				
3478	SCJLR1028E06.g *	<i>Benzoate carboxyl methyltransferase</i>				4.16	5.25	5.29				
3479	SCJLR1028E10.g	<i>40s ribosomal protein s29</i>				-1.15						-1.13
3480	SCJLR1028H12.b	<i>Catalytic hydrolase</i>	2.89		2.99		3.04					
3481	SCJLR1029E03.g *	<i>Nicotianamine aminotransferase a</i>		-1.44								-1.39
3482	SCJLR1029F06.g	<i>Ubiquitin-protein ligase zinc ion binding protein</i>		1.58		1.66		1.61		-1.6		-1.7
3483	SCJLR1029G06.g	<i>Late embryogenesis abundant hydroxyproline-rich glycoprotein</i>										
3484	SCJLLB2077F08.g	<i>Salt tolerance-like protein</i>			1.55		1.34		1.15			
3485	SCJLLB2078D05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g006080</i>				-1.72						
3486	SCJLLB2078D10.g *	<i>Uncharacterized protein loc101773149</i>						1.71				-3.36
3487	SCJLLR1011C06.g	<i>Fad binding domain containing expressed</i>	-1.91	-1.25	-1.78	-1.93					1.51	
3488	SCJLLR1011C10.g	<i>Aspartate aminotransferase</i>					-2.45		2.55		2.38	
3489	SCJLLR1011D09.g	<i>Prephenate dehydratase</i>				1.33		-2.29	-2		-2.03	
3490	SCJLLR1011F03.g	<i>Ketol-acid reductoisomerase</i>										
3491	SCJLLR1011F11.g *	<i>Peroxisomal acyl-coenzyme a oxidase 1-like</i>		-1.14								
3492	SCJLLR1011G11.g	<i>Nudix hydrolase 8-like</i>							-2.17		-2.27	
3493	SCJLLR1011H07.g	<i>Uncharacterized protein LOC100381979</i>							1.41		1.24	
3494	SCJLLR1011H09.g	<i>Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase chloroplastic-like</i>		-1.17		-1.21						
3495	SCJLLR1033A07.g	<i>Hydroxylglutathione hydrolase cytoplasmic-like</i>							-1.35		-1.51	
3496	SCJLLR1033B05.g	<i>Pollen-specific protein sf3</i>				-2.26			-1.6		-2.32	
3497	SCJLLR1033C10.g	<i>Dna repair protein rad23</i>				1.06						
3498	SCJLLR1033D06.g	<i>33 kDa chloroplastic-like</i>		2.13		1.57		-1.34		-1.47		-1.41
3499	SCJLLR1033E07.g *	<i>Beta-expansin 1a precursor</i>								-1.06		-1.02
3500	SCJLLR1033F07.g *	<i>2-cys peroxiredoxin bas1</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3501	SCJLLR1033H07.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g025960							2.08	1.87		
3502	SCJLLR1054A06.g *	1-amino cyclopropane-1-carboxylate oxidase 1-like							3.04	2.92		
3503	SCJLLR1054A10.g	Vamp protein sec22					-1.74	-1.26				
3504	SCJLLR1054B02.g	Tubulin beta-1 chain-like		-1.25			-1.15	-1.57		-1.15	-1.94	
3505	SCJLLR1054B07.g	Protein binding protein								-1.13	-1.27	
3506	SCJLLR1054D12.g	Chitin-inducible gibberellin-responsive protein							1.01	1.45		
3507	SCJLLR1054E04.g	91a partial		-1.31								
3508	SCJLLR1054E12.g *	Neutral ceramidase-like		-1.16								
3509	SCJLLR1054F01.g	Casp-like protein vit-19s0090g00570-like		2.1		1.84		1.58				
3510	SCJLLR1054F03.g *	Vacuolar processing enzyme 4	-1.47							-1.05	-1.76	
3511	SCJLLR1054F05.g *	Er molecular chaperone		-1.68						-1.05	-1.36	
3512	SCJLLR1054G06.g *	M1 family aminopeptidase-like isoform x2						-1.2				
3513	SCJLLR1054H12.g	Carrier protein mitochondrial-like								-1.39	-1.66	
3514	SCJLLR1101A08.g	Protein iq-domain 1-like								-2.16	-2.69	
3515	SCJLLR1101C01.g	Ubiquinol-cytochrome c reductase complex					-1.05					
		ubiquinone-binding protein qp-c										
3516	SCJLLR1101D08.g	Uncharacterized protein loc101768054		-1.5		-1.72		-1.75		-1.07	-1.13	
3517	SCJLLR1101E04.g *	Multiple stress-responsive zinc-finger protein isap1	1.35				1.72					
3518	SCJLLR1101E05.g *	Probable carboxylesterase 15-like		-1.04						-1.12	-1.62	
3519	SCJLLR1101F02.g	Transcription factor									1.07	
3520	SCJLLR1101F06.g *	Histone					-1.99					
3521	SCJLLR1101H03.g	Mechanosensitive ion channel protein			1							
		chloroplastic-like										
3522	SCJLLR1102B05.g	Uncharacterized protein loc101763473					-2.3	-2.3		-2.25	-2.14	
3523	SCJLLR1102E08.g	Type i inositol-trisphosphate 5-phosphatase cvp2								-2.46	-2.96	
3524	SCJLLR1102F07.g	Bidirectional sugar transporter sweet2a-like									1.11	
3525	SCJLLR1102F09.g	Mitochondrial import receptor subunit tom5 homolog									-1.52	
3526	SCJLLR1102G08.g	Zim motif family protein					-1.88	-2.07		-1.06	-1.18	
3527	SCJLLR1102H07.g	Disease resistance response protein 206									-1.55	
3528	SCJLLR1103A05.g *	-NA-	-1.36	1.09	-1.93		-1.64			-1.06	-1.15	
3529	SCJLLR1103A09.g	Ferredoxin-chloroplastic-like		1.04								
3530	SCJLLR1103A12.g	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase		2.07		2.12		1.91				
3531	SCJLLR1103E11.g	-NA-		1.82		1.65		1.22		1.23	1.19	
3532	SCJLLR1103F02.g	Protein phosphatase 2c								1.29	1.27	
3533	SCJLLR1103G09.g	Ef hand family protein		2.06		1.38		1.04		3.39	3.88	
3534	SCJLLR1103H01.g	Ghmp kinase-like protein									-2.62	
3535	SCJLLR1104A07.g	Cbl-interacting protein kinase 9			1.31							
3536	SCJLLR1104A08.g	Senescence-associated family protein					2.95					
3537	SCJLLR1104B01.g	P8mtcp1								-1.19	-1.14	
3538	SCJLLR1104C02.g *	Ein3-binding f-box protein 1-like								1.98	1.71	2.21
3539	SCJLLR1104C06.b	Ethylene-dependent gravitropism-deficient and yellow-green-like 3 protein	2.33		2.88		2.64					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3540	SCJLLR1104C06.g *	Sterol regulatory element-binding protein site 2	2.22		2.22		2.3	3.6				
3541	SCJLLR1104C09.g *	-NA-					4.62	5.02	5.34			
3542	SCJLLR1104E04.g *	-NA-			1.85		1.1		2.73	-1.58		
3543	SCJLLR1104E10.g	Probable calcium-binding protein cml45-like					-1.43				-1.05	-1.47
3544	SCJLLR1104G11.g	Farnesylated protein 1			3.17	1.63	2.2	1.33			-1.81	-1.73
3545	SCJLLR1104H11.g *	-NA-			1.92			-1.26	3.4			-1.3
3546	SCJLLR1105B03.g *	Myo-inositol 1-phosphate synthase			5.68	3.04	5.5	2.46	5.25	1.9		-1.66
3547	SCJLLR1105C04.g	Nadp-specific isocitrate dehydrogenase					-1.18		-1.22			
3548	SCJLLR1105F12.g *	Dnaj homolog subfamily b member 4-like					1.2		3.3	1.07		
3549	SCJLLR1106B06.g	Probable peptide nitrate transporter at3g43790-like					-1.94		-1.64	-1.06		
3550	SCJLLR1106C06.g *	Early nodulin-like protein 2-like			1.38	3.98		3.21	1.38	2.78		
3551	SCJLLR1106D03.g *	Gata transcription factor 16-like					1.02					
3552	SCJLLR1106D07.g	Hypothetical protein ZEAMMB73-314645							-2.23			
3553	SCJLLR1106D12.g	-NA-									1.47	1.8
3554	SCJLLR1106G03.g	Drought-induced protein 1					1.43		1.73		-1.28	-1.41
3555	SCJLLR1106G04.g *	Pantothenate kinase 2-like					-1.97					
3556	SCJLLR1106H06.g	Cellulose synthase a catalytic subunit 4					-2.15		-2.12		-2.04	-2.46
3557	SCJLLR1106H10.g *	-NA-					2.54			2.51		
3558	SCJLLR1107B04.g	60s ribosomal protein l31							-1.08		-1.42	-1.23
3559	SCJLLR1107B12.g	Uncharacterized protein LOC100277700							-3.14	-1.87		
3560	SCJLLR1107C08.g	Probable carbohydrate esterase at4g34215-like							-2.93			
3561	SCJLLR1107D06.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101755886			6.09	6.02	6.17	5.57	4.97	3.95		
3562	SCJLLR1107D07.g	Cinnamyl alcohol dehydrogenase			-1.4		-1.29		-1.23			
3563	SCJLLR1107D11.g	Uncharacterized protein loc101755854				2		1.39		1.15	1.43	1.26
3564	SCJLLR1107E01.g	-NA-			4.38	3.69	4.44	3.31				
3565	SCJLLR1107F04.g *	Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein						-1.51	2.35		-1.28	-1.66
3566	SCJLLR1107F06.g	-NA-									2.01	1.68
3567	SCJLLR1107F10.g	-NA-									-2.08	-2.81
3568	SCJLLR1107G01.g	Auxin-induced protein						1.55		1.47		
3569	SCJLLR1107G06.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g035960			-1.92		-3.56					
3570	SCJLLR1107G08.g	Myb-like dna-binding shaqkyf class family protein					2.06		1.68			
3571	SCJLLR1108A09.g *	Ralf precursor			2.52		1.17					
3572	SCJLLR1108A12.g *	Neutral alkaline invertase			1.89							
3573	SCJLLR1108B01.g	Wound induced protein							-1.64		1.95	2.03
3574	SCJLLR1108E02.g	Calcium-dependent protein isoform expressed					-2.1		-1.4			
3575	SCJLLR1108E06.g	Tpa: carbonic anhydrase			1.5		1.18		1.26		-2.5	-2.37
3576	SCJLLR1108H07.g	Calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like					-1.73		-2.19			
3577	SCJLLR1108H11.g	Aconitate cytoplasmic-like							2.42	2.55		
3578	SCJLLR2006B06.g *	Hypothetical protein			2.09				3.49		-1.51	-1.75

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3579	SCJLLR2013B07.g	<i>Myc-associated zinc finger</i>									1.86	
3580	SCJLLR2013B11.g	<i>Histone</i>					-2.13					
3581	SCJLLR2013G02.g *	-NA-										
3582	SCJLLR2013H07.g	<i>Cbf protein 1</i>					-2.32					
3583	SCJLLR2013H11.g	-NA-										
3584	SCJLLR2020B03.g	-NA-										
3585	SCJLLR2020B11.g	<i>Kinesin-like protein c</i>			-2.48		-1.91		-1.99			
3586	SCJLLR2020B12.g	<i>60s ribosomal protein l44</i>					-1.36		-1.01			
3587	SCJLLR2020C12.g	<i>Kid-containing protein</i>								1.48	1.72	
3588	SCJLLR2020F01.g	<i>Histone</i>					-2.31					
3589	SCJLLR2020G03.g	<i>Membrane related protein</i>					-1.58		-1.89			
3590	SCJLLR2028F07.g *	<i>Heat shock factor protein 7</i>		3.19	2.28	2.06	2.73					
3591	SCJLRT1006A01.g	<i>Wd-40 repeat family protein</i>	2.13		1.85		2.34			3.47	4.38	
3592	SCJLRT1006A03.g *	<i>Membrane transporter d1</i>	1.77									
3593	SCJLRT1006A05.g *	<i>Gibberellin 20 oxidase 2</i>	5.7									
3594	SCJLRT1006B11.g *	<i>Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3</i>					-1.88	4.04	-1.47			
3595	SCJLRT1006C03.g	<i>Acc synthase</i>		-1.15		-2.32						
3596	SCJLRT1006C05.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor crf4-like</i>					1.01					
3597	SCJLRT1006D09.g	<i>Cytochrome p450 family expressed</i>					1.05					
3598	SCJLRT1006E02.g	<i>2og-fe oxygenase family expressed</i>					-1.77					
3599	SCJLRT1006E03.g *	<i>Probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like</i>		1.48	4.7	1.48	4.22	1.71	3.41			
3600	SCJLRT1006F06.g	-NA-					1.62					
3601	SCJLRT1006G06.g	<i>Uncharacterized protein LOC100277204</i>								2.15	2.34	
3602	SCJLRT1013C01.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>					-1.12					
3603	SCJLRT1013C08.g *	-NA-			2.56							
3604	SCJLRT1013E04.g	<i>Uncharacterized protein LOC100276952</i>			1.74		1.51					
3605	SCJLRT1013E08.g	<i>Delta tonoplast intrinsic protein tip2 2</i>			2		2.3		1.64			
3606	SCJLRT1013F05.g	<i>Remorin-like protein</i>		1.29	1.98	1.06	1.98	1.31	1.64			
3607	SCJLRT1013G06.g	<i>Protein nlp3-like</i>					2.62			3.16	3.47	
3608	SCJLRT1013H05.g	<i>Phosphatase phospho1</i>				1.01	-1.94			1.14	2.03	
3609	SCJLRT1014B03.g	<i>Peroxidase 16-like</i>								2.41	2.67	
3610	SCJLRT1014B04.g	<i>Cytochrome b5</i>					-1.13					
3611	SCJLRT1014C07.g	<i>Loricrin-like protein</i>								1.19		
3612	SCJLRT1014D05.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at5g45840-like</i>								1.25	1.39	
3613	SCJLRT1014E06.g	<i>D-3-phosphoglycerate chloroplastic-like</i>					-1.87		-2.1			
3614	SCJLRT1014E07.g	<i>Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1-like</i>					-3.65			7.8	7.24	
3615	SCJLRT1014E10.g	<i>Respiratory burst oxidase homolog protein b-like</i>								4.78	5.58	
3616	SCJLRT1014F02.g *	<i>Thiosulfate sulfurtransferase 18-like</i>					1.48		1.59			
3617	SCJLRT1014G05.g	<i>Tyrosine specific protein phosphatase family protein</i>		-1.06						-2.15		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3618	SCJLRT1014G09.g	<i>Neutral alkaline invertase</i>									-2.58	
3619	SCJLRT1014H01.g	<i>Monodehydroascorbate reductase</i>					-1.45					
3620	SCJLRT1014H06.g *	<i>C2 domain-containing protein at1g53590-like</i>										
3621	SCJLRT1014H12.g *	<i>Serine threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 3-like isoform x1</i>			-1.54							
3622	SCJLRT1015A04.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g018030</i>										
3623	SCJLRT1015C02.g	<i>Aba-responsive protein</i>	2.37	2.31	2.89	2.17	2.29	1.85	-1.6	-1.39		
3624	SCJLRT1015C08.g *	<i>Nac domain transcription factor</i>	3.68	-1.32			3.49		-1.25	-1.47		
3625	SCJLRT1015D10.g	<i>Ring-h2 zinc finger protein</i>				-1.25						
3626	SCJLRT1015E09.g	<i>Amino acid binding</i>									-1.35	
3627	SCJLRT1015F06.g *	<i>Hga4</i>							-2.07	-2.6		
3628	SCJLRT1015G08.g *	<i>-NA-</i>		-3.05					-3.02			
3629	SCJLRT1015H03.g	<i>Gibberellin receptor gid1l2</i>				-1.06			-1.19	-1.41		
3630	SCJLRT1015H07.g *	<i>Protein z</i>						1.01				
3631	SCJLRT1016B01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g039870</i>				4.11		3.42				
3632	SCJLRT1016B09.g	<i>Tpa: hh DNA-binding domain superfamily protein</i>	2.9		2.82		2.78					
3633	SCJLRT1016C12.g	<i>Glycosyltransferase-like domain-containing protein 2-like</i>			-1.42							
3634	SCJLRT1016D11.g	<i>4-coumarate-ligase-like 9-like</i>				-3.06						
3635	SCJLRT1016E08.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>							1.96	-1.57	-2.01	
3636	SCJLRT1016E09.g	<i>Disease resistance protein rps2</i>				-2.73						
3637	SCJLRT1016F11.g	<i>Aminomethyltransferase</i>							-2.31	-2.3		
3638	SCJLRT1016G06.g *	<i>Extracellular ribonuclease le-like</i>							-1.76	-2.06		
3639	SCJLRT1016H08.g	<i>10-deacetylbaaccatin iii 10-o-acetyltransferase</i>			-2.41		-1.74		-2.83	-3.55		
3640	SCJLRT1017A07.g	<i>Hydroxycinnamoyl-coenzyme a shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase-like</i>				-2.7		-2.93				
3641	SCJLRT1017B04.g	<i>Hexokinase-7-like isoform x1</i>							2.28	3.25		
3642	SCJLRT1017B11.g *	<i>Map kinase kinase kinase</i>		-1.87								
3643	SCJLRT1017E08.g	<i>Methylesterase chloroplastic-like</i>									-2.06	
3644	SCJLRT1017F06.g	<i>Tpa: atfp4</i>	-2.61		-3.72		-3.4					
3645	SCJLRT1017G01.g	<i>Wound-induced protein 1-like</i>	-1.05		-1.09				-1.03			
3646	SCJLRT1017H12.g	<i>Ring-h2 finger protein atl50-like</i>				1.86						
3647	SCJLRT1018A03.g	<i>Isocitrate dehydrogenase</i>								-2.78		
3648	SCJLRT1018A08.g *	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101771377 isoform X1</i>		-1.92								
3649	SCJLRT1018C03.g	<i>-NA-</i>			-1.22		-2					
3650	SCJLRT1018C08.g	<i>Udp-glycosyltransferase 75d1-like</i>							2.58	2.69		
3651	SCJLRT1018C09.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g025230</i>				-2.3						
3652	SCJLRT1018D05.g *	<i>Ethylene-responsive transcription factor 4</i>	1.79	1.05			2.78					
3653	SCJLRT1018E09.g *	<i>Acyl-n-acyltransferases-like protein</i>					-1.1		2.13			
3654	SCJLRT1018G02.g	<i>Auxin-induced protein 5ng4</i>							1.32	1.61		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3655	SCJLRT1018G07.g	Probable galacturonosyltransferase-like 2-like			-2.95	-1.31					-1.02	
3656	SCJLRT1018G12.g	Probable lysine-specific demethylase jmj14-like							2.19		2.73	
3657	SCJLRT1018H02.g	Ring zinc finger domain superfamily protein									-1.12	
3658	SCJLRT1019A12.g	Transport inhibitor response 1-like							1.65		1.83	
3659	SCJLRT1019B02.g	Peroxidase 24-like			-1.74							
3660	SCJLRT1019C06.g	Hypoxia induced protein conserved region containing expressed									2.75	
3661	SCJLRT1019D09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g013740			-2.31							
3662	SCJLRT1019H04.g	Aspartate aminotransferase		-1.81	-1.77		-1.27		-1.46		-1.65	
3663	SCJLRT1020A06.g *	Uncharacterized protein loc101779541		-1.4					-1.08		-1.17	
3664	SCJLRT1020A08.g *	Alpha-glucosidase					1.13		1.11			
3665	SCJLRT1020A12.b	Protein transparent testa 12-like	1.83		2.06				-1.44		-1.7	
3666	SCJLRT1020A12.g	Tpa: mate efflux family protein	1.74		1.74				-1.92		-1.75	
3667	SCJLRT1020C02.g	Beta-ig-h3 domain-containing expressed			-2.25		-2.01		-1.08		-1.26	
3668	SCJLRT1020C05.g	Senescence-associated protein									-1.05	
3669	SCJLRT1020D08.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g028690			1.95							
3670	SCJLRT1020E04.g	Urate oxidase							2.66		2.96	
3671	SCJLRT1020E07.g	Early nodulin 93							4.34		4.09	
3672	SCJLRT1020E12.g	Chalcone-flavonone isomerase		-1.18	-1.37		-1.54				-1.09	
3673	SCJLRT1020F03.g	Rrna 2 -o-methyltransferase fibrillarin 1-like									-1.21	
3674	SCJLRT1020F06.g *	Chitinase		2.11		1.92		2.06	1.84		-1.42	
3675	SCJLRT1020G09.g *	70 kDa peptidyl-prolyl isomerase-like		-2.06								
3676	SCJLRT1020H07.g	Probable wrky transcription factor 72-like			-1.68						-1.28	
3677	SCJLRT1021A03.g	Salutaridine reductase-like			-3.53							
3678	SCJLRT1021A05.g	Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein			-1.93							
3679	SCJLRT1021C04.g	Glutamate dehydrogenase 2-like									-1.8	
3680	SCJLRT1021C06.g	Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein							2.75		3.02	
3681	SCJLRT1021D01.g	Serine threonine-protein kinase nak							1.54		1.65	
3682	SCJLRT1021D04.g *	Disease resistance response protein 206-like						-1.49	-1.53		-2.03	
3683	SCJLRT1021D05.g *	Spore coat protein							1.63			
3684	SCJLRT1021D08.g	Nodulin 21 -like transporter family protein isoform 1							1.37		1.4	
3685	SCJLRT1021D09.g	Glutathione s-transferase 4-like			-1.96							
3686	SCJLRT1021D12.g *	Chalcone synthase						-1.1	-1.42		-1.53	
3687	SCJLRT1021G02.g	-NA-		2.22		1.68		1.45				
3688	SCJLRT1022A04.g *	Probable aldo-keto reductase 2-like		-3.04								
3689	SCJLRT1022A05.b *	Tpa: cytochrome p450 superfamily protein							-3.72		-3.46	
3690	SCJLRT1022A05.g	Tpa: cytochrome p450 superfamily protein			-1.35				-4.24		-2.34	
3691	SCJLRT1022A07.g	Aspartic proteinase asp1			-1.5							
3692	SCJLRT1022C09.g	Cell number regulator 1			-1.9				-1.17		-1.39	
3693	SCJLRT1022D02.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g019200		-2.45					6.44		5.75	
3694	SCJLRT1022D05.b	Mate efflux										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3695	SCJLRT1022D05.g	<i>Mate efflux</i>							5.97		6.46	
3696	SCJLRT1022E02.b	<i>Upf0051 protein chloroplastic-like</i>			1.69		1.78					
3697	SCJLRT1022E04.g	<i>Ferulate-5-hydroxylase</i>							-2		-2.01	
3698	SCJLRT1022E12.g	<i>Wrky transcription factor 33</i>			-2.75		-3.46					
3699	SCJLRT1022G03.g	<i>Glucan endo -beta-glucosidase 4 precursor</i>			-2.16		-1.68		-1.6		-2.04	
3700	SCJLRT1022H01.g *	<i>Cycloartenol synthase</i>		-1.6			-1.47					
3701	SCJLRT1023A07.g	<i>Pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta</i>							-1.33		-1.42	
3702	SCJLRT1023B09.g	<i>O-methyltransferase</i>			-1.28				-1.26		-1.22	
3703	SCJLRT1023B10.g	<i>Cipk-like protein 1</i>	3.67		2.91		3.59		1.4		1.45	
3704	SCJLRT1023C09.g	<i>Ccaat-box transcription factor complex expressed</i>							-1.89		-2.24	
3705	SCJLRT1023D09.g	<i>Tpa: kinesin heavy chain</i>									-2.07	
3706	SCJLRT1023E01.g	<i>Secologanin synthase</i>			-4.21		-3.17					
3707	SCJLRT1023E06.g	<i>Beta glucanase</i>		-2.04		-2.44						
3708	SCJLRT1023E09.g *	<i>Potassium transporter</i>							-1.63			
3709	SCJLRT1023G09.g *	<i>Cbl-interacting serine threonine-protein kinase 11</i>	1.82				2.22		-1.1		-1.12	
3710	SCJLRT1023H01.g	<i>Nitrate excretion transporter 1-like</i>							-1.73		-1.82	
3711	SCJLRT1023H11.g	<i>Uncharacterized protein LOC100278059</i>	2.17		2.75	1.3						
3712	SCJLRT2049A08.g	<i>Glutathione s-transferase 4-like</i>			-2.5						1.24	
3713	SCJLRT2049D05.g	<i>Heme-binding protein 2-like</i>									2.33	
3714	SCJLRT2049H06.g	<i>Pra1 family protein b2-like</i>			-1.18				-1.89		-2.27	
3715	SCJLRT2049H07.g	<i>Tpa: alpha-l-arabinofuranosidase family protein</i>			1.41							
3716	SCJLRT2050A05.g	<i>Rab6-interacting golgin-like</i>			-2.77		-1.6		-1.55		-1.71	
3717	SCJLRT2050A07.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase atl6-like</i>	1.82		1.85							
3718	SCJLRT2050A12.g	<i>Cell wall protein awa1-like</i>			-2.55				-1.84		-2.62	
3719	SCJLRT2050C09.g	<i>Caffeoyl- o-methyltransferase 1</i>		-1.29		-1.39		-1.05		-1.34		
3720	SCJLRT2050C11.g	<i>-NA-</i>							1.69		1.7	
3721	SCJLRT2050G12.g	<i>Urate oxidase</i>							1.98		2.78	
3722	SCJLRT2051C04.g	<i>Pyruvate cytosolic isozyme-like</i>							2.27		2.44	
3723	SCJLRT2051E02.g	<i>Btb poz domain-containing family protein</i>			1.73							
3724	SCJLRT2051F02.g	<i>Udp-glucose pyrophosphorylase</i>			-5.07							
3725	SCJLRT2051G07.g	<i>Pathogenesis-related thaumatin-like protein</i>									-1.68	
3726	SCJLRT2052A08.b *	<i>Peptide transporter ptr3-a-like</i>							-2.01			
3727	SCJLRT2052B09.g *	<i>Caleosin related protein</i>		-1.7							-1.3	
3728	SCJLRT2052H10.g	<i>Aspartate aminotransferase</i>							2.87		2.93	
3729	SCJLRT3077C12.g *	<i>Arabinose-proton symporter</i>		-1.52		-5.53		-5.18		-1.65	-2.04	
3730	SCJLRT3078H06.g	<i>Disease resistance response protein 206-like</i>	-3.56		1.32							
3731	SCJLRT3079C12.b	<i>-NA-</i>									-2.26	
3732	SCJLRT3080F05.g *	<i>Wd repeat and hmg-box dna-binding protein 1-like</i>		-2.03								
3733	SCJLRT3080F09.g *	<i>Membrane protein</i>	1.94		1.96		2.1		-1.57		-1.7	
3734	SCJLRZ1018C05.g	<i>-trehalose-phosphate synthase</i>		1.71		2.06		1.47				
3735	SCJLRZ1018E10.g *	<i>-NA-</i>							3.89			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3736	SCJLRZ1019A02.g	<i>Myb-related protein zm1</i>								-3.17	-3.59	
3737	SCJLRZ1019A11.g	<i>Pot family expressed</i>								-2.46	-2.01	
3738	SCJLRZ1019C12.g *	<i>Pollen ole e 1 allergen and extensin family</i>	-1.08	-1.18		-1.43		-1.76				
3739	SCJLRZ1019D02.g *	<i>Ethylene receptor-like protein 2</i>					-1.71				1.16	
3740	SCJLRZ1020B03.g	<i>Scarecrow-like protein 1-like</i>					-1.75			1.68	1.82	
3741	SCJLRZ1020F11.g	<i>Uncharacterized protein loc101780010 isoform x2</i>								-1.54	-1.64	
3742	SCJLRZ1021B08.g *	<i>Cold induced</i>		1.81	2						-1.34	
3743	SCJLRZ1021C12.g *	<i>Gram domain-containing protein 1a-like</i>		-1.7								
3744	SCJLRZ1021D03.g	<i>Acetate-ligase chloroplastic glyoxysomal-like</i>									-1.07	
3745	SCJLRZ1021D04.g *	<i>Hypothetical protein SORBIIDRAFT-09g025290</i>	2.61									
3746	SCJLRZ1021E01.g	<i>Bidirectional sugar transporter sweet4-like</i>		1.04		1.11				-3.65	-3.92	
3747	SCJLRZ1021E10.g	<i>Fructokinase-2</i>				-1.98		-2.08				
3748	SCJLRZ1021H11.g *	<i>Ring-h2 finger protein atl2l</i>					1.78			-1.41	-1.83	
3749	SCJLRZ1023A02.g *	<i>Metallothionein</i>		-2.79								
3750	SCJLRZ1023A10.g	<i>Probable mitochondrial saccharopine dehydrogenase-like oxidoreductase at5g39410-like</i>								2.91	2.41	
3751	SCJLRZ1023H04.g *	<i>Cbl-interacting protein kinase 17</i>	1.57	-2.73		-1.82	1.5	-1.74				
3752	SCJLRZ1024A01.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase</i>				1.12		1.06		-1.39	-1.37	
3753	SCJLRZ1024A04.g	<i>Lipoxygenase-1</i>	1.52		1.6		1.78				1.01	
3754	SCJLRZ1024A10.g	<i>Uncharacterized membrane</i>	1.54		1.05		1.46					
3755	SCJLRZ1024D02.g	<i>Protein kinase superfamily protein</i>				1.24						
3756	SCJLRZ1024D10.g *	<i>Atp binding</i>								1.1		
3757	SCJLRZ1024E04.g	<i>Pwwp domain family protein</i>				1.39						
3758	SCJLRZ1024E12.g *	<i>Myb family transcription factor apl</i>									-2.46	
3759	SCJLRZ1024H09.g	<i>Salt tolerance expressed</i>	1.29		1.22							
3760	SCJLRZ1025A04.g	<i>Core-2 i-branching beta-n-acetylglucosaminyltransferase family isoform 1</i>				1.54						
3761	SCJLRZ1026F03.g	<i>Atp binding</i>				-1.56						
3762	SCJLRZ1027B10.g	<i>Phytoene synthase</i>	2.29	2.66	1.83	2.33	1.65	2.11				
3763	SCJLRZ1027E04.g	<i>Cytosolic sulfotransferase 18-like</i>		-2.96		-3				-1.84	-2.53	
3764	SCJLRZ1027E09.g *	<i>Hypothetical protein SORBIIDRAFT-01g006730</i>	1.73									
3765	SCJLRZ1027F05.g	<i>G-beta domain containing family</i>								1.04	1.1	
3766	SCJLRZ1027G11.g *	<i>In2-1 protein</i>			1.24					-1.5	-1.73	
3767	SCJLRZ3074F11.g	<i>Microtubule-associated protein futsch-like isoform x2</i>							1.27			
3768	SCJLRZ3075F03.g	<i>Abc transporter c family member 5-like</i>				1.27						
3769	SCJLRZ3075H04.g	<i>-NA-</i>	3.06	2.39	2.6	1.97	2.67	2.15				
3770	SCJLRZ3076A04.b *	<i>Transmembrane expressed</i>		-2.17						-3.8	-3.3	
3771	SCJLRZ3077C07.g	<i>Symbiotic ammonium transporter</i>				-2.3		-2.41		-2.78	-2.77	
3772	SCJLRZ3077F12.g	<i>Dehydrorolichyl diphosphate synthase 2-like</i>							1.4			
3773	SCJLRZ3078A09.g	<i>Actin depolymerizing factor 1</i>								1.04	1.29	
3774	SCJLRZ3078D11.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor 4</i>			-1.58	-1.11				-1.05	-1.05	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3775	SCJLRZ3078F05.g	Nuclease harbi1-like					-1.02				-1.18	-1.39
3776	SCJLSB1060A08.g	Asparagine synthetase		3.63			4.19					
3777	SCJLST1019A04.g *	-NA-					-1.89	-1.21	-1.25			-1.28
3778	SCJLST1019B07.g *	Polyol transporter 5-like		2.68			1.11					
3779	SCJLST1020C08.g	Uncharacterized oxidoreductase chloroplastic-like										
3780	SCJLST1020E05.g *	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein										
3781	SCJLST1020F05.g *	Nf-kappa-b inhibitor-like protein 2 isoform 1	-1.76					-1.96		-1.23		-1.62
3782	SCJLST1020H07.g	Xyloglucan endotransglycosylase hydrolase protein 8		-2.01			-2.02		-1.3		-1.71	-2.31
3783	SCJLST1021A11.g	Sulfotransferase 17									-1.66	-2.2
3784	SCJLST1021G05.g	Cinnamyl alcohol dehydrogenase	-1.72				-1.41		-1.6			
3785	SCJLST1022A06.g	Pit1		3.69			4.09		3.47			
3786	SCJLST1022A09.g	Abc transporter c family member 3		-1.73			-2		-1.45			
3787	SCJLST1022A12.g	Receptor-like protein kinase					1.79		1.49			
3788	SCJLST1024A02.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g033030		1.68			1.54		1.35			
3789	SCJLST1024C09.g	Src2-like protein		5.08			6.23		4.8			
3790	SCJLST1024F01.g	-NA-							2.07			
3791	SCJLST1025D02.g *	Phosphoglycerate cytosolic-like	3.64	1.92			2.06	2.9	1.92		2.88	2.7
3792	SCJLST1025E01.g	Nadh dehydrogenase					-1.04					
3793	SCJLST1025F01.g	-NA-	-1.28				1.57					
3794	SCJLST1025G02.g	-NA-										
3795	SCJLST1026G12.g *	Microtubule-associated protein futsch-like	-1.68									
3796	SCJLST1027A10.g *	Thiamine biosynthetic enzyme	2.16	-2.58				-1.53		-1.05	-3.67	-1.3
3797	SCJLST1028G05.g	Cytochrome p450 cyp727a4					1.6					-3.67
3798	SCMCAM1099F10.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g019910									2.23	2.39
3799	SCMCAM1100C10.g	Homeodomain-like transcription factor superfamily protein									-1.62	
3800	SCMCAM1101G11.b	-NA-								1.51		1.43
3801	SCMCAM1105F12.g	U-box domain-containing protein 21-like					-1.8		-1.96			-1.98
3802	SCMCAM2080D01.b	Chalcone-flavonone isomerase		-1.17			-1.39		-1.65			-1.14
3803	SCMCAM2081D02.g	Probable allantoinase 1-like		-2.19	-2.17		-2.76		-2.35			
3804	SCMCAM2081F02.g	Actin depolymerizing factor 4								1.74		1.35
3805	SCMCAM2081F05.g	Soluble inorganic pyrophosphatase								-2.06	1.61	-2.28
3806	SCMCAM2082G10.g	Hypothetical protein					1.85					
3807	SCMCAM2083F04.g *	Zinc finger protein zat12-like		1.98						-1.27		-1.87
3808	SCMCAM2084B07.g *	Tpa: plasma membrane intrinsic protein2		2.01				2.45				
3809	SCMCAM2084B09.g	Flavonoid 3 -hydroxylase	4.31		4.77						-1.1	-1.6
3810	SCMCAM2084F07.g	Probable ccr4-associated factor 1 homolog 11-like					-1.01			-1.01		-1.24
3811	SCMCAM2084G01.g	-NA-					-1.78			-1.82		-2.13
3812	SCMCCL6048D08.g	Root cap protein 1			-3.35		-5.39				1.89	
3813	SCMCCL6048D12.g *	Beta-glucosidase 31									1.5	
3814	SCMCCL6048F08.g *	Glycine-rich family protein										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3815	SCMCCL6049E02.g	Pyrrolidone-carboxylate peptidase							2.96		3.57	
3816	SCMCCL6049E10.g	Hornerin-like isoform x1	-1.33	-1.64	-1.35	-1.23	-1.23				1.12	
3817	SCMCCL6049G08.g	Pyrrolidone-carboxylate peptidase							2.86		3.62	
3818	SCMCCL6049H03.g *	Heat shock protein 90					2.35					
3819	SCMCCL6050F12.g	-NA-							4.73		5.97	
3820	SCMCCL6051A05.g	Hypothetical protein									1.55	
3821	SCMCCL6051B10.g	Ribose-5-phosphate isomerase							-1.68		-1.64	
3822	SCMCCL6051D02.g	Elicitor-responsive protein 1					-3.04					
3823	SCMCCL6051F09.g *	Pre-mrna-splicing factor 18-like	2.86		2.01							
3824	SCMCCL6052A09.g	S-type anion channel slah3-like			2			1.82				
3825	SCMCCL6052E09.g	Spx domain-containing membrane protein os06g0129400-like isoform x2			1.59							
3826	SCMCCL6053D03.g *	Dof zinc finger protein	3.63				3.93		1.74		2.48	
3827	SCMCCL6053G04.g	Gdp-l-galactose phosphorylase 2-like		-1.03	1.42	-1.41				-2.86		-2.73
3828	SCMCCL6053H01.g	Carboxymethylenebutenolidase homolog							-1.09			
3829	SCMCCL6054B10.g	Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at5g45840-like							1.44		1.37	
3830	SCMCCL6054F02.g	Heavy metal-associated domain containing protein	1.11		1.07							
3831	SCMCCL6055C06.g	Pyruvate dehydrogenase e1 component alpha subunit	5.72		5.66			4.03				
3832	SCMCCL6055H07.g *	Tpa: homeobox dna-binding and leucine zipper domain family protein					1.78					
3833	SCMCCL6056G12.g *	Tmv response-related protein						-3.54		1.99		2.06
3834	SCMCCL6057F10.g	F-box lrr-repeat protein 14-like		-2.41								
3835	SCMCCL6057H12.g *	High-affinity potassium transporter	-1.12								1.06	
3836	SCMCCL6058D12.g *	-NA-										
3837	SCMCCL6059B02.g	Indole-3-acetic acid-amido synthetase					-3.35					
3838	SCMCCL6059C02.g	Protein binding		1.3							-1.72	
3839	SCMCCL6059G10.g	Indole-3-acetaldehyde oxidase-like									-1.58	
3840	SCMCFL5004A10.g	Glycine-rich rna-binding protein 2	1.57		1.49			1.18				
3841	SCMCFL5004F06.g	Unknown	1.3		1.67			1.19				
3842	SCMCFL5007H10.g	Magnesium-chelatase subunit chloroplastic-like			-1.48						-2.82	
3843	SCMCFL5009B11.g	Secretory carrier-associated membrane protein 4-like					-2.78				-3.34	
3844	SCMCFL5009H03.g	Nadp-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase								2.62		3.19
3845	SCMCFL5024A11.g *	Web family protein chloroplastic-like		-3.12								
3846	SCMCLB2081D09.g *	Aluminum-activated malate transporter 10-like							1.87			
3847	SCMCLB2083F09.g *	-NA-										
3848	SCMCLB2084F05.g	Leucine-rich repeat receptor-like serine threonine tyrosine-protein kinase sobir1-like	-1.05		-1.7	-1.8			4.86			
3849	SCMCLR1010D01.g	Retrotransposon ty1-copia subclass					-1.78				3.58	
3850	SCMCLR1010E10.g	Uncharacterized protein loc100274879 precursor								1.25		1.34

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
3851	SCMCLR1032F09.g	-NA-					-2.11					
3852	SCMCLR1053B01.g	<i>Probable calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like</i>			-2.12		-1.43		-1.75			
3853	SCMCLR1053D12.g *	-NA-									2.38	
3854	SCMCLR1053E03.g *	-NA-							2.75			
3855	SCMCLR1053F10.g *	<i>Uncharacterized abhydrolase domain-containing protein ddb-g0269086-like</i>							-1.14	1.26		
3856	SCMCLR1053G09.g	<i>Kda proline-rich protein</i>	-2.19	-3.12			-2.34	-2.57	-1.58	-1.09		-1.2
3857	SCMCLR1122C01.g *	<i>Zinc finger protein 1-like</i>			-1.26		2.23	-1.05				
3858	SCMCLR1122E06.g *	<i>Retinol dehydrogenase 12</i>					1.19	2.9				
3859	SCMCLR1122E10.g	<i>Nadph-cytochrome p450 reductase</i>		-1.61			-1.96		-1.55	-2.19		-2.6
3860	SCMCLR1122H05.g *	<i>Ethylene-responsive transcription factor 4</i>	1.97				2.3				1.14	
3861	SCMCLR1123D12.g	<i>Polyol transporter 5-like</i>		1.75			1.12		1.22		-2.52	-3.09
3862	SCMCLR1123E02.g	<i>Potassium transporter 18-like</i>					1.38					
3863	SCMCLR1124B05.g	<i>Protein root primordium defective 1-like</i>									-1.42	
3864	SCMCLR1124G07.g	<i>60s ribosomal protein l29</i>			1.27							
3865	SCMCRT2085A08.g	<i>Nitrilase 1</i>					1.36					
3866	SCMCRT2085B01.g	<i>Remorin family protein</i>					-1.4		-1.47			1.03
3867	SCMCRT2085C10.g	<i>Glycosyltransferase</i>					-1.44					
3868	SCMCRT2085D12.g	<i>Soluble starch synthase iii-1</i>								1.42		
3869	SCMCRT2085E06.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>								1.18		1.32
3870	SCMCRT2085F06.g *	<i>Senescence-associated senescence-associated protein sag102</i>	1.73				-1.64			1.11	1.94	
3871	SCMCRT2085H11.g	<i>Metalloendoproteinase 1-like</i>					-2.92		-2.99	-2.1		-2.59
3872	SCMCRT2086A02.g	<i>Phosphoribosylamine-glycine chloroplastic-like</i>					-3.07			5.36		5.26
3873	SCMCRT2086C02.g	<i>Cytosolic acetyl-carboxylase</i>		-2.49			-1.55					
3874	SCMCRT2086C07.g	<i>Trans-cinnamate 4-monoxygenase</i>					-2.79		-2.1	1.63		1.52
3875	SCMCRT2086D03.g	<i>Hexokinase 1</i>								2.04		2.63
3876	SCMCRT2086D10.g	<i>F-box family protein</i>					1.03			1.24		1.19
3877	SCMCRT2086H06.g *	<i>Negatively light-regulated expressed</i>		-2.27								
3878	SCMCRT2087A02.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-390698</i>					-3.38					
3879	SCMCRT2087B02.g	<i>Cysteine proteinase inhibitor 8-like</i>					-1.67			3.15		2.75
3880	SCMCRT2087D02.g	<i>Laccase family protein</i>		-2.35			-1.93					-1.2
3881	SCMCRT2087D10.g	<i>2-isopropylmalate synthase b</i>	-1.52		-1.37							
3882	SCMCRT2087F07.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor erf118-like</i>		1.42								
3883	SCMCRT2087F12.g *	<i>Non-lysosomal glucosylceramidase-like</i>					2.09		1.3		1.25	
3884	SCMCRT2087G01.g	<i>Pollen-specific protein sf21-like</i>		-2.61			-2.17					
3885	SCMCRT2087G07.g	<i>Uncharacterized secreted protein</i>								-1.31		-1.8
3886	SCMCRT2087H09.g	<i>Protein yippee-like at4g27745-like</i>					-1.32			1.58		1.85
3887	SCMCRT2088B08.g	-NA-										2.08
3888	SCMCRT2088D01.g	<i>Protein aspartic protease in guard cell 2-like</i>								-1.48		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3889	SCMCRT2088E01.g	Trehalose-6-phosphate synthase		1.28	-1.12	1.13					1.45	1.49
3890	SCMCRT2088E08.g *	-NA-									1.44	1.45
3891	SCMCRT2088G09.g *	Dof zinc finger protein	1.57								-1.16	
3892	SCMCRT2088H11.g	40s ribosomal protein s24										
3893	SCMCRT2089A07.g	Probable splicing factor 3a subunit 1-like			1.01							
3894	SCMCRT2089D06.g *	-NA-									2.35	
3895	SCMCRT2089E02.g	Pyruvate decarboxylase			-3.85						6.42	6.8
3896	SCMCRT2089G02.g *	Dihydrofolate reductase-like	2.27		-1.69		-2.03					-1.55
3897	SCMCRT2102A03.g	3-oxoacyl-synthase iii			-1.29		-1.46					
3898	SCMCRT2102A05.g	Peroxidase 21-like			1.69		1.62				-2.55	
3899	SCMCRT2102C10.g	Uncharacterized protein loc100193809			1.26						1.33	1.38
3900	SCMCRT2102F01.g *	Delta( ) ( )-dienoyl- isomerase 1									-1.91	
3901	SCMCRT2102F02.g *	Amp-dependent synthetase and ligase superfamily protein		-1.38				-2.14		-1.46		-2.51
3902	SCMCRT2103A12.g *	Ltp1		-4.41		-2.56		-2.24				
3903	SCMCRT2103B04.g	Cbl-interacting protein kinase 4-like		2.97		2.88		2.7				
3904	SCMCRT2103B11.g	Vacuolar protein sorting-associated protein 13c			1.29		1.85					
3905	SCMCRT2103D05.g *	Qltg3-1		-2.8				-2.08		1.54		1.86
3906	SCMCRT2103E06.g	Atp gtp-binding protein									1.84	2.47
3907	SCMCRT2103F01.g	Uncharacterized protein loc100277222			-1.86						2.82	2.75
3908	SCMCRT2103F09.g *	Udp-glycosyltransferase 85a2-like									-2.98	-2.67
3909	SCMCRT2103G09.g *	-NA-									1.88	
3910	SCMCRT2103H08.g	Root abundant factor		-2.46		-2.18		-1.88		1.04		1.08
3911	SCMCRT2103H09.g	Cortical cell-delineating protein precursor		-4.35		-5.76		-2.81		-1.35		-1.54
3912	SCMCRT2104A09.g	Galactoside 2-alpha-l-fucosyltransferase									2.87	3.12
3913	SCMCRT2104D07.g	-NA-	6.08		5.82		7					
3914	SCMCRT2104D11.g *	-NA-		1.34		2.34			-1.69			
3915	SCMCRT2104E02.g *	Platz transcription factor					-1.18					
3916	SCMCRT2104G02.g	Probable amino acid permease 7-like									1.48	1.46
3917	SCMCRT2105A07.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g005660 [Sorghum bicolor]		-1.9		-2.51					1.81	1.52
3918	SCMCRT2105C12.g *	E3 ubiquitin-protein ligase lin-1-like		-3.08							-1.07	
3919	SCMCRT2105D10.g *	Cytochrome p450 superfamily protein		-1.15							-1.55	-1.33
3920	SCMCRT2105D12.g *	Tpa: hydrolase										
3921	SCMCRT2105E02.g	Tpa: hhh dna-binding domain superfamily protein		-1.36		-3.59		-3.61		-2.12		-2.74
3922	SCMCRT2105E06.g *	Glycine-rich rna binding protein	-1.04				-1.01					
3923	SCMCRT2105E09.g *	50s ribosomal protein chloroplastic-like			1.07		1.25					
3924	SCMCRT2105G08.g *	Tryptophan aminotransferase-related protein 4-like	-1.36									
3925	SCMCRT2105G11.g	Ring-h2 finger protein atl2k			-2.29						1.72	2.27
3926	SCMCRT2105H04.g	Dehydration-responsive protein rd22-like		-4.91		-5.85					-2.1	-3.13
3927	SCMCRT2106H01.g	Aspartic proteinase									-1.31	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3928	SCMCRT2107D08.g	Beta-expansin 1a expressed		-3.64		-4.11		-3.87		-1.2		-1.55
3929	SCMCRT2107F05.g *	Ef hand family protein					2.19					
3930	SCMCRT2107F12.g	Probable receptor-like protein kinase at1g33260-like				-3.09		-2.83		-1.2		-1.36
3931	SCMCRT2107G02.g	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase								2.03		1.92
3932	SCMCRT2107G06.g	Tpa: protein phosphatase 2c family protein		5.84		3.87		3.71				
3933	SCMCRT2107G09.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor		-1.83		-1.5					6.06	
3934	SCMCRT2108A04.g	Xylanase inhibitor protein 2 expressed										5.16
3935	SCMCRT2108B02.g	Mrp-like abc transporter		-1.5				-1.63				
3936	SCMCRT2108C09.g	Tpa: bifunctional inhibitor ltp seed storage protein family		-2.17		-1.67						
3937	SCMCRT2108D08.g *	Protein msp1		-1.63								
3938	SCMCRT2108G02.g	Major facilitator superfamily protein isoform 1		-2.9		-3.05						
3939	SCMCRT3084H01.g	Probable carboxylesterase 17-like				-2.32						-2.28
3940	SCMCRT3085E10.g	Protoporphyrinogen mitochondrial-like								2.51		2.8
3941	SCMCRZ3064A10.g	Mrna for protoporphyrinogen oxidase family protein			-1.05							
3942	SCMCRZ3064F11.g	Ring-h2 zinc finger protein				-1.33		-1.62				-1.19
3943	SCMCRZ3065G10.g	Dna binding like				-3.71		-3.07				
3944	SCMCRZ3066B06.g	Auxin-induced protein 5ng4-like								-2.25		-2.51
3945	SCMCRZ3067A03.g *	Heat shock factor protein 7		1.48		1.64		1.75				
3946	SCMCRZ3067A10.g	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase a-like				-1.37						
3947	SCMCRZ3067D03.b	Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g018371								3.46		3.11
3948	SCMCRZ3067H12.g *	-NA-		5.01				3.97			-1.76	
3949	SCMCRZ3068B01.b	Wrky74 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains										-1.97
3950	SCMCRZ3068E07.g	Nuclear protein				-3.21				3.54		3.64
3951	SCMCSB1107B05.g	Amino acid permease 8-like								2.03		1.93
3952	SCMCSB1109B01.g	Synaptic vesicle 2-related protein		1.81		2.12		1.7				
3953	SCMCSB1111E06.g	-NA-								-2.75		-2.55
3954	SCMCSB1111F06.g	Glucose-6-phosphate cytosolic								1.81		2.66
3955	SCMCSB1111G08.g	Transmembrane protein 230-like								1.52		1.76
3956	SCMCSB1112G10.g	Early-responsive to dehydration expressed			1.81							-3.29
3957	SCMCSB1113A08.g	Peroxidase 4-like										
3958	SCMCSB1113C12.g *	Leaf senescence		1.49				1.01				
3959	SCMCSB1114E08.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein 8-like								-1.14		
3960	SCMCSB1115E01.g	Mterf-like protein isoform 2		-1.25		-1.09						
3961	SCMCSB1116A12.g	-NA-			1.66		2.02		1.6			
3962	SCMCSB1116D02.g *	Phosphoenolpyruvate carboxylase					1.44		1.25		-1.49	
3963	SCMCSD1059G09.g *	Alcohol dehydrogenase-like 3-like isoform x2			-1.65							
3964	SCMCSD1060C08.g *	At3g46430 f18l15-150			3.11							
3965	SCMCSD1060C09.g *	Hypothetical protein AAUPMC-20941, partial			3.63							
3966	SCMCSD1061E12.g *	Protein of unknown function			3.1							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
3967	SCMCSD1062E01.g *	<i>Protein cobra-like</i>							2.88			
3968	SCMCSD1062H02.g *	<i>Flavonoid 3'-hydroxylase</i>							-1.28		-1.84	
3969	SCMCSD1063A12.g *	<i>2-succinylbenzoate-ligase</i>	-1.2								-1.87	
3970	SCMCSD1063G06.g	<i>Af378856-1 at4g19390 t5k18-170</i>	1.61		2.57		1.76					
3971	SCMCSD2060H11.g	<i>Hypothetical protein</i>			3.42		5.53					
3972	SCMCSD2061D05.g	<i>Cbl-interacting protein kinase 2</i>			-1.79	1.5						
3973	SCMCSD2062E06.g *	<i>Cadmium tolerant 1</i>	1.15				1.6		1.75		1.65	
3974	SCMCSD2063A09.g *	-NA-		-4.69		-3.08			-2.27		-2.66	
3975	SCMCST1049F11.g	<i>6-phosphogluconate dehydrogenase isoenzyme a</i>									-1.2	
3976	SCMCST1049H08.g *	<i>Nicotianamine synthase 3</i>							-1.55		-1.88	
3977	SCMCST1050D11.g	<i>Membrane protein</i>							-2.6		-2.94	
3978	SCMCST1050D12.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>			-2.25		-1.88		-2.45		-3.16	
3979	SCMCST1050F02.g	<i>Remorin-like protein</i>	2.23		1.91		1.79					
3980	SCMCST1050F07.g	<i>-like jelly roll fold</i>		1.27		1.2						
3981	SCMCST1050H06.g	<i>Small gtp-binding protein ac3</i>			-2.74				-2.65		-3.35	
3982	SCMCST1051A03.g	<i>Uro-adherence factor a</i>						2.38		-1.59		-1.92
3983	SCMCST1051C02.g	<i>R40g2 protein</i>	2.67		2.69		2.28					
3984	SCMCST1051F08.g	<i>Protein tyrosine expressed</i>	-1.55				-1.52					
3985	SCMCST1052C11.g *	<i>Neutral alkaline invertase</i>	-1.59				-1.73					
3986	SCMCST1052H03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g029650</i>		1.63		1.2		1.14				
3987	SCMCST1053F09.g *	<i>Calcium-translocating atpase plasma membrane-type-like isoform x2</i>	2.49		2.28		2.03					
3988	SCMCST1054D02.g	<i>Tpa: submergence induced protein si397</i>							2.15		1.74	
3989	SCMCST1054G01.g	<i>Thiosulfate 3'-mercaptopyruvate sulfurtransferase mitochondrial-like</i>							1.2		1.29	
3990	SCMCST1054H08.g	<i>Wpp domain-interacting protein 1-like</i>		2.32		2.46		2.67				
3991	SCMCST1055D06.g	<i>Endoglucanase 24-like</i>	2.71		2.33				-1.63		-1.91	
3992	SCMCST1057F02.g	<i>Uncharacterized protein at4g06744-like</i>			-2.15		-2.33		-1.55		-1.81	
3993	SCMCST1058F09.g	<i>Ferric-chelate reductase 1-like</i>			-4.04		-3.62		-1.79			
3994	SCMCST3167H03.g	<i>Actin-related protein 2/3 complex subunit 2</i>									-2.83	
3995	SCMCST3168D09.g	<i>Ferric-chelate reductase 1-like</i>		-2.12		-2		-2.69		-2.07		-2.66
3996	SCMCST3168G07.g	<i>Protein iq-domain 32-like</i>		-1.72		-1.5		-1.59		-1.34		-1.61
3997	SCPILB2024E06.g	-NA-			4.06							
3998	SCPILB2024F05.g	<i>Abc transporter c family member 4-like</i>						1.18				
3999	SCPIRT3021G05.g *	<i>Pleiotropic drug resistance protein 3</i>		-3.69								
4000	SCPIRT3024C09.g *	<i>Hyp1 isoform 1</i>	2.41		2.37			1.49				
4001	SCPRLB2026C09.g	-NA-		4.34		4.63		4.49				
4002	SCPRLB2029E11.g *	-NA-					2.39					
4003	SCPRLB2029F10.g	-NA-		5.59		5.49		5.5				
4004	SCPRRT3026B03.g	<i>Low-molecular-weight cysteine-rich protein lcr69 precursor</i>		2.67		2.75		3.1				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4005	SCPRRT3026E05.g *	<i>Aspartate-tRNA cytoplasmic-like</i>						-1.66	1.55	1.86		
4006	SCQGAD1065H07.g	-NA-							1.06	1.36		
4007	SCQGAD1066A05.g	<i>Patellin family protein</i>								2.19		
4008	SCQGAM1045B11.g *	<i>Uncharacterized protein loc101779541</i>		-1.3					-1.17		-1.17	
4009	SCQGAM1045C11.g	<i>60S ribosomal protein l22-2</i>							-1.12			
4010	SCQGAM1046D04.g	<i>Dehydrin cor410</i>					3.11	2.72	2.24			
4011	SCQGAM1046G06.g *	<i>Alpha-glucosidase 2</i>		-2.17								
4012	SCQGAM1047E01.g	<i>Pathogenicity protein path531-like protein</i>		-1.83			-1.8					
4013	SCQGAM1048F02.g	<i>Dead-box atp-dependent rna helicase 25-like</i>				-1.61				-1.85		
4014	SCQGAM1048G05.g	<i>Pdr-like abc transporter</i>		-2.69			-4.77		-4.73	-4.53	-4.07	
4015	SCQGAM1049A02.g	<i>Two-component response regulator family protein</i>				3.51						
4016	SCQGAM2026C07.g	<i>Uncharacterized protein loc101772669</i>					-2.51		-2.73	-1.15	-1.71	
4017	SCQGAM2026F04.g	<i>Uncharacterized loc101217857</i>			1.09							
4018	SCQGAM2026F07.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>		1.58			1.52		1.3		-1.25	
4019	SCQGAM2026G05.g *	<i>Cellulase containing protein</i>		-3.18								
4020	SCQGAM2027G11.g	<i>Protein fabf- chloroplastic-like</i>		-1.84			-2.23			-1.79	-1.61	
4021	SCQGAM2028B12.g	<i>Uncharacterized protein isoform 1</i>					-1.93			3.79	3.18	
4022	SCQGAM2028D11.g	<i>1-amino cyclopropane-1-carboxylate synthase 7-like</i>							-1.36			
4023	SCQGAM2028E07.g	<i>At3g61870 f21f14-40</i>			1.07							
4024	SCQGAM2028G03.g	-NA-				-2.29			-1.14			
4025	SCQGAM2028G09.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 16-like</i>					-2.95					
4026	SCQGAM2029F03.g *	<i>F-box kelch-repeat protein at1g22040-like</i>		-1.21				-1.11				
4027	SCQGAM2030B04.g	<i>Cinnamoyl reductase 1-like</i>			-3.57			-3.06				
4028	SCQGAM2107B09.g	<i>Adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>								1.03		
4029	SCQGAM2108C11.g *	<i>Tpa: amp-dependent synthetase and ligase superfamily protein</i>								-2.27		
4030	SCQGAM2109A02.g	<i>Probable inactive purple acid phosphatase 2-like</i>									1.09	
4031	SCQGAM2110B10.b	<i>Gdp-fucose protein-o-fucosyltransferase 2</i>									-2.1	
4032	SCQGAM2110F04.g *	<i>Lactoylglutathione lyase</i>										
4033	SCQGFL1095A10.g	<i>Abscisic stress ripening</i>	1.37			1.69				1.71		
4034	SCQGFL1095D09.g *	<i>Neutral alkaline invertase</i>	-1.17					-1.42				
4035	SCQGFL1096G10.g *	-NA-			1.61	2.67						
4036	SCQGFL3058C12.g	<i>Cbs domain-containing protein cbscbspb5-like</i>								-2.46	-2.39	
4037	SCQGFL3058F06.g *	<i>B12d protein</i>							1.7	1.7	1.73	
4038	SCQGFL4072E09.g	<i>Rna-binding protein</i>	1.45	2.75	1.41	2.55	1.34	1.94				
4039	SCQGFL4074H06.g *	<i>Glycosyltransferase ago61</i>		2.46								
4040	SCQGFL8015E05.g	<i>Disease resistance protein at4g11170-like isoform x1</i>				1.01						
4041	SCQGHR1010A04.g *	<i>Hydroperoxide lyase</i>	-1.59									
4042	SCQGHR1010G08.g	<i>Polyol transporter 5-like</i>								-1.72	-1.77	
4043	SCQGHR1010H02.g	-NA-			5.77	2.85	4.4	2.6	3.61			
4044	SCQGHR1011A04.g	<i>O-acyltransferase wsd1-like</i>		2.04		2.61						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4045	SCQGHR1011C01.g *	Sulfate transporter	-1.27									
4046	SCQGHR1011D01.g	Pathogenesis-related transcriptional activator pti6		1.58					1.09			
4047	SCQGHR1012A08.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101774732 isoform X3									-3.75	
4048	SCQGHR1012B09.g	Senescence-associated protein		1.73								
4049	SCQGHR1012F03.g *	Polygalacturonase-inhibiting protein		3.86								
4050	SCQGHR1013D02.g	Asparagine synthetase		4.4		5.12						
4051	SCQGHR1013F03.g	Thiol protease sen102-like			-1.83		-2.44		1.39	-2.8	1.53	-2.7
4052	SCQGLB1028E10.g *	Cystinosin homolog					-1.44					
4053	SCQGLB1028H11.g	Dual-specificity phosphatase 4	-1.42		-1.97							
4054	SCQGLB1029D12.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g007160			-3.28							
4055	SCQGLB1029H07.g *	Cyclin delta-2							-1.74			
4056	SCQGLB1030B10.g	Uncharacterized protein loc100193298			-1.74						-1.1	
4057	SCQGLB1030D05.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101779627	-1.5		-1.86							
4058	SCQGLB1030E04.g *	Calmodulin-binding transcription activator 3-like isoform x1	-1.33									
4059	SCQGLB1038B02.g *	Sucrose synthase 1	-1.88		-1.56		-1.23					
4060	SCQGLB1039D03.g	-NA-	1.07		1.26		1.16					
4061	SCQGLB1039D07.g	2-isopropylmalate synthase b	-1.41		-1.32		-1.05					
4062	SCQGLB1039E05.g *	Er6 protein					1.34					
4063	SCQGLB1039H01.g	Scarecrow-like protein 6-like		1.67		1.14		1.15				
4064	SCQGLB1040B05.g	High light protein	3.13		3.46							
4065	SCQGLB1040C05.g *	F-box kelch-repeat protein at1g22040-like	-1.18				-1.16					
4066	SCQGLB2044A11.g	-NA-	5.94	4.8	6.92	4.04	5.71					
4067	SCQGLR1019A07.g	Carrier protein mitochondrial-like							-1.15		-1.57	
4068	SCQGLR1019B01.g *	Immutans protein	1.4		1.55		1.4		2.19			
4069	SCQGLR1019B02.g *	Sulfite reductase					-1.01					
4070	SCQGLR1019C02.g	Pathogenesis-related transcriptional activator pti6		1.46								
4071	SCQGLR1019C03.g *	Splicing arginine serine-rich 4	1.94	1.76		1.63	2.05			-1.49		-1.98
4072	SCQGLR1019C07.g *	Protein								-1.49		
4073	SCQGLR1019D05.g *	Harpin inducing protein		2.08	1.79			1.16				
4074	SCQGLR1019D06.g	Legumin-like protein		1.01				1.02				
4075	SCQGLR1019E07.g *	E3 ubiquitin-protein ligase upl1-like		-1.44								
4076	SCQGLR1019F10.g *	Retrovirus-related pol polyprotein line-1						-1.02				
4077	SCQGLR1019F04.g *	Low quality protein: proteasome activator complex subunit 4-like		-1.41								
4078	SCQGLR1019F06.g *	Histone h3						-1.42				
4079	SCQGLR1019F12.g	Plastidic atp adp transporter	2.38		2.29							
4080	SCQGLR1019G02.g	Udp-glucose 6-expressed			-1.53					-1.4		
4081	SCQGLR1019H03.g	Transcription factor qsh-1								1.27		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4082	SCQGLR1019H07.g	<i>Probable glucuronosyltransferase os01g0926700-like</i>		-1.51		-1.86		-1.51		-1.46		-2.17
4083	SCQGLR1041A05.g *	<i>Heat shock protein sti-like</i>						1.96				
4084	SCQGLR1041A10.g *	<i>Glyoxysomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein mfp-a</i>		-1.18								
4085	SCQGLR1041B09.g	<i>Xanthine uracil permease family expressed</i>								1.28		1.08
4086	SCQGLR1041C07.g *	<i>Alpha-l-arabinofuranosidase 1-like</i>		-2.29						1.49		1.51
4087	SCQGLR1041E11.g *	<i>Dehydration-responsive element-binding protein 1c-like</i>										-1.28
4088	SCQGLR1041G04.g	<i>Fiber protein fb2</i>					-1.4					
4089	SCQGLR1041G12.g	<i>-NA-</i>					-1.04			-1.11		-1.05
4090	SCQGLR1041H04.g	<i>Tpa: plasma membrane intrinsic protein2</i>	2.06	1.67	2.05		2.21					
4091	SCQGLR1062B01.g	<i>Hop-interacting protein thi031</i>										-1.77
4092	SCQGLR1062B05.g	<i>Gds1 esterase lipase at4g28780-like</i>	1.5	1.53	1.5	1.23						
4093	SCQGLR1062B09.g	<i>Gibberellin receptor gid1l2</i>										-1.41
4094	SCQGLR1062B10.g *	<i>Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like</i>							-1.51			-2.03
4095	SCQGLR1062B11.g	<i>Probable sulfate transporter -like</i>							1.65		1.4	
4096	SCQGLR1062C03.g	<i>Histone h3</i>		-2.69		-3.01						-1.29
4097	SCQGLR1062C05.g	<i>Cytochrome b561</i>				1.13				-1.56		-1.97
4098	SCQGLR1062D04.g	<i>Udp-glucose pyrophosphorylase</i>			1.04					2.2		2.21
4099	SCQGLR1062D12.g *	<i>Desumoylating isopeptidase 1-like</i>	1.46				2.7			-1.89		-2.23
4100	SCQGLR1062E10.g	<i>Scarecrow-like protein 1-like</i>								1.47		1.74
4101	SCQGLR1062E12.g	<i>Lactoylglutathione lyase</i>			1.3		1.11					
4102	SCQGLR1062G02.g	<i>Polcalcin jun o 2</i>	1.36				2.14			-1.22		-1.58
4103	SCQGLR1062G06.g *	<i>Ferredoxin-dependent glutamate chloroplastic-like</i>		-1.61								-1.11
4104	SCQGLR1062H12.g *	<i>Cytidine deaminase-like</i>						-1.38				
4105	SCQGLR1085D02.g	<i>Class iii chitinase homologue ( hib3h-a)</i>							5.87		4.66	
4106	SCQGLR1085D04.g *	<i>Pathogenesis-related transcriptional activator pti6</i>		1.54								
4107	SCQGLR1085E10.g	<i>P8mtpcp1</i>										-1.01
4108	SCQGLR1085F11.g	<i>Dhn9</i>	7.02	6.45	6.8	5.85	4.73	4.72				-2.68
4109	SCQGLR1085H01.g *	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-291874</i>		1.58								
4110	SCQGLR1086A02.g	<i>Cytochrome p450 86b1</i>	-1.47		-1.09		-1.88					
4111	SCQGLR1086B07.g	<i>Selenium binding protein</i>										-1.19
4112	SCQGLR1086B12.g	<i>Stress responsive protein</i>		2.42		2.03		2.67				
4113	SCQGLR1086C02.g *	<i>Vacuolar processing enzyme 4</i>			-2.59					-1.59		-2.38
4114	SCQGLR1086F10.g *	<i>Mads box interactor-like</i>						-1.03				
4115	SCQGLR1086F11.g	<i>Uncharacterized loc101220487 isoform 2</i>								-1.05		-1.19
4116	SCQGLR1086G11.g *	<i>Protein argonaute 2-like</i>	2.19	1.79		2.18		1.99				
4117	SCQGLR1087A09.g *	<i>3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein</i>						1.55			-3.35	-2.39
4118	SCQGLR1087E11.g	<i>-NA-</i>										
4119	SCQGLR1087H10.g *	<i>Ozone-responsive stress related protein</i>	3.56	3.36			2.85					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4120	SCQGLR1088A06.g	Zim motif family protein					-1.09					
4121	SCQGLR1088G06.g *	Wound induced protein					-1.26					
4122	SCQGLR2010E11.g	Thylakoid-bound ascorbate peroxidase	1.21		1.42		3.34			1.43		1.41
4123	SCQGLR2017A03.g *	Kda proline-rich protein		3.95			1.06					
4124	SCQGLR2017B03.g	Mitogen activated protein kinase kinase									1.01	
4125	SCQGLR2017B10.g	40s ribosomal protein s9-2-like			-1.16		-1.49				-1.15	
4126	SCQGLR2017B11.g *	Auxin-repressed protein		3.34		2.93	2.03	3.3			-1.16	
4127	SCQGLR2017D04.g *	Aquaporin tip4-1	-3.53		-1.83		-2.72				-2.85	
4128	SCQGLR2017D09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g010100			-1.38		-1.39		-1.46			
4129	SCQGLR2017E05.g	Constans-like protein co6		2.16		1.43		1.36				
4130	SCQGLR2017E07.g	Gdsl esterase lipase at5g45910-like								-1.27		-1.37
4131	SCQGLR2017E09.g	-NA-	1.8		1.81		2.01					
4132	SCQGLR2017F06.g	Probable nadph:quinone oxidoreductase 1-like					-1.69		-1.28		-1.5	
4133	SCQGLR2017G05.g *	Senescence-associated family protein									-2.21	
4134	SCQGLR2025B01.g	Tpa: laccase family protein			-3.48		-2.54		-1.35		-2.48	
4135	SCQGLR2025C02.g	-NA-	-2.23		-1.99		-2.9					
4136	SCQGLR2025D03.g	Gamma-glutamylcysteine synthetase					-1.08		-1.11			
4137	SCQGLR2025D04.g	Thaumatin-like protein 1 precursor					-3.08		-3.3			
4138	SCQGLR2025F01.g	Membrane protein	1.68		1.73		1.46					
4139	SCQGLR2025H12.g	28 kda chloroplastic								1.51		1.44
4140	SCQGLR2032A09.g	-NA-								4.63		4
4141	SCQGLR2032B01.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g042590					-3.36					
4142	SCQGLR2032B05.g	Dehydrogenase reductase sdr family member 2	-1.21				-1.46				-1.4	
4143	SCQGLR2032B06.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g036950					-1.76		-1.92			
4144	SCQGLR2032B10.g	Zn-finger containing protein		4.51		3.24		2.58				
4145	SCQGLR2032C12.g *	-NA-					-1.03					
4146	SCQGLR2032D06.g *	6b-interacting protein 1									-1.52	
4147	SCQGLR2032E11.g *	Glycine-rich family protein							1.44			
4148	SCQGLR2032G10.g *	Polyubiquitin 2		-1.03								
4149	SCQGLV1017G09.g	Nodulin-like protein								2.44		3.2
4150	SCQGRT1038G12.g	Ethylene-responsive factor-like protein 1								5.18		4.89
4151	SCQGRT1038H07.g	Protein binding protein		-2.39		-1.89						
4152	SCQGRT1039A05.g	Wound induced protein								1.11		1.16
4153	SCQGRT1039F03.g	O-methyltransferase zrp4										-3.09
4154	SCQGRT1039H01.g *	Subtilase family protein		-1.91								
4155	SCQGRT1040C05.g	Early nodulin 93					-2.73			4.24		4.36
4156	SCQGRT1040C08.g	Chemocyanin precursor	-2.42		-2.29							
4157	SCQGRT1040D06.g *	Acetyl-synthetase	-1.01				-2.15					-1.34
4158	SCQGRT1040D08.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor					-2.31			-1.44		-1.74
4159	SCQGRT1040E05.g	Ethylene-responsive transcription factor 4					-1.12					-1.08
4160	SCQGRT1040E06.g	Alanine-glyoxylate aminotransferase 2 homolog mitochondrial-like		-1.09		-1.19				-1.16		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4161	SCQGRT1040E10.g	Nematode-resistance protein	2.04									
4162	SCQGRT1040F07.g	Shikimate o-hydroxycinnamoyltransferase-like	-1.35		-2.91		-2.83		-1.93		-2.22	
4163	SCQGRT1041A04.g	Probable e3 ubiquitin-protein ligase xbos36-like							1.02		1.08	
4164	SCQGRT1041A07.g	Protein nlp3-like							1.59		1.83	
4165	SCQGRT1041B04.g	Phosphatidylinositol transfer protein pdr17									-1.81	
4166	SCQGRT1041B06.g	Cytokinin-o-glucosyltransferase 1							3.43		3.6	
4167	SCQGRT1041B10.g	Secretory carrier membrane protein							-1.48		-1.82	
4168	SCQGRT1041C10.g *	Upf0420 protein c16orf58 homolog							1.22			
4169	SCQGRT1041H06.g *	Tpa: c3hc zinc finger-like family protein	1.52						-1.48		-1.57	
4170	SCQGRT1041H11.g	Delta-7-sterol-c5							2.33		2.66	
4171	SCQGRT1042A06.g *	Probable acyl-activating enzyme peroxisomal-like	1.76				1.16					
4172	SCQGRT1042D12.g	Uncharacterized protein loc101774301			-1.83		-2.43		-1.76		-1.54	
4173	SCQGRT1042F07.g	Harpin-induced protein			-1.56		-2.05					
4174	SCQGRT1043B02.g *	Udp-n-acetylglucosamine pyrophosphorylase					-1.19					
4175	SCQGRT1043F06.g	Glycosyltransferase family 61 protein			1.74							
4176	SCQGRT1044C02.g *	AF124045-1unknown		-1.54								
4177	SCQGRT1045H02.g	Gdp-d-mannose pyrophosphorylase							1.49		1.44	
4178	SCQGRT3044B10.g	Chitinase 2-like			2.84							
4179	SCQGRT3044B11.g *	Serine carboxypeptidase-like 18-like	-1.71								-1.53	
4180	SCQGRT3045B08.g	Lipoxygenase partial			2.55							
4181	SCQGRZ3010C10.g *	Protein phosphatase 2c containing expressed	-1.19									
4182	SCQGRZ3011C10.g	-NA-			1.12							
4183	SCQGRZ3013F11.g	Sucrose transporter1	1.96		1.47		1.59		-1.33		-1.64	
4184	SCQGSB1065D03.g	Chalcone synthase			-1.82		-1.02		-1.36		-1.97	
4185	SCQGSB1079F11.g	Cytochrome p450 8a1									-3.28	
4186	SCQGSB1081C12.g *	Galactinol-sucrose galactosyltransferase-like	1.54	2.46	2.85	3.24	2.42	2.57	-3.04		-1.35	
4187	SCQGSB1081H05.g	Tpa: thiamine biosynthesis protein thic isoform 1	1.81	1.62	-1.19	-3.1						
4188	SCQGSB1082C10.g	Lipoxygenase homology domain-containing protein 1-like			1.96	1.73	2.6	1.4				
4189	SCQGSB1083B12.g	-NA-				1.87						
4190	SCQGSB1083D01.g	Thiosulfate transferase							3.38		3.7	
4191	SCQGSB1140F12.g	Nbs-lrr-like partial				1.33						
4192	SCQGSB1141F01.g	Kelch repeat-containing f-box-like protein							1.64		1.74	
4193	SCQGSB1143D03.g	Sucrose synthase1				-1.69		-1.56				
4194	SCQGSB1143H12.g *	Polyamine oxidase	-3.32									
4195	SCQGSB1144H02.g	Primary amine oxidase-like	-1.76		-1.9				-1.01		-1.47	
4196	SCQGSB1144H09.g	Arogenate dehydratase prephenate dehydratase chloroplastic-like			-2.58		-2.31		-2.32		-2.01	
4197	SCQGSD1044F03.g *	Putative uncharacterized protein	2.47							2.4		2.87
4198	SCQGSD1045A01.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g034690					-2.14					
4199	SCQGSD1047G04.g	Endoplasmic oxidoreductin-1-like										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4200	SCQGSD1048D10.g *	<i>Probable inositol transporter 2-like</i>					1.86					
4201	SCQGSD1048F05.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-08g006240</i>		-1.78								
4202	SCQGSD2047F01.g	<i>Hypothetical protein</i>		5.79		5.11		4.97				
4203	SCQGSD2048C10.g *	<i>Late embryogenesis abundant protein lea5-d-like</i>	3.75				4.03					
4204	SCQGST1029B12.g	-NA-				1.02				-3.59		-4.41
4205	SCQGST1029F11.g	<i>Wrky74 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains</i>				-1.26				-1.85		-2.15
4206	SCQGST1029H02.g	<i>Zim motif family protein</i>		-1.19		-1.4						-1.18
4207	SCQGST1031A07.g *	<i>Microtubule-associated protein tortifolia1</i>						-1.73		-2.02		-2.6
4208	SCQGST1031C01.g	-NA-	3.82	3.85	2.75	3.1	1.62	2.52				
4209	SCQGST1032A06.g	<i>Myb-like dna-binding domain containing protein</i>								-1.96		-2.84
4210	SCQGST1032D08.g	<i>Myb-related protein hv33</i>								-2.15		-3.31
4211	SCQGST1032E05.g *	<i>Transcription initiation factor iib</i>								1.1		
4212	SCQGST1032H01.g *	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-2</i>								2.2		
4213	SCQGST1033B07.g	<i>Long chain acyl-synthetase 1-like isoform x2</i>					-2.36			3.46		3.49
4214	SCQGST1033H02.g *	<i>Secologanin synthase</i>					-1.97			-1.52		
4215	SCQGST1034A08.g *	<i>14-3-3-like protein</i>	1.19					1.09				
4216	SCQGST3123A01.g	-NA-		2.06		1.51		1.12				
4217	SCQGST3123C04.g *	-NA-								1.27		1
4218	SCQGST3125F02.g	<i>Tpa: thaumatin domain family protein</i>							1.59		1.67	-1.9
4219	SCQGST3126F06.g	-NA-								1.7		1.71
4220	SCQGST3126H11.g	<i>Wound inducive gene</i>			-2.02		-2.44					
4221	SCQGST3153H08.g *	-NA-						-1.52		-1.1		-1.56
4222	SCQGST3154C02.g	<i>Nac domain transcription factor superfamily protein</i>				-2.42				-2.24		-2.86
4223	SCQGST3155H03.g	-NA-				-2.72				1.39		2.01
4224	SCQGST3156H10.g	<i>Grx-a2 - glutaredoxin subgroup iii</i>	1.2				1.54					
4225	SCQSAD1055E08.b	<i>Magnesium chelatase h-like protein</i>			-1.26							
4226	SCQSAD1056D12.g *	<i>Hypothetical protein</i>								1.51		
4227	SCQSAD1056G05.b	<i>Aspartate aminotransferase</i>										1.49
4228	SCQSAD1057E04.g	-NA-		-1.79		-1.55		-2.7		1.43		1.55
4229	SCQSAD1057F03.g	<i>Hypothetical protein</i>		-1.28		-1.68						
4230	SCQSAD1057H01.g	-NA-						-2.53				
4231	SCQSAD1058H12.g	<i>Myb transcription factor</i>		2.24		1.61				-3.25		-4.03
4232	SCQSAD1059G05.g	<i>Uncharacterized acetyltransferase at3g50280-like</i>		-1.76								
4233	SCQSAM1031B04.g	<i>Transcription factor blhl13-like</i>				-1.4		-1.65				
4234	SCQSAM1032A12.g	<i>Amino acid permease family expressed</i>										1.27
4235	SCQSAM1033D05.g	<i>U-box domain-containing protein 4-like</i>				-1.7				-1.31		-1.42
4236	SCQSAM1034H06.g	<i>Nep1-interacting protein 1-like</i>				1.2						
4237	SCQSAM2099A11.g	<i>Mitogen-activated protein kinase</i>							1.41		1.28	
4238	SCQSAM2100F06.g	<i>Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 1</i>		-2.38						-1.64		-2.09
4239	SCQSAM2100G02.g	<i>Hypothetical protein</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4240	SCQSAM2100G07.g *	<i>Sorghum bicolor protein targeted either to mitochondria or chloroplast proteins t50848</i>	-1.23		-1.37			-1.13		-1.1		-1.13
4241	SCQSLF1121A01.g *	<i>Tubby protein</i>		1.31								
4242	SCQSLF1121B01.g	-NA-				2.28						
4243	SCQSLF1127A11.g	<i>Cellulose synthase-like protein d2-like</i>				-2.21				-1.61		-1.75
4244	SCQSLF3030B12.g	-NA-			4.3		4.08		3.93			
4245	SCQSLF3031A05.g *	<i>Ferredoxin- chloroplastic-like</i>								1.76		1.6
4246	SCQSLF3031E09.g	<i>Sugar carrier protein c</i>				-1.03				-1.05		-1.39
4247	SCQSLF3037B03.b	<i>Beta-phosphoglucomutase-like protein</i>	2.85		2.91		2.49					
4248	SCQSLF3039E08.b *	<i>Lipid binding protein</i>						1.7				
4249	SCQSHR1020A07.g *	<i>60s ribosomal protein</i>		-1.66		-1.05	1.24			2.63		3.29
4250	SCQSHR1020B12.g	<i>Ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1</i>										
4251	SCQSHR1020C06.g *	<i>Ubiquitin-protein ligase</i>		1.39								
4252	SCQSHR1020C12.g	<i>Protein iq-domain 32-like</i>		-2.02		-1.52		-1.48		-1.32		-1.58
4253	SCQSHR1020E07.g	<i>Ninja-family protein afp3</i>		1.32				1.17		-1.13		-1.12
4254	SCQSHR1020G07.g	-NA-				-2.11						
4255	SCQSHR1020H12.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g025070</i>							1.45			
4256	SCQSHR1021B04.g	<i>Plant-specific domain tigr01627 family protein</i>							-3.09		-3.2	
4257	SCQSHR1021B05.g	<i>Loc100281002 precursor</i>		-1.53		-1.6						
4258	SCQSHR1021H04.g *	<i>Disease resistance protein rga3-like isoform x1</i>		-2.1			2.45					
4259	SCQSHR1021H08.g	<i>Putative protein of unknown function (DUF594) domain family protein</i>										
4260	SCQSHR1021H11.g	<i>Atp-dependent clp protease atp-binding subunit</i>		-1.36	-1.12	-1.11	-1.14					
4261	SCQSHR1022B03.g *	<i>Cdc2 protein kinases-like</i>							-1.54		-1.94	
4262	SCQSHR1022C10.g	<i>Cysteine-rich receptor-like protein kinase 10-like</i>		-1.88		-2.21				2.52		2.94
4263	SCQSHR1022H06.g	<i>Sulfate transporter</i>		1.53		1.36						
4264	SCQSHR1023B08.g	<i>C-repeat binding factor 6</i>		2.15	-1.55							
4265	SCQSHR1023B09.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g014320</i>								4.5		
4266	SCQSHR1023C04.g *	<i>Probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g48380-like</i>		-1.12								
4267	SCQSHR1023D08.g *	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>					1.82					
4268	SCQSHR1023F08.g	<i>Premnaspirodiene oxygenase-like</i>	-3.4		-6.87		-2.65					
4269	SCQSLB1049B08.g	<i>Rna-dependent rna polymerase 1</i>		-2.78		-2.45		-2.74				
4270	SCQSLB1049C04.g	<i>Glutathione s-transferase chloroplastic-like</i>		-3.13		-2.84						
4271	SCQSLB1049C05.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>		1.61		1.59				-1.31		
4272	SCQSLB1049C10.g	<i>Integral membrane protein like</i>								-1.33		-1.5
4273	SCQSLB1049D10.g	<i>Coiled-coil domain-containing protein</i>					-1.93		-2.05		-2.06	-2.07
4274	SCQSLB1049F08.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101771377 isoform X1</i>										
4275	SCQSLB1049H01.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>		1.56		1.41		1			-1.19	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4276	SCQSLB1050C05.g	<i>Myb-related protein zm38-like</i>								-1.76	-2.17	
4277	SCQSLB1050F12.g	<i>Cas1 domain-containing protein 1-like</i>		-2.13		-1.81				-1.52	-1.87	
4278	SCQSLB1051H06.g	<i>Bel1-like homeodomain protein 1-like</i>									-1.14	
4279	SCQSLB1052B03.g	<i>Act domain-containing protein</i>								-2.64	-2.54	
4280	SCQSLB1052B06.g	<i>Protein sur2</i>								2.75	2.44	
4281	SCQSLB1052B08.g	-NA-			-1.3		-2.43			-1.61	-2.15	
4282	SCQSLB1052C08.g *	<i>Bhlh transcription factor</i>		-1.09				-1.08				
4283	SCQSLB1052C11.g	<i>Systemin receptor sr160 precursor</i>				-2.68		-2.5				
4284	SCQSLB1052F12.g	<i>3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase-like</i>		-1.61		-1.68					-1.37	
4285	SCQSLB2052E03.g	<i>Unc93-like protein 1-like</i>								-1.87	-2.03	
4286	SCQSLB2053F10.g	<i>Histone deacetylase 15-like</i>								2.39	3.06	
4287	SCQSLB2054C06.g	<i>Cellulose synthase-like protein sle1</i>			-1.19							
4288	SCQSLB2055G04.b	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g026440</i>		-2.04		-1.86		-2.12				
4289	SCQSLB2055G09.g *	-NA-								2.08		
4290	SCQLR1018A10.g *	<i>Histone h1</i>	1.49	2.17		1.62	1.88	1.41		1.26		
4291	SCQLR1018C04.g	-NA-		1.71		1.61						
4292	SCQLR1018C05.g	<i>Actin-expressed</i>		-1.68		-1.68		-1.72		-1.44	-1.75	
4293	SCQLR1018D09.g	<i>Probable serine incorporator-like isoform x1</i>	1.31		1.45		1.77					
4294	SCQLR1018D12.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-964457</i>									1.34	
4295	SCQLR1018F05.g	<i>Calcium-dependent protein kinase</i>			-1.64							
4296	SCQLR1018H02.g	<i>Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit</i>		2.69		2.83						
4297	SCQLR1018H10.g	<i>Cation proton exchanger 1a</i>								1.56	1.63	
4298	SCQLR1040B05.g	<i>Carbon catabolite-derepressing protein kinase</i>		-1.67		-1.19				1.16	1.27	
4299	SCQLR1040C07.g	<i>Kelch motif family protein</i>								4.07	4.69	
4300	SCQLR1040E04.g	<i>Protein iq-domain 1-like isoform x1</i>								1.75	1.84	
4301	SCQLR1040E09.g	<i>6-phosphogluconate dehydrogenase family protein isoform 1</i>				-1.16				-1.36	-1.38	
4302	SCQLR1040G04.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor</i>				-3.12		-2.64		-2.05	-2.86	
4303	SCQLR1061C11.g	<i>Aluminum activated citrate transporter</i>								1.56	1.7	
4304	SCQLR1061D04.g *	<i>Tubulin alpha-3 chain</i>						-1.07		-1.5	-1.51	
4305	SCQLR1061E07.g	<i>Glucose-6-phosphate cytosolic</i>								1.86	2.5	
4306	SCQLR1089A04.g	<i>Lysosomal beta glucuronidase-like</i>								-1.09	-1.35	
4307	SCQLR1089B09.g *	<i>Mads-box transcription factor 26</i>	2.34		2.14		1.23				-1.43	
4308	SCQLR1089D04.g *	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101754400</i>		-2.31	-1					-2.7	-3.03	
4309	SCQLR1089F02.g	<i>Wrky transcription factor 46</i>			-2	-1.9				-1.39	-1.69	
4310	SCQLR1089G03.g *	<i>Tpa: act-domain containing protein kinase family protein</i>								1.98		
4311	SCQLR1089G06.g	<i>Uncharacterized protein loc100276070</i>								-1.02		
4312	SCQLR1089G08.g	-NA-				-2.79						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4313	SCQLR1089H10.g	Lipid binding protein	2.91	2.57	5.91	1.75	3.79	1.71	-2.62	-2.2		
4314	SCQLR1090A05.g	-NA-			-1.95	-1.11		-1				
4315	SCQLR1090A06.g *	Casein kinase ii alpha subunit						-1.15				
4316	SCQLR1090G03.g	Aspartate aminotransferase							1.78	1.9		
4317	SCQSR1034A07.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g038245			5.72		6.32	2.12				
4318	SCQSR1034B01.g	-NA-					1.22		2.81	2.72		
4319	SCQSR1034B12.g *	Coronatine-insensitive protein 1-like					2.79		1.26			
4320	SCQSR1034C03.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g001590										
4321	SCQSR1034C06.g *	Probable inactive tRNA-specific adenosine deaminase-like protein 3-like		-1.69								
4322	SCQSR1034C09.g *	Caffeoyl- o-methyltransferase 1	4.3	-1.41		-1.25		-1.02		-1.11		
4323	SCQSR1034D03.g	Tpa: alpha-l-arabinofuranosidase family protein			-2.21		-2.12				-1.28	
4324	SCQSR1034D06.g	Oligopeptide transporter 4				2.04			1.39	-1.29	-1.23	
4325	SCQSR1034D09.g	Amino acid transporter family protein										
4326	SCQSR1034F02.g	Aps reductase	1.07		1.77		1.6		1.19			
4327	SCQSR1034H05.g	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase			1.18		1.08				1.99	1.86
4328	SCQSR1035B06.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g026390										
4329	SCQSR1035C02.g *	Dna-binding protein escarola-like		1.74								
4330	SCQSR1035D12.g	Tpa: thaumatin domain family protein		4.89		4.57		2.85				
4331	SCQSR1035E10.g *	Phosphoserine chloroplastic-like			1.85					1.85	2.23	
4332	SCQSR1035G12.g	Universal stress protein								3.17	3.63	
4333	SCQSR1036B03.g	Lysine-ketoglutarate reductase saccharopine dehydrogenase1					1.55		1.36		-2.15	
4334	SCQSR1036B10.g *	Class iii chitinase			-3.34		-4.32		-3.81		-2	
4335	SCQSR1036C01.g	Expb2-orysj ame; full=expansin-b2 ame; full=beta-expansin-2 ame; full= 2 ame; full= flags: precursor										
4336	SCQSR1036D03.g	Pathogenesis-related protein 1-like		-1.18		-1.32					-1.23	
4337	SCQSR1036D08.g	Btb poz domain-containing protein at5g48130-like									-1.45	
4338	SCQSR1036E09.g	Cytochrome p450	1.79		2.21		1.42			-1.21	-1.27	
4339	SCQSR1036F12.g	Preg-like protein								-1.12	-1.71	
4340	SCQSR1036G02.g	Ereb-like protein		-3.51		-4.06		-4.39		1.9	2.38	
4341	SCQSR1036H05.g	Nudix hydrolase 13								1.55	1.46	
4342	SCQSR1037D03.g	Uncharacterized protein loc100275684				-2.33					-1.87	
4343	SCQSR1031A09.g	Benzothiadiazole-induced protein		-3.82		-4.53		-3.58				2.48
4344	SCQSR1031A11.g	Aluminum activated citrate transporter										
4345	SCQSR1031B07.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g028790								1.43	2.02	
4346	SCQSR1031D03.g	Heat shock protein	4.17	5.93	4.85	3.99	2.56	2.52	-5.2	-2.28		
4347	SCQSR1031D12.g	Beta- $\beta$ -glucanase				2.95						
4348	SCQSR1031F02.g	Limonoid UDP-glucosyltransferase								1.3		
4349	SCQSR1031F03.g	Monodehydroascorbate reductase				1.27						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4350	SCQSR2031H06.g	<i>Late embryogenesis abundant protein 3</i>	8.2	5.43	7.51	5.16	3.95				-3.73	
4351	SCQSR2032C05.g	<i>Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 8d-like</i>		-2.14		-2.61	-2.91		-1.95		-2.18	
4352	SCQSR2032D06.g *	<i>Uncharacterized protein loc101759345</i>		-1.69			-1.71		-1.52		-2.26	
4353	SCQSR2032D12.g *	<i>L-type lectin-domain containing receptor kinase -like</i>		1.67							2.25	
4354	SCQSR2032F09.g	<i>Phosphoglucose isomerase</i>										
4355	SCQSR2032H11.g	<i>Tpa: atfp4</i>				-4.2						
4356	SCQSR2033A08.g *	<i>Wrky-type transcription factor 45-2</i>			-1.11	-1.19						
4357	SCQSR2033A11.g	<i>Ras gtpase-activating protein-binding protein 1-like</i>				1.06						
4358	SCQSR2033A12.g	<i>Chloride channel</i>				1.64	1.38					
4359	SCQSR2033B06.g	<i>Transposon unclassified</i>									3.4	
4360	SCQSR2033B08.g	<i>Gdsl esterase lipase at1g28600-like</i>							-1.2		-1.3	
4361	SCQSR2033C02.b	<i>Gdsl esterase lipase at5g45910-like</i>							-1.24		-1.38	
4362	SCQSR2033C03.g	<i>D-aminoacyl-trna deacylase-like</i>							2.55		3.25	
4363	SCQSR2033D02.g	<i>Tpa: pyruvate decarboxylase3</i>							2.61		2.91	
4364	SCQSR2033D06.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing expressed</i>			-1.12				2.54		2.29	
4365	SCQSR2033D11.g	<i>Upf0481 protein at3g47200-like</i>			-2.32							
4366	SCQSR2033F04.g	<i>Phosphoglycerate cytosolic</i>				-1.5						
4367	SCQSR2033F09.b	<i>Nac domain-containing protein 48-like</i>	3.27		2.9		3					
4368	SCQSR2033G09.g	<i>Endoglucanase 5-like</i>			-2.42				-2.38		-3.02	
4369	SCQSR2034B05.g *	<i>Cytochrome p450 89a2</i>							-2.8			
4370	SCQSR2034E01.g	<i>Transcription factor blhh128-like</i>		-2.39		-2.25			2.19		2.56	
4371	SCQSR2034G08.g	<i>Alpha-galactosidase expressed</i>							-1.25		-1.46	
4372	SCQSR2035D10.g	<i>Abscisic stress ripening</i>	-1.11		-1.39		-1.4		-1.14		-1.2	
4373	SCQSR2035D11.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing protein</i>			-1.88							
4374	SCQSR2035F04.g *	<i>Calmodulin-binding protein</i>			-1.2	-2			-1.08			
4375	SCQSR2036A03.g	<i>Beta -galactosyltransferase pgv3-like</i>			-1.49		-1.37					
4376	SCQSR2036A12.g *	<i>Monodehydroascorbate reductase</i>	-1.01		-1.16							
4377	SCQSR2036C01.g *	<i>Rab gdp dissociation inhibitor alpha</i>					-1.28					
4378	SCQSR2036C09.g	<i>-NA-</i>	-1.28		-1.31							
4379	SCQSR2036D05.g	<i>5-pentadecatrienyl resorcinol o-methyltransferase-like</i>		-1.33		-1.72			2.19		1.54	
4380	SCQSR2036F03.g	<i>Glycosyltransferase</i>	-1.28		-1.13		-1.16					
4381	SCQSR2036G04.g	<i>At-hook protein 1</i>							1.48		1.46	
4382	SCQSR2036H02.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g001930</i>							2.37		2.06	
4383	SCQSR2053A12.g	<i>-NA-</i>		4.62	4.01	4.26	3.64					
4384	SCQSR2055D04.g	<i>Gdsl esterase lipase</i>				-3.12						
4385	SCQSR2055D07.g *	<i>Coatomer beta subunit family protein</i>		-3.48								
4386	SCQSRZ3037B05.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>		-1.01		-2.68	-2.58		-2.01		-2.62	
4387	SCQSRZ3037C04.g *	<i>Glutathione s-transferase</i>						-2.34				
4388	SCQSRZ3038A01.g *	<i>Phosphoinositide phosphatase sac2-like</i>		-1.37								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4389	SCQSRZ3038G01.g	Aspartic proteinase nepenthesin-1-like							1.77		2.13	
4390	SCQSRZ3038H03.g	Receptor-like serine threonine kinase			−2.43							
4391	SCQSST1036C02.g	Senescence-associated protein 5		2.14	1.93							
4392	SCQSST1036F10.g	Thiamine thiazole synthase chloroplastic-like	−2.64	1.19	−2.25		−1.61	1.16	−1.06	−3.11	−1.12	
4393	SCQSST1037B03.g	Laccase precursor		−2.76		−2.66		−1.8		−2.35	−1.4	
4394	SCQSST1037D10.g	Universal stress protein							4.7		6.07	
4395	SCQSST1037E09.g *	Thiamine biosynthetic enzyme	−1.98	3.56	−1.72		−1.76		−1.14			
4396	SCQSST1037F05.g	Udp-glucose pyrophosphorylase							2.87		3.22	
4397	SCQSST1038B04.g *	Cytochrome p450 78a3-like		4.61								
4398	SCQSST1038C03.g	Transposon protein mutator sub-class			−2.74		−2.67					
4399	SCQSST1038D06.g	−NA−							1.52		1.52	
4400	SCQSST1039B10.g	−NA−		−1.87		−1.38			−1.17			
4401	SCQSST1039E07.g	Telomere repeat-binding protein 5-like								1.33		
4402	SCQSST1039H01.g	Btb poz domain-containing protein			1.54							
4403	SCQSST1040B06.g	Dnaj homolog subfamily b member 11-like	−1.77	−1.59	−1.32							
4404	SCQSST1040D03.g *	Af331852-1proline-rich partial		3.07		3.2						
4405	SCQSST3113A12.g	Ádipor-like receptor cg5315-like								−2.23		
4406	SCQSST3113G08.g *	Ribonuclease 3 family protein							−1.4		−1.45	
4407	SCQSST3114G01.g	Uncharacterized protein LOC100277743		−3.47		−4.92		−3.72				
4408	SCQSST3115C06.g	Hypothetical protein							1.32		1.75	
4409	SCQSST3115F07.g	Peroxidase 45									−3.04	
4410	SCQSST3116B04.g *	Qltg3-1			−1.76				1.22			
4411	SCQSST3116G04.g	Pb1 domain containing protein	2.06		1.52				−1.94		−1.89	
4412	SCQSST3116G10.g	Microtubule-associated protein futsch-like						1.32				
4413	SCRFAD1020E04.g	Seed specific protein bn15d1b							−1.98		−2.42	
4414	SCRFAD1020F06.g *	Formate mitochondrial precursor					2.59					
4415	SCRFAD1020F10.g	Hypersensitive-induced response protein							1.95		3.01	
4416	SCRFAD1021C08.g *	Phenylalanine ammonia-lyase	−1.74									
4417	SCRFAD1023A01.g *	Serine carboxypeptidase 1 precursor	−1.9									
4418	SCRFAD1023D02.g	Uncharacterized protein loc101782991	2.58		1.89		1.79		2.33		2.01	
4419	SCRFAD1023F09.g	Ap2-like ethylene-responsive transcription factor at1g16060-like							−2.82		−2.85	
4420	SCRFAD1116D11.g *	A chain structure of the complex of l-benzylsuccinate with wheat serine carboxypeptidase ii at angstroms resolution	3.8									
4421	SCRFAD1116E01.g	Stem-specific protein tsjt1-like		1.61		1.86		1.21		3.38	3.01	
4422	SCRFAD1118F04.g	Allantoate amidohydrolase									1.59	
4423	SCRFAD1120B10.g	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase							1.58		1.98	
4424	SCRFAD1120G12.g	Auxin-responsive protein iaa6			1.63							
4425	SCRFAM1026C04.g	Auxin-inducible protein									1.32	
4426	SCRFAM1026E01.g	−NA−			−1.62							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4427	SCRFAM1027E03.g	Beta- <i>m</i> annosyl-glycoprotein 4-beta- <i>n</i> -acetylglucosaminyltransferase-like									-1.52	-1.4
4428	SCRFAM1027E09.g	-NA-		2.67		2.25						
4429	SCRFAM1028B07.g	<i>Jmjc</i> domain containing expressed									3.26	3.59
4430	SCRFAM1028F01.b	-NA-	2.8	3.65	1.98	3.03	2.43	2.58				
4431	SCRFAM2071C04.g *	Root-specific protein <i>rcc3</i>						-3.7				
4432	SCRFAM2071F05.g	<i>Myb</i> -like dna-binding <i>shagkyf</i> class family protein		1.75		1.71						
4433	SCRFAM2073D03.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g007990		1.96				2.51				
4434	SCRFAM2074C07.g *	<i>Polcalcin jun o 2</i>	2.33				3.84				-1.32	
4435	SCRFAM2130A01.g *	Duf292 domain-containing protein				-2.06	1.93					
4436	SCRFAM2130B03.g	Probable lysine-specific demethylase <i>jmj14</i> -like								1.98	2.49	
4437	SCRFFL1030G01.g	Retrotransposon unclassified									1.65	
4438	SCRFFL4007A01.g	Disease resistance response protein 206-like									-3.29	
4439	SCRFFL4008A12.g	-NA-				-2.07						
4440	SCRFFL4009A09.b	<i>Udp-n</i> -acetylglucosamine pyrophosphorylase				-2.09						
4441	SCRFFL5038B10.g *	-NA-						4.11				
4442	SCRFFL5042D06.g *	Ozone-responsive stress related protein	2.72								-2.08	
4443	SCRFFL8037E09.g *	<i>Pdr</i> -like abc transporter	2.89	-2.24		-2.27	2.77	-1.68			-1.76	
4444	SCRFHR1005A09.g	Cyclase-like protein										-1.68
4445	SCRFHR1005C09.g *	<i>Udp-glucosyl transferase 85a2</i>									-2.89	-2.9
4446	SCRFHR1006G03.g	<i>Chemocyanin</i> precursor	2.68	2.44	3.98	2.23		1.56			-2.14	-2.13
4447	SCRFHR1007A10.g	<i>Choline ethanolamine kinase</i>				-1.49		-1.59			-2.17	-2.75
4448	SCRFHR1007E04.g	<i>Subtilisin</i> -like protease-like		1.37		1.04		1.73			-1.56	-1.52
4449	SCRFHR1007F04.g	Probable calcium-binding protein <i>cml32</i> -like		-2.25		-2.45					-1.83	-2.11
4450	SCRFHR1007H12.g	Secondary cell wall-related glycosyltransferase family 47									-3.06	-3.86
4451	SCRFHR1008D11.g	Glucan endo- <i>-beta</i> -glucosidase <i>gvi</i> precursor		1.4								
4452	SCRFHR1008H07.g	Serine carboxypeptidase precursor family protein				-1.96		-1.5				-1.17
4453	SCRFHR1009G06.g *	Dehydration-responsive contains burp pf03181				-2.51		-2.3			-2.34	
4454	SCRFHR1009H12.g	<i>Nudix hydrolase 4</i>			-1.51							-1.12
4455	SCRFLB1053B01.g *	Ankyrin repeat domain-containing protein 2	1.17	2.35	1.08		1.31	1.92				
4456	SCRFLB1053F11.g *	<i>Blue copper</i>		1.02				1.06				
4457	SCRFLB1053H12.g	Probable methyltransferase <i>pmt28</i> -like										-1.53
4458	SCRFLB1054G03.g *	Peptide transporter <i>ptr3-a</i> -like		-1.68		-1.74				1.52		
4459	SCRFLB1054G09.g	<i>Homogentisate</i> -dioxygenase				2.04		1.39				
4460	SCRFLB1055B10.g	Nodule-specific protein		2.31		1.72		1.8				
4461	SCRFLB1055F01.g *	<i>Capip1</i>								1.24		
4462	SCRFLB1056D04.g	<i>Thioredoxin h-type 5</i>										-1.07
4463	SCRFLB1056D09.g	Transposon unclassified				-1.05						
4464	SCRFLB1056G06.g	<i>Pirin</i> -like protein				-1.12				-1.92		-1.9
4465	SCRFLB2056F08.g	-NA-				4.11		3				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4466	SCRFLB2059A09.g	<i>Ap2-erebp-type transcription partial</i>							2.1		2.3	
4467	SCRFLB2059G03.g	<i>Kinase-interacting protein 1</i>						2.06				
4468	SCRFLB2060E04.g	<i>Probable nucleoredoxin 2-like</i>	4.93	6.01	4.3	4.56	4.16	3.98			-2.87	
4469	SCRFLR1012A08.g	<i>Aquaporin</i>	2.28	1.66	2.43		2.28					
4470	SCRFLR1012A11.g	<i>Inducer of cbf expression 1</i>			1.64							
4471	SCRFLR1012B02.g *	<i>Heat shock protein 101</i>	3.61	2.1	3.58	3.02		2.06		-2.03		
4472	SCRFLR1012B07.g *	<i>Succinate dehydrogenase</i>								-1		
4473	SCRFLR1012B12.g *	<i>Xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein 23</i>		2.32				2.31				
4474	SCRFLR1012C07.g	<i>60s ribosomal protein l13a</i>								-1.03		
4475	SCRFLR1012D08.g *	<i>Aldehyde dimeric nadp-preferring</i>							-1.3	-1.53		
4476	SCRFLR1012D12.g *	<i>Nitrilase 2</i>	1.46				1.67					
4477	SCRFLR1012E06.g	<i>Fructokinase 1</i>	2		2.02		2.15		1.16	1.66		
4478	SCRFLR1012E08.g	<i>Leaf senescence</i>		1.1								
4479	SCRFLR1012E12.g *	<i>Reticulon-like protein b1-like</i>					-1.15		-1.03	-1.14		
4480	SCRFLR1012F12.g	<i>O-methyltransferase</i>				-1.14			-1.11	-1.09		
4481	SCRFLR1012G08.g	<i>Pentatricopeptide repeat-containing protein at1g31920-like</i>		-1.78								
4482	SCRFLR1012G11.g *	<i>Prostaglandin e synthase 3</i>	1.6		1.66					-1.22		
4483	SCRFLR1012H03.g *	<i>Ferritin</i>	1.07	1.71	1.3		1.47					
4484	SCRFLR1012H05.g	<i>Actin</i>		-1.18	-1.32		-1.23		-1.32	-1.45		
4485	SCRFLR1012H06.g	<i>-NA-</i>			3.17							
4486	SCRFLR1034A09.g	<i>Snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>							1.54	1.19		
4487	SCRFLR1034A10.g	<i>Probable potassium transporter 11-like</i>	1.3		1.2							
4488	SCRFLR1034A11.g *	<i>Retinol dehydrogenase 12</i>					1.15	2.92				
4489	SCRFLR1034B04.g	<i>Phospholipase a lcat3</i>			1.99							
4490	SCRFLR1034B05.g	<i>Endoglucanase 7-like</i>					-2.14					
4491	SCRFLR1034D04.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like</i>					-1.62		-1.46	-1.75		
4492	SCRFLR1034D07.g *	<i>Protein</i>	1.45	1.49								
4493	SCRFLR1034F01.g	<i>Eukaryotic translation initiation factor 3g family protein</i>		1.05								
4494	SCRFLR1034F03.g *	<i>Alanine-glyoxylate aminotransferase 2 homolog mitochondrial-like</i>		-1.84					1.18			
4495	SCRFLR1034H10.g	<i>Thaumatin-like protein 1 precursor</i>					1.88					
4496	SCRFLR1055A07.g	<i>Triacylglycerol lipase like protein</i>			-1.24	-1.5		-1.14		-1.04	-1.32	
4497	SCRFLR1055B07.g	<i>Glucan endo- -beta-glucosidase 4 precursor</i>				-3.2						
4498	SCRFLR1055C03.g	<i>Calvin cycle protein cp12- chloroplastic-like</i>	2.24		2.02							
4499	SCRFLR1055F04.g *	<i>Cycloartenol synthase</i>						1.06				
4500	SCRFLR1055F07.g *	<i>Pith domain-containing protein 1-like</i>			1.53	1.08						
4501	SCRFLR2021E07.g *	<i>Sulfate transporter</i>	-1.13									

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4502	SCRFLR2034A03.g	<i>Actin-depolymerizing factor 5</i>							1.66		1.53	
4503	SCRFLR2034A09.g	<i>Serine threonine-protein kinase sapk2</i>		2.33		2.62		2.14				
4504	SCRFLR2034B02.g	<i>Uncharacterized protein loc101783327</i>				-1.13						
4505	SCRFLR2034E11.g	<i>Bromodomain containing protein</i>	1.18		1.4						-1.09	
4506	SCRFLR2034F06.g	<i>Monoglyceride lipase-like</i>							1.97		2.17	
4507	SCRFLR2034G09.g	<i>Triosephosphate cytosolic</i>							1.78		1.69	
4508	SCRFLR2034H10.g	<i>-NA-</i>		3.71	3.26	3.8	3.5	3.94	1.96			
4509	SCRFLR2037D05.g *	<i>Maize proteinase inhibitor</i>									-1.4	
4510	SCRFLR2037E07.g *	<i>Cytosolic sulfotransferase 15-like</i>	3.47	-2.78	4.59			-2.04		-1.64	-2.41	
4511	SCRFLR2037F04.g	<i>Rna recognition motif family expressed</i>	2.7		2.33		2.5			1.94	1.95	
4512	SCRFLR2037F05.g	<i>Tpa: wrky dna-binding domain superfamily protein</i>			-1.84						-1.04	
4513	SCRFLR2037F09.g	<i>Calreticulin precursor</i>		-1.69	-1.12	-1.51	-1.36			-1.62	-1.67	
4514	SCRFLR2037F11.g *	<i>Swib domain-containing protein</i>		1.18								
4515	SCRFLR2038A05.g	<i>Protein executer chloroplastic-like isoform x1</i>							1.07			
4516	SCRFLR2038A10.g	<i>-NA-</i>			-2.06							
4517	SCRFLR2038C09.g *	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>		3.75		3.44	1.67	2.87		-2.36		
4518	SCRFLR2038D09.g *	<i>Type i inositol- trisphosphate 5-phosphatase cvp2</i>				-2.75			6.01		5.68	
4519	SCRFLR2038G09.g	<i>Thiosulfate sulfurtransferase 18-like</i>										
4520	SCRFLR2038H01.g *	<i>Sec14 cytosolic factor-like</i>		-2.02								
4521	SCRFLV1038A02.g	<i>-NA-</i>				-1.38					-1.14	
4522	SCRFRT3057B03.g	<i>Pataatin group a-3</i>									-4.79	
4523	SCRFRT3057F05.g	<i>Low temprature induced-like protein</i>	3.55	1.68	2.59						-1.45	
4524	SCRFRT3058A12.g *	<i>Polygalacturonase inhibitor 1 precursor</i>						1.45				
4525	SCRFRT3059H09.g	<i>Chitin-inducible gibberellin-responsive protein 2-like</i>									1.41	
4526	SCRFRZ3054G02.g	<i>Laccase precursor</i>				-2.4		-1.39		-1.9	-2.6	
4527	SCRFRZ3055A09.g	<i>Dead-box atp-dependent rna helicase 52c-like</i>			1.14							
4528	SCRFRZ3055B03.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>	2.59		1.97		2.71					
4529	SCRFRZ3055B10.g	<i>Ring-h2 zinc finger protein</i>			-1.5							
4530	SCRFRZ3055C09.g	<i>Probable inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at1g66830-like</i>									-2.41	
4531	SCRFRZ3056D04.g *	<i>Mitogen-activated protein kinase kinase kinase a-like</i>				-1.32		-1.09		1.21	1.29	
4532	SCRFRZ3056G02.g	<i>B12d protein</i>									1.08	
4533	SCRFRZ3056G09.g	<i>Nitrate reductase</i>										
4534	SCRFRZ3057D12.g	<i>Probable esterase pir7a-like</i>		2.93		2.2				-2.24	-2.44	
4535	SCRFRZ3057F11.g	<i>Unknown</i>										
4536	SCRFRZ3058E03.b *	<i>Aba 8 -hydroxylase</i>		2.22								
4537	SCRFRZ3058E06.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at2g16250-like</i>							1.47		1.82	
4538	SCRFRZ3058E08.g	<i>Type ii nad h dehydrogenase</i>							-2.69		-2.38	
4539	SCRFRZ3058F04.g	<i>Chaperone protein dnaj</i>		-4.06		-3.04		-2.96				
4540	SCRFRZ3058H06.g	<i>Probable e3 ubiquitin-protein ligase ari5-like</i>									-1.22	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4541	SCRFSB1020B03.g *	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101771377 isoform X1									-1.61	
4542	SCRFSB1021F11.g	Protein lva22-like		2.91		2.91		2.73				
4543	SCRFSB1022G04.g	Auxin-repressed kda protein		1.32								
4544	SCRFSB1023C01.g *	Transcription factor myb1r1-like	2.63			1.48						
4545	SCRFSB1023E02.b *	-NA-									2.21	
4546	SCRFSB1024D09.g *	Nicotiana tabacum orf	1.33	1.25								
4547	SCRFSB1024E09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g000520									2.3	2.39
4548	SCRFSD1019E08.g	Transporter arsb-like		-2.09		-2.54		-3.15		-1.14		-1.6
4549	SCRFSD1020C01.g	Probable polyol transporter 6-like				4.75		5.82				
4550	SCRFSD1022C11.g	-NA-				2.81						-3.34
4551	SCRFSD1022E06.g *	F-box protein							1.23			
4552	SCRFSD2019C04.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g020290	6.88	5.83	5.77	5.12	4.35	4.49				
4553	SCRFSD2019G12.g *	-NA-						-2.98				
4554	SCRFSD2021B04.g	Ferric reduction oxidase chloroplastic-like			-1.16							
4555	SCRFSD2021B06.g	Cinnamoyl-reductase 1-like								2.15		2.38
4556	SCRFSD2022A05.g	At5g66780 mud21-2	6.1	6.94	7.5	5.7		4.74				
4557	SCRFSD2022A08.g *	-NA-	2.06									
4558	SCRFSD2022D09.g	-NA-		2.62		2.25		2.09				
4559	SCRFSD2022D12.g *	Xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein 23						2.31				
4560	SCRFSD2023C07.g *	Heat shock factor protein 7		1.29			1.97					
4561	SCRFST1041H05.g	Protein o-linked-mannose beta-n-acetylglucosaminyltransferase 2-like				-1.9				-1.26		-1.38
4562	SCRFST1042A04.g *	Thiamine biosynthetic enzyme	-2.09	3.66	-1.71		-1.84		-1.13			
4563	SCRFST1042A09.g	Metallothionein-like protein type 2		3.76		2.42		2.45				
4564	SCRFST1042E02.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g007830						-1.55				
4565	SCRFST1044H04.g *	Tpa: protein kinase superfamily protein						-1.31			-1.75	-2.09
4566	SCRFST1045D01.g	Organic cation transporter									2.31	2.27
4567	SCRFST1046E04.g	Wound-induced protein									3.79	3.85
4568	SCRFST1046F07.g	-NA-										1.47
4569	SCRFST3142E06.g	Tpa: strubbeltig family receptor protein kinase								-1.56		-2.29
4570	SCRFST3142G07.g	Atp-dependent zinc metalloprotease ftsf chloroplastic-like	4.46		4.32		3.3					
4571	SCRFST3142H09.g	2-aminoethanethiol dioxygenase-like		-2.72		-1.85		-1.35		-2.36		-2.4
4572	SCRFST3145E11.g	-NA-	3.12		3.52		3.6			2.54		2.27
4573	SCRFST3145H11.g *	Probable carboxylesterase 2-like		2.21		2.56	2.34	1.76		-2.43		-2.53
4574	SCRFST3146A01.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein 16-like				-3						
4575	SCRFST3146C01.g	-NA-	1.89	1.12	1.87		1.77					
4576	SCRFST3146C06.g	Constans-like protein co8	1.25	2.86	1.15	2.55					-1.06	
4577	SCRLAD1040B02.g	Beta-glucosidase precursor										-2.55

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4578	SCRLAD1041D10.g *	<i>Polygalacturonase precursor</i>								3.18		
4579	SCRLAD1042E05.g	<i>Peroxidase 2-like</i>							-1.01	-1.18		
4580	SCRLAD1043B03.g	<i>Tpa: pyruvate decarboxylase3</i>							3.3	3.19		
4581	SCRLAD1043B04.g	-NA-							-1.22	-1.58		
4582	SCRLAD1043B06.g *	<i>Dehydration responsive element binding protein</i>	1.17									
4583	SCRLAD1043E01.g	<i>Beta-glucosidase g4</i>							-1.8	-2.38		
4584	SCRLAD1097D12.g	<i>Phd-finger family expressed</i>			-1.93		1.73				1.91	
4585	SCRLAD1098A09.g *	-NA-								1.22		
4586	SCRLAD1098D06.g	<i>Dna-binding protein</i>			-1.46		-2.66		-2.43		1.57	
4587	SCRLAD1098E02.g	-NA-		-2.92		-4.99					-1.6	
4588	SCRLAD1099B04.g	<i>Peroxidase 2-like</i>										
4589	SCRLAD1100A02.g	<i>Lysine ketoglutarate reductase trans-splicing related 1-like</i>							1.3	1.42		
4590	SCRLAD1100C03.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase rnf13-like isoform x2</i>			1.65							
4591	SCRLAD1100E08.g	-NA-			1.51							
4592	SCRLAD1100F02.g *	<i>Dna-binding protein escarola-like</i>							-1.1			
4593	SCRLAD1101D10.g *	<i>Aquaporin pip2-1</i>	2.42	2.42			2.5					
4594	SCRLAD1102F02.g	<i>Cytochrome p450 89a2-like</i>			1.27							
4595	SCRLAD1103C03.g	-NA-							1.19	1.22		
4596	SCRLAD1136A08.g	<i>Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>			-1.6						1.19	
4597	SCRLAD1137B05.g	<i>Arabinogalactan peptide 16-like</i>			-3.97							
4598	SCRLAD1139D11.g *	-NA-							-2.33			
4599	SCRLAD1140G09.g *	<i>Atp synthase subunit beta</i>		2.84					1.84			
4600	SCRLAM1007D03.g	<i>Cyclic nucleotide gated channel 2</i>	2.3	3.18	2.19	3.59	2.42	3.02				
4601	SCRLAM1007H07.g *	<i>Ferredoxin- chloroplastic-like</i>		1.05					1.3	1.28		
4602	SCRLAM1008D09.g	<i>Hypothetical protein [Zea mays]</i>				1.41		-1.25		1.61	1.45	
4603	SCRLAM1008F10.g *	<i>Oligopeptide transporter 7-like</i>		-2.34					1.4			
4604	SCRLAM1009A11.g	<i>39 kda ef-hand containing expressed</i>		1.48		1.36		1.14				
4605	SCRLAM1010E06.g	<i>Pra1 family protein d-like</i>							-1.64	-1.88		
4606	SCRLAM1010G07.g	<i>Chitinase</i>								-3.37		
4607	SCRLAM1012G11.g *	<i>Phospholipase a1-ii 7-like</i>	1.58									
4608	SCRLAM1013H01.g	<i>N-carbamoylputrescine amidase-like</i>			-1.29					1.44		
4609	SCRLAM1014B02.g	<i>Uncharacterized protein loc100277582</i>			-1.12		-1.36		-1.17	-1.18		
4610	SCRLAM1014G08.g	<i>Ethylene-responsive transcription factor 1a-like</i>								2.14		
4611	SCRLAM2049E07.g	<i>Embryogenesis transmembrane</i>								-2.2		
4612	SCRLAM2051D10.g	-NA-								1.05		
4613	SCRLAM2052D10.g *	<i>Dof zinc finger protein mnrb1a</i>		1.21			1.49					
4614	SCRLAM2052G05.g	-NA-							5.28	5.1		
4615	SCRLCL6030A06.g	<i>Maternal effect embryo arrest 14- partial</i>	-1.28	1.99		1.63	-1.09		2.51	2.95		
4616	SCRLCL6030F09.g	-NA-		1.35		1.38			1.98	2.85		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4617	SCRLCL6030H11.g	<i>Pyrrolidone-carboxylate peptidase</i>							2.8		3.62	
4618	SCRLCL6031A08.g	<i>Probable isoaspartyl peptidase l-asparaginase 2-like</i>	-1.65	-1.03	-2.67		-1.14	-2.55	-1.89		-2.1	
4619	SCRLCL6031A11.g	<i>Iron-phytosiderophore transporter protein yellow stripe 1</i>	2.08		2.02		1.96					
4620	SCRLCL6031B07.g	<i>Acetyl-coenzyme a cytoplasmic</i>			-1.01							
4621	SCRLCL6031D05.g	<i>R40cl protein - rice</i>	2.61	2.38	2.08	2.05	1.85	1.63	1.01	-1.34	-1.49	
4622	SCRLCL6031E04.g *	<i>Grx-a2 - glutaredoxin subgroup iii</i>			-2.26		-2.3			1.31		
4623	SCRLCL6031E11.g *	<i>Indole-3-acetic acid-amido synthetase</i>							6.99		6.17	
4624	SCRLCL6031H05.g *	<i>Cytosolic orthophosphate dikinase</i>					2.24					
4625	SCRLCL6032D07.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-540320</i>	1.37		1.93				5.6		4.66	
4626	SCRLCL6033B02.g	<i>Alcohol partial</i>			-2.99							
4627	SCRLFL1004E03.g	<i>Type i inositol- trisphosphate 5-phosphatase 1-like</i>			2.63							
4628	SCRLFL1004H04.g	<i>Fiber protein fb19</i>			1.04	1.03						
4629	SCRLFL1005G12.g *	<i>Hydroxymethylglutaryl synthase</i>							-2.2			
4630	SCRLFL1006E09.g *	<i>-NA-</i>		-1.19								
4631	SCRLFL1010G05.g	<i>Soluble starch synthase i</i>	1.37	2.25	1.48	2.58	1.44	2.33				
4632	SCRLFL1013B01.g	<i>Phosphoglycerate cytosolic-like</i>							2.28		2.08	
4633	SCRLFL3004F11.b *	<i>Adenosine kinase 2-like</i>		-1.42					-1.39		-1.7	
4634	SCRLFL3004H10.b	<i>-NA-</i>		-1.22		-2.25		-1.41				
4635	SCRLFL3007C04.g	<i>Probable receptor protein kinase tmk1-like</i>			1.89		1.7					
4636	SCRLFL3009A01.b *	<i>Nadph-dependent reductase a1-b</i>							1.67			
4637	SCRLFL3009C09.g	<i>Atp-dependent zinc metalloprotease ftsh chloroplastic-like</i>		-1.02								
4638	SCRLFL4004D05.g *	<i>Udp-glucuronic acid decarboxylase</i>		-1.29					-1.25		-1.9	
4639	SCRLFL4026C11.g	<i>Cyclic dof factor 3-like</i>							1.58		1.51	
4640	SCRLFL4026G09.g	<i>Early nodulin 75 protein</i>		2.31		1.98		1.43				
4641	SCRLFL4027C02.g	<i>Long chain acyl- synthetase 1-like</i>							4.42		4.51	
4642	SCRLFL4027D01.g *	<i>Stress responsive protein</i>		1.09			1.13		-1.01		-1.06	
4643	SCRLFL4028B09.g	<i>Auxin-induced protein 5ng4-like</i>			-1.15						1.27	
4644	SCRLFL4028D02.g	<i>Na+ h+ antiporter</i>			2.27		2.45					
4645	SCRLFL4060B07.g	<i>Rna recognition motif-containing family protein</i>			-4.83							
4646	SCRLFL4102C07.g *	<i>Trehalose-6-phosphate synthase</i>		-2.04						-2.19		
4647	SCRLFL4102G02.g	<i>Uncharacterized protein LOC100382231</i>								-2.34		
4648	SCRLFL4111B06.g	<i>Tpa: glycosyl hydrolase family 10 protein</i>								-3.67		
4649	SCRLFL8024A07.g *	<i>Thiamine biosynthetic enzyme</i>			-4.04		-1.19		-1.18			
4650	SCRLFL8028D02.g *	<i>Thioredoxin-like 1</i>			1.7							
4651	SCRLFL8053C06.g	<i>Gdsl esterase lipase at4g28780-like</i>			-1.46							
4652	SCRLLB2031B04.b *	<i>Gda2 protein</i>	1.56								-1.4	
4653	SCRLLR1016E03.g	<i>Unknown [Zea mays]</i>			-1.29		2.06					
4654	SCRLLR1038A06.g *	<i>3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase 3-like</i>	2.84									

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4655	SCRLLR1038A07.g	<i>Phosphatase -like</i>		2.8		3.12		2.74				
4656	SCRLLR1038A10.g	<i>Transaldolase 2</i>					-1.27					
4657	SCRLLR1038B09.g	<i>Heat shock 70 kda protein 8-like</i>	3.74	3.05	3.54	2.89	2.94	1.72				
4658	SCRLLR1038C03.g	<i>Acyltransferase-like protein chloroplastic-like</i>			1.3							
4659	SCRLLR1038C04.g	<i>Dcn1-like protein 2</i>							2.76		2.96	
4660	SCRLLR1038C05.g	-NA-							-2.52		-2.25	
4661	SCRLLR1038C09.g *	<i>Mitochondrial import inner membrane translocase subunit tim14</i>	1.02	1.82		1.4	1.27	1.09	1.1			
4662	SCRLLR1038C12.g	<i>Allene oxide cyclase</i>									-1.04	
4663	SCRLLR1038D05.g	<i>Jasmonate induced protein</i>		-1.56		-1.65		-1.57				
4664	SCRLLR1038F07.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g026710</i>					1.62		1.82		1.74	
4665	SCRLLR1059A03.g *	<i>Gdp-mannose transporter gosnt3-like</i>		-1.12								
4666	SCRLLR1059C06.g *	<i>Abc transporter ffamily member 1-like</i>						1.06	1.28		1.04	
4667	SCRLLR1059C12.g	<i>U-box domain-containing protein 9-like</i>							1.08		1.36	
4668	SCRLLR1059D02.g	-NA-									1.11	
4669	SCRLLR1059D05.g *	<i>Rubber elongation factor family protein</i>							1.95			
4670	SCRLLR1059D11.g	<i>Basic region leucine zipper protein</i>				-1.08		-1.2				
4671	SCRLLR1059E10.g	<i>Gcip-interacting family</i>							1.1		1.04	
4672	SCRLLR1059F03.g *	<i>Ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like</i>				-1.32	-1.73					
4673	SCRLLR1059G09.g	<i>F-box wd repeat-containing protein sel-10-like</i>									2.03	
4674	SCRLLR1059G11.g	<i>Nicotinate phosphoribosyltransferase-like</i>									1.98	
4675	SCRLLR1059H05.g	<i>Dna-binding protein phosphatase 2c</i>	-2.16			-2.14						
4676	SCRLLR1109E12.g	<i>Nuclear transcription factor y subunit a-2</i>									-1.52	
4677	SCRLLR1109F02.g *	-NA-			2.7							
4678	SCRLLR1109H08.g *	-NA-						1.61				
4679	SCRLLR1109H12.g	<i>Thylakoid processing peptide</i>							-1.09		-1.28	
4680	SCRLLR1110B09.g	<i>Gibberellin receptor gid1l2</i>									-1.34	
4681	SCRLLR1110H11.g	<i>2-aminoethanethiol dioxygenase-like</i>							1.92		2.17	
4682	SCRLLV1024B03.b	<i>Btb poz domain-containing protein at1g67900-like</i>					2					
4683	SCRLLV1024C09.b	<i>Xylanase inhibitor protein 1-like</i>		2.32	5.34	2.68			1.93			
4684	SCRLLV1049C01.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at3g47570-like</i>	-1.49		-1.39							
4685	SCRLLV1051E09.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>							2.47		2.6	
4686	SCRLLV1051H04.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein cp24</i>			-1.42							
4687	SCRLLV1052B09.g	<i>Uncharacterized membrane protein ylr241w-like</i>			1.14	1.52			1.36			
4688	SCRLRT3031B06.g	<i>Mcb1 protein</i>				-1.03						
4689	SCRLRT3033B08.g *	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>		-1.12					-1.27		-1.08	
4690	SCRLRZ3039E01.g	<i>Pre-mrna-splicing factor sf2</i>	2.05	1.77	2.52	2.21	2.29				-1.69	
4691	SCRLRZ3040A03.g	-NA-			-2.17							
4692	SCRLRZ3040A11.g	<i>Glucan endo- beta-glucosidase 4</i>									-2.49	
4693	SCRLRZ3042B09.g *	<i>Aspartyl protease family protein</i>						1.5				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4694	SCRLRZ3042H12.g	<i>O-glycosyl hydrolase superfamily protein</i>		1.41								
4695	SCRLRZ3043C07.g	-NA-					-1.56				-2.39	-2.47
4696	SCRLRZ3043D02.g *	<i>Hexose carrier protein hex6</i>	-1.32					-1.19			-3.02	-3.08
4697	SCRLRZ3112D05.g *	<i>Arginine decarboxylase</i>	2.91					2.99				
4698	SCRLRZ3112F10.g	<i>Tie-dyed 1</i>			1.73		1.68					
4699	SCRLRZ3112F11.g *	<i>Uncharacterized protein loc101786652</i>		1.99								-2.69
4700	SCRLRZ3113A05.g *	-NA-		3.13								
4701	SCRLRZ3113D03.g	<i>Ultraviolet-b receptor uvr8-like</i>					2.44		2.82			
4702	SCRLRZ3113H10.g	<i>Choline ethanolamine kinase</i>								-1.94	-2.25	
4703	SCRLRZ3114A01.g *	<i>Nodulin-like protein</i>								-1.78		
4704	SCRLRZ3114B02.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at3g47570-like</i>									2.06	
4705	SCRLRZ3114C04.g	<i>Uncharacterized protein loc100276545</i>					-2.15		-3.27		-1.74	-2.11
4706	SCRLRZ3115E08.g	<i>2-aminoethanethiol dioxygenase</i>									-2.6	-2.64
4707	SCRLRZ3116C01.g	-NA-					-1.23					
4708	SCRLRZ3116C08.g	<i>Nitrate reductase</i>								-1.98	2.1	
4709	SCRLSB1040B12.g *	<i>Tpa: snrk sapk family protein kinase</i>					1.55	1.35				
4710	SCRLSB1041B09.g *	<i>Nadp-dependent oxidoreductase p1</i>	-2.46									-1.8
4711	SCRLSB1041C12.g	<i>Protein iq-domain 1-like isoform x1</i>									1.86	1.75
4712	SCRLSB1043B12.g *	<i>Oligopeptide transporter 7</i>	-2.45									
4713	SCRLSB1044E01.g	<i>Fidgetin-like protein 1-like</i>	2.96				4.08		4.16			
4714	SCRLSB1044H11.g	<i>Microtubule-associated protein 70-5-like</i>									-2.94	-3.49
4715	SCRLSD1009B10.g	<i>Chlorophyll a b-binding apoprotein cp26 precursor</i>			-1.4			-1.01				
4716	SCRLSD1009B11.b *	<i>Basic endochitinase c precursor</i>									-2.51	-2.89
4717	SCRLSD1010A07.g *	<i>Probable carboxylesterase 2-like</i>	-1.76								-2.2	-2.04
4718	SCRLSD1011H09.b	<i>Bidirectional sugar transporter sweet16-like</i>	2.56				2.92					
4719	SCRLSD1012F04.g *	<i>Dehydration-responsive element-binding protein 1a-like</i>							-4.05			
4720	SCRLSD1013A03.g	-NA-							1.06			
4721	SCRLSD2009D06.g	<i>Protein wir1a-like</i>					-2.21					
4722	SCRLSD2009F04.g	<i>Hypothetical protein</i>					-1.17					
4723	SCRLSD2011E04.g *	<i>Malate dehydrogenase</i>	3.35									
4724	SCRLSD2013H07.g *	-NA-							-1.34			
4725	SCRLST3162E09.g	-NA-			1.81		1.21					
4726	SCRLST3163C02.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>				1.76	1.5	2.2	2.04			
4727	SCRLST3163H08.g	<i>Cytosolic sulfotransferase 18-like</i>					2.61					
4728	SCRLST3165C09.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing expressed</i>								3.41	3.64	
4729	SCRLST3165G08.g	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>		-1.37			-1.41			-1.84	-2.34	
4730	SCRLST3166D09.g	<i>Germin-like protein 5-1-like</i>					-2.93			-2.14	-3.32	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4731	SCRUAD1060A09.g	<i>Hlh dna-binding domain superfamily protein</i>							2.54		2.9	
4732	SCRUAD1060F12.g *	<i>Potassium transporter 10</i>						1.18				
4733	SCRUAD1060G12.b	<i>Serine threonine-protein kinase at5g01020-like</i>					-1.57					
4734	SCRUAD1061B04.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-336603</i>			-3.71		-5.16		-3.38			
4735	SCRUAD1062D05.g	<i>Metal ion binding protein</i>					-1.61					
4736	SCRUAD1062D08.g	<i>Syntaxin-121-like</i>									-1.64	
4737	SCRUAD1063A04.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g007470</i>					-2.17					
4738	SCRUAD1063C06.g *	<i>Polygalacturonase inhibitor-like</i>			-1.94							
4739	SCRUAD1064A02.g	<i>Sucrose-phosphate synthase 1</i>								1.08		
4740	SCRUAD1064B06.g	<i>Cellulose synthase</i>							1.92		1.65	
4741	SCRUAD1064C10.b	<i>Flavonoid 3'-hydroxylase</i>									-1.24	
4742	SCRUAD1064F09.g	<i>Wrky dna-binding domain superfamily protein</i>					-1.82					
4743	SCRUAD1131A09.b	<i>Amine oxidase flavin domain-containing protein</i>			-1.33							
4744	SCRUAD1131C06.b	<i>Udp-glycosyltransferase 85a2-like</i>								-3.18	-3.63	
4745	SCRUAD1131C06.g	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 2</i>								-2.84	-3.3	
4746	SCRUAD1131D12.g *	-NA-					-1.35			-1.79		
4747	SCRUAD1132B06.b	<i>Cipk-like protein 1</i>	3.77		3.32		3.44			1.34	1.82	
4748	SCRUAD1132D10.g	<i>Mixed-linked glucan synthase 2</i>							2.1		2.2	
4749	SCRUAD1132E09.g	<i>Sugar transporter erd6-like 16-like</i>					1.97					
4750	SCRUAD1133B06.b *	<i>Ubiquinone biosynthesis protein coq-</i>			-1.89							
4751	SCRUAD1133E06.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 11-like</i>					-1.66		-1.5	-1.14	-1.53	
4752	SCRUAD1134A10.g *	<i>Disease resistance protein rga3-like isoform x1</i>			-2.43							
4753	SCRUAD1134B03.b	<i>Endoglucanase 7-like</i>					-1.94			-1.29	-1.8	
4754	SCRUAD1135A09.g	-NA-			4.39		1.24			4.29	5.19	
4755	SCRUAD1135H11.g	-NA-			2.24		1.62					
4756	SCRUFL1015A02.g *	<i>Probable inactive receptor kinase at1g48480-like</i>							-1.92			
4757	SCRUFL1016B03.g *	<i>Beta- partial</i>							-2.93	-1.84	-2.61	
4758	SCRUFL1016B06.g	-NA-					1.3					
4759	SCRUFL1016E04.g *	-NA-			-3.34							
4760	SCRUFL1019D12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g029190</i>					1.01					
4761	SCRUFL1020E08.g	<i>Probable dna gyrase subunit chloroplastic mitochondrial-like</i>					-1.52					
4762	SCRUFL1021F10.b	<i>Polyubiquitin-like protein</i>	1.69		1.69							
4763	SCRUFL1111E04.b	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-974630</i>									2.05	
4764	SCRUFL1111F06.b *	<i>3-deoxy-d-arabino heptulosonate-7-phosphate synthase</i>							-1.04	-1.18	-1.63	
4765	SCRUFL1112A10.b	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g010320</i>									-1.69	
4766	SCRUFL1112B01.b	<i>4-hydroxyphenylacetaldehyde oxime monoxygenase-like</i>								1.11		
4767	SCRUFL1112B01.g	<i>4-hydroxyphenylacetaldehyde oxime monoxygenase-like</i>								1.4	1.3	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4768	SCRUFL1112E01.b	Peroxidase 16-like								2.37	2.2	
4769	SCRUFL1112F04.b	Glycine-rich rna-binding protein 2		1.84		1.27		1.15				
4770	SCRUFL1113F08.b	Soluble starch synthase iii-1				2.12						
4771	SCRUFL1114B10.b	Nadph-dependent reductase			1.36							
4772	SCRUFL1114C02.b *	Beta- partial							-1.04	-1.4		
4773	SCRUFL1117D02.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g030680				-2.17						
4774	SCRUFL1117D03.b	Tpa: duf231 domain containing family protein								-3.41		
4775	SCRUFL1118C12.b	Heat shock protein 90					1.82					
4776	SCRUFL1118D02.b *	Enth domain-containing	3.89	2.39				1.16				
4777	SCRUFL1119B06.b	Peroxidase 24 precursor				-1.91						
4778	SCRUFL3060E12.g *	Kda class i heat shock	2.97	1.39			3.48					
4779	SCRUFL3061B03.g *	Kda heat-shock protein	3.69	2.48	3.53				-3.45	-3.38		
4780	SCRUFL3062C08.g	-NA-								1.82		
4781	SCRUFL3065A06.g *	Abc1 family protein		1.5			1.66					
4782	SCRUFL3065E09.g *	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkbp62-like	3.41				2.88					
4783	SCRUFL3066G06.b *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-0070s002020		3.78								
4784	SCRUFL3067E11.b	F-box kelch-repeat protein at3g61590-like							2.82	2.52		
4785	SCRUFL3067E11.g	F-box kelch-repeat protein at3g61590-like							2.96	2.49		
4786	SCRUFL3067H08.g *	Cytokinin-o-glucosyltransferase 3							-2.12			
4787	SCRUFL3069A09.g	Transcriptional regulator atrx homolog isoform x1							1.58	1.9		
4788	SCRUFL4020C03.b	Protein fam133-like								2.29		
4789	SCRUFL4021D08.g *	Lachrymatory factor synthase							-2.38	-2.43		
4790	SCRUFL4021H01.g *	Glutamate synthase 1	2.41	-1.86	1.96	-1.46	1.61	-1.28				
4791	SCRUFL4024C06.b	Caffeoyl 3-o-methyltransferase		-1.01		-1.43			-1.3	-1.57		
4792	SCRUFL4024H06.g *	Tpa: siroheme uroporphyrinogen mrna							3.11			
4793	SCRUHR1073E11.g	-NA-		3.55	3.44	2.75	3.26		3.17			
4794	SCRUHR1074C11.g	Flavin-containing monooxygenase 1							-3.23	-3.46		
4795	SCRUHR1075B01.g	E3 ubiquitin-protein ligase here2-like				2.27		2.08				
4796	SCRUHR1075H10.g *	Vegetative cell wall protein gp1-like					3.07					
4797	SCRUHR1076A04.g	Beta- partial					-1.43		-1.38	-1.87	-1.93	
4798	SCRUHR1076D10.g	Rop interacting crib motif protein									-2.94	
4799	SCRUHR1076E02.g	50s ribosomal protein chloroplastic-like								-1.13		
4800	SCRUHR1076H08.g *	-NA-						4.55				
4801	SCRUHR1077C01.g	Germinal-like protein 1-3		-3.63		-2.65			-1.91			
4802	SCRUHR1077F12.g *	Aldehyde dehydrogenase family 2 member c4-like		-1.15					-1.77	-1.86		
4803	SCRUHR1077G03.g	One-helix protein 2	1.1		1.94		1.21					
4804	SCRUHR1077H05.g	Adenine guanine permease azg2-like									-2.07	
4805	SCRULB1057B11.g	Tpa: leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein	-1.23		-1.4		-1.1		-1.58			
4806	SCRULB1058C11.g	Ferritin						1.74				
4807	SCRULB1058G06.g *	60s ribosomal protein l35						-1.03				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4808	SCRULB1058H03.g *	<i>Rna recognition motif-containing protein</i>						-1.21				
4809	SCRULB1058H12.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-419311, partial</i>							1.56		2.17	
4810	SCRULB1059A03.g	<i>Gdt1-like protein 4-like</i>									-1.04	
4811	SCRULB1059B11.g *	<i>Desumoylating isopeptidase 1-like</i>	1.82				3.34		-2.05		-2.39	
4812	SCRULB1059D04.g *	<i>Serine carboxypeptidase precursor</i>		-1.39								
4813	SCRULB1059D10.g	<i>Uncharacterized protein LOC100277316</i>	2.67		2.22		2.92		2.62		2.43	
4814	SCRULB1059D12.g	<i>Glucan endo -beta-glucosidase 7-like</i>	2.65	1.5	3	1.53	3.1	1.37				
4815	SCRULB1059E01.g	<i>Uncharacterized protein loc100191481</i>			-2.07				-1.55		-1.99	
4816	SCRULB1060C09.g	<i>Cathepsin b</i>							-1.41		-1.34	
4817	SCRULB1060F01.g	<i>Transmembrane protein 53-like</i>							-2.26		-1.99	
4818	SCRULB1060G07.g *	<i>Cobv domain-containing protein 1-like</i>					1.81	-1.15				
4819	SCRULB1060G11.g *	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>							1.03		1.26	
4820	SCRULB1062B02.g	<i>Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g06840-like</i>		-1.53		-1.55		-1.7				
4821	SCRULB1062D06.g	<i>Glycine-rich rna binding protein</i>					-1.74					
4822	SCRULB2063A11.g	<i>Plasma membrane associated protein</i>	6.16		7.13		5.89					
4823	SCRULB2064A11.g *	-NA-		2.08								
4824	SCRULB2065C01.b	<i>Act domain containing expressed</i>					1.58					
4825	SCRURL1020A02.g *	<i>Beta-glucosidase 16-like</i>		-2.03					-1.99		-2.4	
4826	SCRURL1020B02.g	<i>Uncharacterized protein loc101781717</i>					-1.86		3.75		3.95	
4827	SCRURL1020D11.g	<i>Fructose-bisphosphate aldolase</i>									3.24	
4828	SCRURL1020E05.g *	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-134454</i>	-1.06									
4829	SCRURL1020G10.g	<i>Protein binding protein</i>					-1.32					
4830	SCRURL1020H08.g	<i>Bel1-like homeodomain protein 1-like isoform x2</i>					1.14					
4831	SCRURL1020H12.g	<i>Nucleic acid binding protein</i>					1.08		1.36		1.11	
4832	SCRURL1042G12.g *	<i>Glutathione s-transferase gstm2</i>		-1.4					-1.07			
4833	SCRURT2005A12.g	<i>Cellular retinaldehyde-binding triple c-terminal</i>			3.23	2.3			1.78		1.87	
4834	SCRURT2006B11.g	-NA-		2.05		1.91					2.16	
4835	SCRURT2006C10.g *	<i>Isoflavone reductase homolog irl-like</i>						-1.45			-2.89	
4836	SCRURT2006H05.g	-NA-									2.14	
4837	SCRURT2006H09.g	<i>Uncharacterized protein loc101762981</i>							5.11		4.94	
4838	SCRURT2007E11.g	<i>Myb protein</i>					-1.69					
4839	SCRURT2007F07.g	<i>Senescence-associated protein din1</i>					2.8					
4840	SCRURT2008B10.g *	<i>Beach domain-containing protein lvsalike</i>		-2.55								
4841	SCRURT2008D11.g	<i>Tpa: exhydrorolase ii</i>					-1.75		-1.6		-1.74	
4842	SCRURT2008E10.g	<i>2-aminoethanethiol dioxygenase-like</i>					-4.04		6.24		5.99	
4843	SCRURT2009A09.g	<i>Caffeoyl- o-methyltransferase 1</i>									-1.8	
4844	SCRURT2009D02.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g023850</i>							5.36		5.14	
4845	SCRURT2009E03.g	<i>Zinc finger protein 1-like</i>					-3.53	-3.02				
4846	SCRURT2009E09.g	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>							1.22		1.46	
4847	SCRURT2009G03.g *	<i>Subtilisin-like protease</i>						1.66				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4848	SCRURT2010A08.g	Mitochondrial dicarboxylate tricarboxylate transporter dtc-like		-1.12		-1.24						
4849	SCRURT2010D04.g	Dihydropyrimidinase-like isoform x1										-1.28
4850	SCRURT2010E06.g *	-NA-									-2.23	
4851	SCRURT2010E09.g	Aldehyde dehydrogenase family 2 member c4									-1.77	-2.28
4852	SCRURT2010F07.g	Phosphoserine chloroplastic-like									1.55	1.84
4853	SCRURT2011D06.g	Ureide permease expressed	3.53	3.14	5.42	4.47	6.17	4.16				
4854	SCRURT2011F01.g	-NA-				1.29						
4855	SCRURT2012B06.g	Lysine-ketoglutarate reductase saccharopine dehydrogenase1			2.01	1.53			1.12		-1.83	-2.23
4856	SCRURT2012C09.g	Zeamatin-like protein				1.2			1.6			
4857	SCRURT2012D03.g	Tpa: bzip transcription factor superfamily protein				1.05						
4858	SCRURT2012E04.g	Rrm-containing protein seb-4								-1.5		-1.99
4859	SCRURT2013D02.g	-NA-										1.27
4860	SCRURT2013F10.g	Tpa: class iii secretory plant peroxidase family protein								3.77		3.53
4861	SCRURT2013G07.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g001090										-2.32
4862	SCRURT2013H06.g *	Arogenate dehydratase prephenate dehydratase chloroplastic-like				-3.27		-2.3		-2.36		
4863	SCRURT2014C05.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g005660 [Sorghum bicolor]		-2.1		-3.14				2.57		2.54
4864	SCRURT2014F07.g	Probable e3 ubiquitin-protein ligase ari8-like										-1.4
4865	SCRURT2014F12.g *	Polyphenol chloroplastic-like		-4.22						-2.54		-2.73
4866	SCRURT3061A12.g	Pleiotropic drug resistance protein 4									-2.1	-2.88
4867	SCRURT3061H07.b *	Probable nitrate excretion transporter 3-like		-1.81								
4868	SCRURT3061H09.g	Zinc finger protein 1-like				-4.94		-5.57				
4869	SCRURT3062A10.b	Mitochondrial substrate carrier family protein	1.73							-2.08		-2.46
4870	SCRURT3062D07.g *	-NA-	-1.8									
4871	SCRURT3062F10.g	Cortical cell-delineating protein precursor		-4.21		-4.86		-3.07				
4872	SCRURT3064D09.b	Basic region leucine zipper protein										-1.06
4873	SCRURT3064E04.b	Ubiquinol oxidase mitochondrial-like										-3.92
4874	SCRURT3064F04.g *	Ascorbate peroxidase								-1.17		
4875	SCRURZ3080A01.g *	-NA-	1.15			1.07	1.54	1.29				
4876	SCRURZ3080E07.g	Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein			-1.61							
4877	SCRURZ3082A06.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g025630						-2.56				
4878	SCRURZ3082C11.g	Cysteine desulfurase	1.42		1.45		1.16					
4879	SCRURZ3082G03.g	Auxin-repressed kda protein	1.07		1.05	-1.26	1.19			-1.62		
4880	SCRUSB1062E12.g	Lipase precursor									-1.92	
4881	SCRUSB1062G12.g	Auxin-repressed protein								-2.06		-1.95
4882	SCRUSB1062H04.b *	Tpa: protein kinase superfamily protein	-1.8									
4883	SCRUSB1062H04.g *	Tpa: protein kinase superfamily protein	-1.73									

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4884	SCRUSB1064E05.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein 6a</i>			-1.37		-1.29					
4885	SCRUSB1064E09.g	<i>Cysteine protease</i>	-1.56				-1.59			-1.25		-1.53
4886	SCRUSB1078F07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g033030</i>		3.14	4.8	3.37		3.48				-3.84
4887	SCRUSB1078G03.g	<i>Isoflavone reductase-irl-like protein</i>										
4888	SCSBAD1050A05.g *	<i>-NA-</i>		2.39								
4889	SCSBAD1050C06.g	<i>1-amino cyclopropane-1-carboxylate oxidase 1-like</i>							3.25		3.14	
4890	SCSBAD1051C09.g	<i>Cbl-interacting protein kinase 31</i>			1.97							
4891	SCSBAD1052D06.g *	<i>Abscisic stress ripening</i>		-1.06					-1.04			
4892	SCSBAD1052E11.g	<i>Glucan endo-β-glucosidase-like protein 3-like</i>									1.52	
4893	SCSBAD1053D04.g *	<i>Iaa-amino acid hydrolase ilr1-like 7-like</i>			-1.41				-2.48			
4894	SCSBAD1053D07.g *	<i>ORF137</i>		2.04	1.81			1.51	1.53			
4895	SCSBAD1053D12.g *	<i>-NA-</i>		-1.43					-1.23			
4896	SCSBAD1054A07.g	<i>Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 8d-like</i>		-2.09			-2.93			-1.85		-2.33
4897	SCSBAD1054C02.g	<i>G-box-binding factor 3-like</i>			4.08							
4898	SCSBAD1054C07.g	<i>Plant-specific domain tigr01615 family protein</i>		1.73		1.77						
4899	SCSBAD1084C01.g *	<i>Alpha-partial</i>							-1.1		-1.25	
4900	SCSBAD1084F11.g	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>			1.81							
4901	SCSBAD1085B04.g	<i>Myb-related protein mybas2</i>							1.22		1.01	
4902	SCSBAD1085G09.g	<i>Transcription factor emb1444-like</i>		-2.12		-1.53						
4903	SCSBAD1086H07.g	<i>-NA-</i>				1.58		1.56				
4904	SCSBAD1126D11.g *	<i>Luminal binding protein</i>		-1.83					-1.23		-1.34	
4905	SCSBAD1127G04.g	<i>Ethylene receptor</i>							2.06		2.36	
4906	SCSBAD1129E12.g	<i>Btb poz domain-containing protein at1g55760-like</i>							-1.24		-1.01	
4907	SCSBAD1130A09.g	<i>Nuf2 family protein</i>							1.39		1.85	
4908	SCSBAD1130E09.g	<i>-NA-</i>		1.92		1.93		1.39		1.7	1.63	
4909	SCSBAD1130E11.g	<i>G1-like2 protein</i>		2.59		2.1		1.99				
4910	SCSBAM1084E01.g	<i>Map kinase</i>		-1.11		-1.53						
4911	SCSBAM1085B06.g	<i>Fatty acid desaturase</i>		-1.64		-2.41		-2.07			-1.33	
4912	SCSBAM1085D10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g027310</i>									-1.78	
4913	SCSBAM1085G10.g	<i>Ca<sup>2+</sup> calmodulin-dependent protein kinase phosphatase</i>							2.05		2.14	
4914	SCSBAM1085H07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g022830</i>				2.14		1.72				
4915	SCSBAM1088B05.g	<i>Tpa: mads-box transcription factor family protein</i>			-1.11							
4916	SCSBFL1035A06.g *	<i>-NA-</i>		1.95					1.32		1.85	
4917	SCSBFL1035G07.g	<i>Duf231 domain containing family protein</i>	1.1		1.2							
4918	SCSBFL1035H09.g	<i>Probable 1-deoxy-d-xylulose-5-phosphate synthase chloroplastic-like</i>		-2.17		-2.71				-3.34		-3.04
4919	SCSBFL1036B10.g	<i>Heparanase-like protein 2-like</i>				1.85						
4920	SCSBFL1036C06.g	<i>Catalytic hydrolase</i>				1.92		3.11				
4921	SCSBFL1038F08.g	<i>Ent-copalyl diphosphate synthase</i>		-2.72		-5.58		-5.22		-4.06		-4.23
4922	SCSBFL1039C05.g	<i>S-type anion channel slah3-like</i>		3.17		2.93		2.69				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4923	SCSBFL1039D05.g *	<i>D-3-phosphoglycerate chloroplastic-like</i>		-1.41						-1.52		-1.96
4924	SCSBFL1039F08.g	<i>Yz1</i>	4.5	2.99	4.48	3.04	4.44	3.14				
4925	SCSBFL1043C12.g *	<i>Glycosyltransferase family protein</i>		-1.45								
4926	SCSBFL1043D06.g *	<i>Ankyrin repeat domain-containing protein 50</i>				-1.56				-1.31		
4927	SCSBFL1043F08.g *	<i>Histone h4</i>							-1.1			
4928	SCSBFL1044C08.g	<i>3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase</i>								-2.96		-3.63
4929	SCSBFL1044G04.g	<i>Uncharacterized loc101205259</i>	2.26		3		2.64					
4930	SCSBFL1045A12.g *	<i>Glycerol kinase</i>								-1.76		
4931	SCSBFL1101G01.b	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g022830</i>				2.76						
4932	SCSBFL1103E07.g *	<i>-NA-</i>		-2.37					-1.83			-1.78
4933	SCSBFL1104F01.g *	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101772317 isoform X1</i>										
4934	SCSBFL1106G08.g	<i>Lsd one like 1 protein</i>			-1.7							
4935	SCSBFL1110B08.g	<i>Peptidase serine-type peptidase</i>								-2.78		-3.3
4936	SCSBFL4010B08.g	<i>Ripening-related protein</i>		3.09		2.82						
4937	SCSBFL4010B11.g	<i>Protein</i>								-1.92	1.85	-2.02
4938	SCSBFL4012F03.g	<i>Hypothetical protein TRIUR3-17149</i>			-1.01							
4939	SCSBFL4013B03.g	<i>-NA-</i>		3.62		2.74						
4940	SCSBFL4013C06.g	<i>Hemoglobin-like protein</i>				-1.15				1.44		1.81
4941	SCSBFL4013F04.g	<i>-NA-</i>		1.32		1.65		1.15				-1.09
4942	SCSBFL4013F06.b	<i>Bidirectional sugar transporter sweet4-like</i>				1.12				-3.75		-4.25
4943	SCSBFL4061E06.g *	<i>Nicotianamine synthase expressed</i>		-4.96								
4944	SCSBFL4063G01.g *	<i>-NA-</i>						1.67		1.12		
4945	SCSBFL5014H12.g	<i>Lipoxygenase partial</i>		-2.21	-1.2	-2.84				-3.09		-2.58
4946	SCSBFL5016F07.g	<i>Lactoylglutathione lyase</i>				1.56						
4947	SCSBFL5020D12.b *	<i>-NA-</i>							2.05			
4948	SCSBFL5020H01.g	<i>-NA-</i>					2.35					
4949	SCSBFL5022A10.g	<i>70 kDa peptidyl-prolyl isomerase</i>	3.27		2.77	1.06	2.94		2.32			-1.23
4950	SCSBFL5022B09.g	<i>Pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like</i>										
4951	SCSBFL5023A01.g	<i>Cation calcium exchanger 1-like</i>			2.72		2.07		1.82			
4952	SCSBHR1050A07.g *	<i>Ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>	-1.38				-1.54					
4953	SCSBHR1050A12.g	<i>Arogenate dehydratase prephenate dehydratase chloroplastic-like</i>				-2.47		-2.28		-1.88		-2.08
4954	SCSBHR1050B11.g	<i>Atp synthase subunit beta</i>		1.72								
4955	SCSBHR1050E04.g	<i>-NA-</i>									1.35	
4956	SCSBHR1050E12.g	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-880622</i>										-2.53
4957	SCSBHR1050F02.g	<i>Carbonic anhydrase</i>			1.22		1.16					
4958	SCSBHR1050F12.g	<i>Aminomethyltransferase</i>								-1.71		-2.58
4959	SCSBHR1051A10.g *	<i>Tonoplast intrinsic protein</i>	1.34				2.48			-1.22		-1.28
4960	SCSBHR1051B04.g	<i>Glucuronoxylan 4-o-methyltransferase 1-like</i>								-1.93		-2.65

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
4961	SCSBHR1051H11.g *	<i>Os04g0461400</i>						2.37				
4962	SCSBHR1052D02.g *	<i>12-oxophytodienoate reductase 1</i>		-1.56								
4963	SCSBHR1052E03.g	<i>Abscisic stress ripening</i>	-1.56		-2.02	-1.22	-1.4			-1.09		-1.34
4964	SCSBHR1052F05.g *	<i>Uncharacterized acetyltransferase at3g50280-like</i>		1.49		1		1.34		-1.11		
4965	SCSBHR1053F06.g	<i>Secondary cell wall-related glycosyltransferase family 47</i>								-2.51		-2.21
4966	SCSBHR1053H06.g	<i>Glutathione s-transferase</i>							-4.03		-3.19	
4967	SCSBHR1056B04.g	<i>Protein</i>			-1.01							
4968	SCSBHR1056B05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g043430</i>			-1.25				1.02		1.15	
4969	SCSBHR1056C11.g	<i>Dehydration-responsive contains burp pf03181</i>				-3.28		-2.52		-2.48		-3.26
4970	SCSBHR1056D08.g	<i>-NA-</i>							1.96		2.66	
4971	SCSBHR1056F05.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g006080</i>		-1.97	-1.35				2.38		2.83	
4972	SCSBHR1056G07.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>							1.42		1.15	
4973	SCSBHR1056H09.g *	<i>Myb transcription factor</i>					1.49					
4974	SCSBLB1031A02.g *	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1</i>						1.44				
4975	SCSBLB1032E01.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor</i>				-3.04		-2.32		-2.81		-3.48
4976	SCSBLB1032F01.g *	<i>70 kda peptidyl-prolyl isomerase</i>	-1.52									
4977	SCSBLB1032H06.g	<i>Probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like</i>	3.95		4		4.18					
4978	SCSBLB1033B10.g	<i>Disease resistance response protein 206-like</i>				-2.13		-2.12		-2.24		-3.25
4979	SCSBLB1033F10.g *	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-530098</i>	2									
4980	SCSBLB1036G07.g *	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-748248</i>					1.18					
4981	SCSBLB2036B07.g	<i>Snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-like pv42a-like</i>		6.34		6.48		6.54				
4982	SCSBLB2036C03.g *	<i>-NA-</i>						3.38				
4983	SCSBLB2036C10.g	<i>Beta- partial</i>							-1.39		-1.64	
4984	SCSBLB2040D02.g	<i>Gamma-glutamyltranspeptidase 1</i>							-3.09		-3.08	
4985	SCSBRT3036G12.g	<i>Plasma membrane intrinsic protein</i>	2.79		3.12							
4986	SCSBRT3039A04.g	<i>Acidic endochitinase-like</i>			-2.38		-3.48				-2.15	
4987	SCSBRT3039B11.g *	<i>PREDICTED: spidroin-1-like</i>					-1.2					
4988	SCSBRT3039E08.g	<i>Acidic endochitinase</i>							-1.99		-2.27	
4989	SCSBRT3040G10.g *	<i>Germinal-like protein</i>	-3.99						4.64		4.62	
4990	SCSBRZ3117E02.g	<i>Shoot2 protein</i>										
4991	SCSBRZ3117G11.g	<i>Probable galacturonosyltransferase-like 9-like</i>				-1.6						
4992	SCSBRZ3118B10.g	<i>Amino acid transporter-like</i>	1.96	2.17	2.94	3.48	2	2.45				1.46
4993	SCSBRZ3118E08.g	<i>Sequence-specific dna binding transcription factors</i>								-1.14		-1.49
4994	SCSBRZ3118E10.g	<i>Udp-glucose 6-dehydrogenase</i>				-1.42						-1.39
4995	SCSBRZ3119B04.g	<i>Abc transporter g family member 25-like</i>	2.36		1.4		1.21					-2.06
4996	SCSBRZ3119F07.g *	<i>Muscle m-line assembly protein unc-89-like</i>					-1.7		-1.91		-2.21	
4997	SCSBRZ3120B08.g	<i>Endochitinase a-like</i>			-3.63		-2.19					-2.79
4998	SCSBRZ3120C06.g	<i>Ferredoxin- chloroplastic-like</i>			2.28							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
4999	SCSBRZ3120D02.g	<i>Nudix hydrolase 4</i>			-1.36						-1.24	
5000	SCSBRZ3120E03.g *	-NA-					3.42				-1.12	
5001	SCSBRZ3120E12.g *	<i>Cell elongation protein</i>									-1	
5002	SCSBRZ3121B01.g	-NA-					-4.69		-4.34		-2.02	
5003	SCSBRZ3122H10.g *	<i>Myrosinase-binding at1g52030-like</i>								1.17	1.28	
5004	SCSBRZ3123C01.g	<i>Amino acid permease 3-like</i>					-1.61					
5005	SCSBRZ3123D11.g *	-NA-									1.32	
5006	SCSBRZ3123G09.g	-NA-	3.2		3.06							
5007	SCSBRZ3123G10.g	<i>Rna-dependent rna polymerase 1</i>			-3.46		-2.92					
5008	SCSBRZ3124E02.g	<i>Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase family protein</i>								1.94	1.8	
5009	SCSBRZ3124H01.g	<i>Nudix hydrolase 4</i>			-1.39							
5010	SCSBRZ3125A08.g	<i>Calreticulin-3 precursor</i>			-1.57		-1.32					
5011	SCSBRZ3125G04.g	<i>Uncharacterized mscs family protein at1g78610-like</i>			3.1		3.49		2.94			
5012	SCSBRZ3126G06.g *	<i>Vacuolar processing enzyme 4</i>			-2.64							
5013	SCSBSB1051F11.g	<i>Homeodomain-leucine zipper transcription factor ipi-1</i>					1.63					
5014	SCSBSB1051H05.g	<i>Nicotianamine aminotransferase</i>			-1.56		-1.63		-1.52		1.13	
5015	SCSBSB1052E09.g *	<i>Alpha-glucan h isozyme</i>					-1.34					
5016	SCSBSB1053C05.g	<i>Cellulose synthase a catalytic subunit 9</i>			-2.83		-1.93				-1.39	
5017	SCSBSB1053C11.g *	<i>Cytosolic acetyl- carboxylase</i>			-2.5						-1.09	
5018	SCSBSB1053D08.g	<i>Anthocyanidin -o-glucosyltransferase-like</i>									-1.97	
5019	SCSBSB1053E04.g	<i>Protein phosphatase 1 regulatory subunit ppra</i>			-3.25		-1.92				-2.61	
5020	SCSBSB1053F11.g *	<i>Pwpp domain family protein</i>			1.92						-1.5	
5021	SCSBSB1054C08.g	<i>Loricrin-like protein</i>				-1.6					-1.86	
5022	SCSBSB1057C04.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101773700	2.06		2.18		2			-1.77	-2.47	
5023	SCSBSB1096D03.g	<i>Fructose-bisphosphate aldolase</i>									1.12	
5024	SCSBSD1029D08.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g003120			3.37		3.11		2.6			
5025	SCSBSD1029F08.g	<i>Constans-like protein co8</i>			2.74		2.86					
5026	SCSBSD1031D11.g	<i>Nac domain protein nac5</i>									-1.05	
5027	SCSBSD1032A01.g	<i>Protoporphyrinogen chloroplastic mitochondrial-like</i>									2.98	
5028	SCSBSD1032E12.g	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101754725									5.04	
											5.33	
5029	SCSBSD1033B10.g *	<i>Catalytic hydrolase</i>									-1.65	
5030	SCSBSD1033E10.g	<i>Cationic peroxidase spc4-like</i>			5.12		3.87		3.07		-1.96	
5031	SCSBSD1033F08.g	<i>Myristoyl-acyl carrier protein thioesterase</i>									-2.65	
5032	SCSBSD1055G09.g *	<i>U-box domain-containing protein 21-like</i>			2.37						-3.09	
5033	SCSBSD1056F06.g *	-NA-	-2.78									
5034	SCSBSD1057H03.g *	<i>Premnaspirodiene oxygenase-like</i>			-2.17		-2.39		1.61	-2.25		
5035	SCSBSD1058E09.g	<i>Early light-induced protein</i>			2.99		2.84		2.09			

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5036	SCSBSD2029B01.g	<i>Germin-like protein 12-4-like</i>		-1.56		-2.54						
5037	SCSBSD2029B08.g *	-NA-		-2.24				-1.95		-2.77		-2.78
5038	SCSBSD2029D04.g *	<i>Calvin cycle protein cp12- chloroplastic-like</i>										
5039	SCSBSD2029D11.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g001950</i>	5.58									
5040	SCSBSD2029F05.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g043430</i>			-1.71		-1.16					
5041	SCSBSD2030H05.g *	-NA-				-1.59				-1.28		
5042	SCSBSD2032F10.g *	<i>Secreted protein</i>					3.57					
5043	SCSBSD2054D07.g	<i>Metal ion binding protein</i>			-1.9				1.37		1.36	
5044	SCSBSD2058D09.g *	<i>Expansin-like 3 precursor</i>	2.18						1.8		2.32	
5045	SCSBSD2058F06.g *	<i>Proline oxidase</i>		-1.69	-2.38		-2.55	-1.74	-2.61		-2.83	
5046	SCSBST3093F07.g	<i>Nadp-dependent oxidoreductase p1</i>									-2.54	
5047	SCSBST3094H07.g	<i>6-phosphofructokinase 3</i>							4.76		5.15	
5048	SCSBST3096D09.g *	<i>Blue copper</i>						-4.46		-2.43		-2.81
5049	SCSBST3096E05.g *	<i>Heat shock protein</i>	1.27						-2.4		-2.8	
5050	SCSBST3096E08.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein of lhci type iii</i>					-1.17				3.03	
5051	SCSBST3096H04.g	<i>Type i inositol- trisphosphate 5-phosphatase 1-like</i>			2.42							
5052	SCSBST3096H07.g	<i>Isoflavone reductase homolog irl-like</i>								-2.25		-2.24
5053	SCSBST3097B03.g	<i>Nonspecific lipid-transfer protein akcs9 precursor</i>	3.24		2.79		2.29					
5054	SCSBST3097C08.g *	<i>Basic secretory protein family protein</i>	4.29			4.34						
5055	SCSBST3097D01.g	<i>Laccase family protein</i>		-3.83	-2.56		-1.44		-2.18		-1.22	
5056	SCSBST3098G01.g	<i>Tpa: inositol polyphosphate phosphatase (synaptogenin-like) family protein</i>			4.67		3.25					
5057	SCSBST3098G08.g	<i>Annexin p35</i>	2.25	1.61	2.34	1.38	2.07	1.38			-1.17	
5058	SCSBST3100C08.g	-NA-				-1.13					-1	
5059	SCSBST3100C11.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1 precursor</i>									-1.6	
5060	SCSBST3101C10.g	<i>Membrane protein</i>				-3.78						
5061	SCSBST3101E05.g *	<i>Zinc finger cch domain-containing protein 9-like</i>							-2.46		-2.82	
5062	SCSBST3102C01.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>									-2.89	
5063	SCSFAD1068B11.g	<i>Tpa: edm2-like family protein</i>			2.41							
5064	SCSFAD1070A02.g *	-NA-								3.07		
5065	SCSFAD1070A03.g *	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 2</i>								-3.56		-3.92
5066	SCSFAD1070C01.g *	<i>Erythronate-4-phosphate dehydrogenase family protein isoform 1</i>			1.3		2.23	3.07				
5067	SCSFAD1072G09.g	-NA-									-1.52	
5068	SCSFAD1106A02.g	<i>Asparagine synthetase</i>		4.44		4.69		3.18				
5069	SCSFAD1106D04.g *	<i>U-box domain-containing protein 4-like</i>					1.23					
5070	SCSFAD1108B09.g	<i>Protein kinase superfamily protein</i>				2.35						
5071	SCSFAD1108D10.g	<i>Heat stress transcription factor spl17</i>	1.21	-2.38		-2.13		-1.78				
5072	SCSFAD1108H04.g *	<i>Tobamovirus multiplication protein expressed</i>										
5073	SCSFAD1109H03.g	<i>Ribosome biogenesis protein erb1-like isoform x1</i>			3.21							
5074	SCSFAD1110A02.g	<i>Receptor-like protein kinase hsl1-like</i>			1.83	-1.44						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5075	SCSFAD1111A04.g	<i>Long chain acyl-synthetase chloroplastic-like</i>					-2.62			-2.27		-2.43
5076	SCSFAD1111D05.g *	-NA-	4.01	7.56		7.72		5.88				
5077	SCSFAD1113H03.g	<i>Heavy metal-associated isoprenylated plant protein 26-like</i>								1.95		1.93
5078	SCSFAD1115E03.g	<i>Germinal-like protein 5-1-like</i>					-3.52			-2.38		-3.35
5079	SCSFAD1115H01.g	<i>Ccaat-box transcription factor complex expressed</i>								-2.03		-2.36
5080	SCSFAD1121B08.g	-NA-										1.97
5081	SCSFAD1122C03.g	<i>Amino acid permease 1</i>		-1.37			-1.49			-2.2		-1.29
5082	SCSFAD1124A06.g	<i>Proton-dependent oligopeptide transport family protein</i>										
5083	SCSFAD1124E07.g *	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>		1.79			1.52	-1.62		1.42		1.22
5084	SCSFAD1124F06.g *	<i>Cellulose synthase-like protein d3-like</i>					-2.23			-2.17		
5085	SCSFAD1125B08.g	<i>Ring zinc finger domain superfamily protein</i>	4.33		3.58			4.51				
5086	SCSFAD1125H09.g	<i>Probable metal-nicotianamine transporter ysl14-like</i>		1.63			1.52		1.15			-1.05
5087	SCSFAM1074C06.g	<i>Wrky transcription factor</i>					-1.81			-1.16		-1.65
5088	SCSFAM1075G06.g *	<i>Nucleotide-binding protein 1</i>								1.9		
5089	SCSFAM1077H03.g	<i>Retrotransposon ty1-copia subclass</i>					1.35					
5090	SCSFCL6068E03.g	<i>Glutathione transferase</i>								-1.67		
5091	SCSFFL3091C01.b *	<i>Methionine s-methyltransferase</i>		-2.2							-1.79	
5092	SCSFFL3092D07.g *	-NA-	5.36									
5093	SCSFFL3092G09.g *	-NA-		1.14			1.82		1.57		-1.23	
5094	SCSFFL4015F07.g *	<i>Disease resistance protein rga3-like isoform x1</i>		-2.37								
5095	SCSFFL4017G05.g	<i>Casp-like protein vit-19s0090g00570-like</i>		2.3			1.82					
5096	SCSFFL4018D09.g	<i>Receptor-like serine threonine-protein kinase sd1-8-like</i>					-3.23		-3			
5097	SCSFFL4082E10.g	<i>Nnja4-maize ame: full=ninja-family protein 4</i>	2.24		2.32		2					
5098	SCSFFL4083B04.b	<i>Prolyl 4-hydroxylase alpha subunit-like</i>								2.44		3.1
5099	SCSFFL4083E01.b *	-NA-								-4.79		
5100	SCSFFL4083F11.g	<i>Microtubule-associated protein futsch-like</i>								1.57		
5101	SCSFFL4084B02.b	<i>Cinnamoyl-reductase</i>								-1.44		-1.75
5102	SCSFFL4084E10.b	<i>Sugar transport protein 5-like</i>										-3.96
5103	SCSFFL4085D03.g	<i>G-box binding factor 1</i>	3.97		4.22	2.99	3.39	2.8				
5104	SCSFFL4085H11.g *	<i>Cytochrome p450 71d7</i>					1.76					
5105	SCSFFL4086H05.g *	<i>High-affinity potassium transporter</i>		-1.2								
5106	SCSFFL8044G09.g	<i>Auxin response factor 1</i>					-2.06					
5107	SCSFHR1043G09.g	<i>S-adenosylmethionine synthetase</i>								-1.16		
5108	SCSFHR1045A01.g *	<i>Dehydration-responsive element-binding protein 3-like</i>							-2.29			
5109	SCSFHR1046A07.g	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>								2.72		2.71
5110	SCSFHR1046H02.g	<i>Abscisic stress-ripening protein 3-like</i>		-2.34			-2.56		-2.56			
5111	SCSFLR2009A01.g *	-NA-	2.32									

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5112	SCSFLR2009A02.g	<i>Ring-h2 finger protein atl2l</i>									1.64	
5113	SCSFLR2009A10.g	<i>Zinc transporter at3g08650-like</i>								1.47	1.56	
5114	SCSFLR2009D11.g	<i>Dof zinc finger protein mnb1a</i>		1.5		1.62		1.12			-1.07	
5115	SCSFLR2009H09.g	<i>T-complex protein 1 subunit delta-like</i>										
5116	SCSFLR2016D04.g *	<i>Transcription factor blhh13</i>					-1.78			-1.38		
5117	SCSFLR2024A02.g	<i>Probable calcium-binding protein cml15-like</i>					-1.14					
5118	SCSFLR2024C09.g	<i>Lob domain-containing protein 41</i>							3.04		3.37	
5119	SCSFLR2024F04.g	<i>Protein glutamine dumper 4-like</i>									2.93	
5120	SCSFLR2024F07.g	-NA-		1.97		1.17					1.28	
5121	SCSFLR2024F09.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g022480</i>							-1.97		-2.04	
5122	SCSFLR2031C10.g	<i>Dehydration-responsive element-binding protein 1a-like</i>		2.16					-1.78		-1.68	
5123	SCSFLR2031F07.g *	<i>-like protein chloroplastic</i>	2.19				-1.75			-2.74		
5124	SCSFLR2031G12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g002620</i>							1.47		1.54	
5125	SCSFVL1044C07.g *	<i>Neurogenic locus notch protein precursor-like precursor</i>						2.28				
5126	SCSFRT2067C07.g *	<i>Early response to dehydration 15-like protein</i>					1.25					
5127	SCSFRT2067E08.g	<i>Hypoxia induced protein conserved region containing expressed</i>							2.63		3.37	
5128	SCSFRT2067E10.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>							3.55		4.17	
5129	SCSFRT2067F07.g	<i>Monosaccharide-sensing protein 2-like</i>	5.16		3.94	1.4	4.23			-1.87		
5130	SCSFRT2067G04.g *	<i>Hydroxyisourate hydrolase</i>						-1.38				
5131	SCSFRT2067G05.g	<i>Udp-glycosyltransferase 89b1-like</i>									-2.48	
5132	SCSFRT2067G06.g	<i>Tpa: duf231 domain containing family protein</i>					-2.99		-2.03		-2.73	
5133	SCSFRT2067G11.g *	<i>Elicitor-inducible cytochrome p450</i>					-1.92				-1.8	
5134	SCSFRT2067H06.g	<i>Hypothetical protein precursor</i>		-3.18		-2.95		-3				
5135	SCSFRT2067H11.g *	-NA-								-1.4		
5136	SCSFRT2068A10.g	<i>Serine threonine kinase -related protein</i>								3.89		
5137	SCSFRT2068D05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g030900</i>		-1.61		-2.02		-2.13				
5138	SCSFRT2068D06.g	<i>Uclacyanin 3-like protein</i>					-2.84		-2.27		-2.29	
5139	SCSFRT2068D10.g	<i>Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 2</i>					1.84		1.93			
5140	SCSFRT2068D11.g	<i>Probable 4-coumarate- ligase 3-like</i>					-1.9		-1.12		-1.81	
5141	SCSFRT2068D12.g *	<i>Abscisic stress ripening</i>								-1.45		
5142	SCSFRT2068E07.g	<i>Alcohol partial</i>			-2	-2.42				4.67		
5143	SCSFRT2068E11.g *	-NA-	-1.51	2.28							1.3	
5144	SCSFRT2068F02.g *	-NA-										
5145	SCSFRT2069A03.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g006520</i>		-1.65								
5146	SCSFRT2069B03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-07g004635</i>					-3.23					
5147	SCSFRT2069D03.g *	<i>Bib poz domain-containing protein tnfaiap1 isoform 1</i>						-1.53				
5148	SCSFRT2069D09.g	<i>Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like</i>								2.64		
											2.94	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5149	SCSFRT2069F01.g	<i>Maize proteinase inhibitor</i>		1.26		1.34						-1.82
5150	SCSFRT2069F06.g *	<i>Glycosyl hydrolase family 10 protein</i>		-1.93							1.01	
5151	SCSFRT2069F10.g *	<i>Alanine-glyoxylate aminotransferase 2 homolog mitochondrial-like</i>		-1.28				-1.31				
5152	SCSFRT2069G04.g *	<i>Protein kinase superfamily protein</i>								1.88		
5153	SCSFRT2069G05.g *	<i>Cbl-interacting protein kinase 6-like</i>		2.25				1.55			1.24	1.7
5154	SCSFRT2069H08.g	<i>Cytosolic factor-like protein</i>										
5155	SCSFRT2070A10.g	<i>-oxoglutarate 3-dioxygenase-like</i>				-2.05						
5156	SCSFRT2070D08.g *	<i>Ferritin chloroplast expressed</i>	1.4			1.71			1.48			
5157	SCSFRT2070H10.g	<i>Probable glutathione s-transferase gstd1-like</i>				-1.48					-1.74	
5158	SCSFRT2070H11.g	<i>Flavonoid 3 5 - partial</i>				-1.27						
5159	SCSFRT2071C05.g	<i>Pvr3-like protein</i>		-4.57		-4.14		-3.57				
5160	SCSFRT2071E01.g	<i>Rcc1 and btb domain-containing protein</i>									-2.5	
5161	SCSFRT2071E08.g	<i>Heavy metal transport detoxification superfamily protein</i>								1.34	1.61	
5162	SCSFRT2071F09.g *	<i>Protein iq-domain 14-like</i>						-1.25		-1.6		-2.04
5163	SCSFRT2071G08.g	<i>Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein</i>	1.51		1.43		1.68					
5164	SCSFRT2072A07.g	<i>Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1-like</i>								4.6	4.23	
5165	SCSFRT2072B02.g *	<i>Btb poz and tax domain-containing protein 1-like</i>						-1.95				
5166	SCSFRT2072B10.g	<i>Dna binding protein</i>									1.64	
5167	SCSFRT2072C09.g	<i>Anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>								-1.48	-1.83	
5168	SCSFRT2072D08.g	<i>Dna binding protein</i>								-1.22		
5169	SCSFRT2072E04.g	<i>4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase</i>		2.05		2.38						
5170	SCSFRT2072E05.g	<i>Kda class i heat shock protein 1</i>	4.02	2.26	5.68	3.24	4.04	1.27		-3.89	-2.91	
5171	SCSFRT2072E06.g *	<i>Metal transporter nramp3</i>		-1.49								
5172	SCSFSB1068C01.g *	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>					1.62			2.54		
5173	SCSFSB1069E12.g *	<i>U-box domain-containing protein 33-like</i>					-1.51					
5174	SCSFSB1071A12.g	<i>-NA-</i>			-1.57		-2.57					
5175	SCSFSB1071H07.g *	<i>Probable receptor-like protein kinase at5g56460-like</i>						-1.34			-1.22	
5176	SCSFSB1097H04.g	<i>Btb poz domain-containing protein at1g63850-like</i>		1.44		1.84		1.22		1.36	1.63	
5177	SCSFSB1099D10.g	<i>-NA-</i>		-2.58		-2.74		-2.56		-2.4	-2.92	
5178	SCSFSB1099D11.g	<i>Uncharacterized loc101220892</i>								-2.19	-3.13	
5179	SCSFSB1099F01.g	<i>Probable sugar phosphate phosphate translocator at5g25400-like</i>				-2.78		-2.39		-1.91	-2.78	
5180	SCSFSB1102D12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g007070</i>							2.84		3.78	
5181	SCSFSB1103A12.g *	<i>Disease resistance protein rpm1-like isoform x1</i>		-1.7			-1.01				-1.24	
5182	SCSFSB1103F04.g	<i>-NA-</i>	-1.24		-1.45	1.25					-2.03	-2.51
5183	SCSFSB1103G11.g	<i>Monosaccharide-sensing protein 2-like</i>			-1.41							
5184	SCSFSB1105C04.g	<i>-NA-</i>			1.49							
5185	SCSFSB1106D06.g *	<i>Nadp-dependent oxidoreductase p1</i>			1.15			4.22				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5186	SCFSB1106D12.g	<i>Act domain containing expressed</i>				1.76						
5187	SCFSFSD1064C10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g041340</i>		-1.26								
5188	SCFSFSD1066A01.g	<i>Ec metallothionein(class ii)</i>	5.53		5.11			4.28				
5189	SCFSFSD1066D10.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g012530</i>				1.97	-1.33				-1.42	
5190	SCFSFSD1066G06.g *	<i>Ubiquitin-protein ligase cip8</i>	1.09	3.19		3.89						
5191	SCFSFSD1068A08.g	<i>-NA-</i>	3.07		3.71							
5192	SCFSFSD2066E12.g	<i>Late embryogenesis abundant protein family protein</i>	6.87		6.89		6.57					
5193	SCFSFSD2068C04.g *	<i>Protein wir1-like</i>					-2.32					
5194	SCFSFSD2068C08.g *	<i>Cytochrome p450 likebp</i>		2.47			1.27					
5195	SCSFST1064G12.g	<i>Cdc2 protein kinases-like</i>				-2.01	-2.06		-2.96		-3.81	
5196	SCSFST1066C11.g	<i>Uncharacterized protein LOC100192495</i>	2.58		1.65		1.86					
5197	SCSFST1066H09.g	<i>-NA-</i>	3.39		2.43					-1.16	-3.67	
5198	SCSFST1066H12.g	<i>Btb poz domain-containing protein at1g63850-like</i>	1.8		1.98		1.34				1.63	
5199	SCSFST3074F09.g *	<i>Uncharacterized protein LOC100384495</i>							-1.83			
5200	SCSFST3075E02.g	<i>Phytochelatin synthetase</i>	-3.04		-2.28		-1.5		-2.19		-2.53	
5201	SCSFST3076F05.g *	<i>Probable galacturonosyltransferase-like 9-like</i>			-1.54		-1.34					
5202	SCSFST3076G09.g *	<i>Luminal binding protein</i>	-1.82						-1.26			
5203	SCSFST3077C11.g	<i>Ankyrin repeat domain-containing protein 2-like</i>	1.34		1.59		1.55					
5204	SCSFST3078F06.g	<i>Ethylene-responsive protein</i>	3.15	1.51	2.82	1.64	3.19	1.55				
5205	SCSFST3079A10.g	<i>PRIDICTED: uncharacterized protein LOC101760460</i>							4.08		3.34	
5206	SCSFST3081B11.g	<i>Nad-malate dehydrogenase</i>							1.61		2.41	
5207	SCSFST3081F06.g	<i>Beta-ig-h3 domain-containing expressed</i>				-2.41						
5208	SCSFST3082D06.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g007070</i>	-1.67								3.19	
5209	SCSFST3082E09.g	<i>Soluble acid invertase</i>			5.59		5.85					
5210	SCSGAD1006B06.g	<i>Phosphatidylinositol transfer protein 1-like</i>			1.59							
5211	SCSGAD1006E11.g	<i>-NA-</i>				-5.02		-2.62			-4.06	
5212	SCSGAD1006H08.g *	<i>Leucine rich repeat family expressed</i>			-1.21		-1.25					
5213	SCSGAD1007C05.g	<i>Cysteine-rich receptor-like protein kinase 10-like</i>			-1.9				3.52		3.35	
5214	SCSGAD1007C09.g	<i>Pro-resilin precursor</i>			-1.26				-1.64	1.66	-1.74	
5215	SCSGAD1007F07.b *	<i>Transformer serine arginine-rich ribonucleoprotein</i>	1.78	1.79	2.19		2.11	1.31		1.85		
5216	SCSGAD1007H02.g	<i>Triacylglycerol lipase like protein</i>				-1.46		-1.4		-1.41		-1.69
5217	SCSGAD1008A08.g	<i>Tonoplast dicarboxylate transporter-like</i>								-3.08		-3.58
5218	SCSGAD1008E05.g	<i>Protein chloroplast import apparatus 2-like</i>					-1.34				-1.01	
5219	SCSGAD1008G12.g *	<i>Mrp-like abc transporter</i>		-2.13								
5220	SCSGAD1009D06.g *	<i>Brown planthopper-induced resistance protein 1</i>	1.2	1.71		2.08	1.28	1.09			-1.58	
5221	SCSGAD1009D12.g	<i>Kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like isoform 1</i>			-1.73							
5222	SCSGAD1142C08.b *	<i>Dihydrolipoyl dehydrogenase</i>		-1.54				-1.77			-1.81	
5223	SCSGAD1142F08.g	<i>Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein</i>									2.67	
5224	SCSGAD1142G01.g *	<i>Calreticulin precursor</i>		-3.3								

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5225	SCSGAD1142H10.g	<i>Cytoplasmic membrane protein</i>										-1.89
5226	SCSGAD1143A05.b *	<i>Root abundant factor</i>							-1.45	1.19		1.89
5227	SCSGAD1143F01.b	<i>Tpa: myb dna-binding domain superfamily protein</i>										5.23
5228	SCSGAD1143H04.g	<i>Heparan-alpha-glucosaminide n-acetyltransferase-like isoform x2</i>			1.66							-1.5
5229	SCSGAM1094B10.g *	<i>Squalene synthase</i>							1.15			
5230	SCSGAM1094D05.g	<i>Phenylalanine ammonia-lyase</i>		-1.29			-2.84		-2.79		-2.07	-2.23
5231	SCSGAM1094D07.g	<i>Aspartokinase chloroplastic-like</i>					-1.72				3.29	3.99
5232	SCSGAM1094E01.g	<i>Hypothetical protein</i>					1.95					
5233	SCSGAM1094F11.g	<i>Unknown</i>										-1.09
5234	SCSGAM1096D05.g *	<i>TPA: hypothetical protein ZEAMMB73-579729</i>							-1.1			
5235	SCSGAM1096F07.g	<i>Chitinase</i>										-3.67
5236	SCSGAM2075B04.g *	<i>Myb-related protein myb4-like</i>		-1.52							-2.22	
5237	SCSGAM2075E06.g *	<i>Protein mei2-like 2-like isoform x3</i>		-1.89								
5238	SCSGAM2075F04.g	<i>Glycosyltransferase-like domain-containing protein 2-like</i>								-1.64		-1.92
5239	SCSGAM2076F12.g	<i>Amino acid permease family expressed</i>										1.84
5240	SCSGAM2077H04.g	<i>Cbl-interacting protein kinase 31</i>								2.45		2.93
5241	SCSGAM2079F03.g	<i>Indeterminate-related protein 9</i>					-2.01		-1.29			
5242	SCSGAM2102C11.g	<i>Uncharacterized protein loc102711286</i>	2.15								-1.45	-1.48
5243	SCSGAM2103F11.g *	<i>Tpa: heparanase-like protein 2</i>							-2.13			
5244	SCSGAM2105B05.g *	<i>-NA-</i>					3.29					
5245	SCSGAM2105D04.g	<i>Udp-glycosyltransferase-like protein</i>								-2.58		-2.86
5246	SCSGAM2105E03.g	<i>Vacuolar amino acid transporter 1-like</i>										-3.19
5247	SCSGAM2105H03.g *	<i>Uncharacterized protein loc101786652</i>			2.14							-2.39
5248	SCSGCL6070D03.g *	<i>-NA-</i>	2.75	2.62	2.88	2.94	2.78	3.2	1.1	-2.81		
5249	SCSGCL6070E04.g	<i>Small uorf</i>				2		1.37				
5250	SCSGFL1075H07.g	<i>Thymidine kinase-like</i>										-2.38
5251	SCSGFL1077F07.g	<i>Glycerol-3-phosphate dehydrogenase</i>					-4.74		-3.76			
5252	SCSGFL1078B08.g	<i>Pvr3-like protein</i>		-5.01			-3.8		-3.7			
5253	SCSGFL1078F07.g	<i>Anthocyanidin reductase-like</i>	1.69	2.33	2.1	2				-4.32		-4.46
5254	SCSGFL1078H06.g *	<i>Cyclic nucleotide-gated ion channel 2</i>		3.39								
5255	SCSGFL1079A11.g	<i>Tpa: dihydroflavonol-4-reductase</i>										-1.25
5256	SCSGFL1079A12.g	<i>-NA-</i>					-3.58		-3.86			
5257	SCSGFL1080B04.g	<i>Dna-binding protein chloroplast</i>								4.26		3.88
5258	SCSGFL1080H10.g	<i>Cytochrome p450 78a3-like</i>	-1.67		-2		-1.64				1.08	
5259	SCSGFL1081C01.g	<i>Potassium channel skor</i>	-1.7		-1.86		-1.51				1.87	1.76
5260	SCSGFL1081E03.b	<i>Fructose-bisphosphate aldolase</i>									1.92	1.73
5261	SCSGFL4035H08.g	<i>Cytochrome b5</i>					-1.29				-1.52	-1.24
5262	SCSGFL4037B08.g *	<i>Peptide nitrate transporter at2g37900-like</i>	-1.29	-1.91				-2.87		-2.16		-2.44
5263	SCSGFL4037B10.g	<i>Tpa: laccase family protein</i>					-2.69		-1.85		-2.31	-3.19

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5264	SCSGFL4191E06.b	<i>Retrovirus-related pol polyprotein from transposon tnt 1-94</i>							-1.57		-1.93	
5265	SCSGFL4194E07.g	<i>Atp-dependent zinc metalloprotease ffish mitochondrial-like</i>								1.4		
5266	SCSGFL4195F07.g *	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>	-3.87						-3.42		-3.67	
5267	SCSGFL4C03C08.g	<i>Disease resistance response protein 206</i>									-1.43	
5268	SCSGFL4C04A07.g	<i>Nucleic acid binding protein</i>									1.07	
5269	SCSGFL4C04E12.g	<i>Ribosome biogenesis atpase rix7-like isoform x2</i>			4.85		4.01					
5270	SCSGFL4C06D03.g	<i>Tpa: myb dna-binding domain superfamily protein</i>							-3.09		-3.47	
5271	SCSGFL4C06G01.g *	<i>Myb transcription factor</i>				3.21		1.01				
5272	SCSGFL4C07D05.g	<i>Glycine-rich rna-binding protein 2</i>	1.64		1.51		1.4					
5273	SCSGFL4C08B10.g *	<i>Proton-dependent oligopeptide transport family protein</i>	-1.71	-1.77	-1.51	-2.76	-2.42				-2.65	
5274	SCSGFL4C08G02.g *	<i>Dehydrin cor410</i>	3.32	2.55	2.84		1.72					
5275	SCSGFL4C08G04.g	<i>Chaperone protein dnaj-related-like</i>		2.04							-2.88	
5276	SCSGFL5C08D07.g	<i>Cytochrome p450 78a3</i>	3.46		3.68		2.94					
5277	SCSGFL5C08H11.g *	<i>Dnaj chaperone family protein</i>	1.98	2	2.08						-1.72	
5278	SCSGHR1066C01.g	<i>Proton myo-inositol cotransporter</i>										
5279	SCSGHR1066C03.b	<i>Chalcone synthase</i>			-1.08		-1.32					
5280	SCSGHR1066E03.g	<i>Cold shock protein-1 precursor</i>	1.5		1.46		1.3					
5281	SCSGHR1066E06.g *	<i>Topless-related protein 2-like</i>	-1.27									
5282	SCSGHR1066H07.g	<i>Salicylate o-methyltransferase-like</i>							1.96		2.4	
5283	SCSGHR1067C04.g	<i>Probable inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at3g03770-like</i>							-1.7		-2.35	
5284	SCSGHR1067D08.g *	<i>Amino acid permease 3-like</i>	1.93								-1.46	
5285	SCSGHR1067F12.g *	<i>Rubisco accumulation factor chloroplastic</i>	2.23		2.33							
5286	SCSGHR1068F02.g	<i>Nodule-specific protein</i>	2.77		2.08		2.12					
5287	SCSGHR1069B04.g	-NA-	3.45	3.92	2.56	3.17	1.86	2.59				
5288	SCSGHR1069C04.b	<i>Hypothetical protein TRIUR3-10503</i>	3.58		4.05		2.78					
5289	SCSGHR1069C06.g	<i>Protein short-root 1-like</i>							-2.25		-2.41	
5290	SCSGHR1069D01.g	<i>Nac domain transcription factor superfamily protein</i>							-1.88		-2.57	
5291	SCSGHR1069D05.g	<i>Glucose-6-phosphate phosphate partial</i>		-1.32			-1.64					
5292	SCSGHR1069E04.b	<i>Probable -trehalose-phosphate synthase</i>	1.25		1.27							
5293	SCSGHR1069F04.b	<i>Cytochrome p450 superfamily protein</i>			1.66							
5294	SCSGHR1069F11.g	<i>Type ii nad h dehydrogenase</i>							-2.88		-3.42	
5295	SCSGHR1069G02.g *	<i>Saposin-like type region 1 family protein</i>					-1.52					
5296	SCSGHR1069H12.g	<i>Fiber protein fb2</i>	1.29		1.41		1.79		1.08		1.2	
5297	SCSGHR1070A02.g	<i>Glycogenin-like protein</i>			-1.48							
5298	SCSGHR1070B01.g	<i>Stress responsive protein</i>	1.61		1.68		1.62					
5299	SCSGHR1070D09.b *	<i>Tpa: methionine synthase family protein</i>							-1.79			
5300	SCSGHR1071F01.g	<i>Cellulose synthase a catalytic subunit 4</i>	-5.04		-2.2		-1.69		-2.04		-2.57	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5301	SCSGHR1071H12.b	<i>S-adenosylmethionine synthetase</i>					-1.01					-1.02
5302	SCSGHR1072C07.g	<i>Ring-h2 finger protein atl2l</i>					-2.4					1.66
5303	SCSGHR1072E04.g	-NA-					-1.36					-2.08
5304	SCSGHR1072E11.g	PREDICTED: uncharacterized protein <i>LOC101781061</i>								2		2.4
5305	SCSGHR1072G02.g	-NA-					-2.9					
5306	SCSGHR1072H08.g	<i>Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein</i>	1.66	1.15	1.09			2.21				
5307	SCSGLR1025B09.g	-NA-					-2.91					
5308	SCSGLR1025B10.g	<i>Receptor-like serine threonine kinase</i>					-1.03					
5309	SCSGLR1025B12.g	<i>Amine oxidase flavin domain-containing protein</i>					-1.5					
5310	SCSGLR1025C12.g *	<i>Calcium binding ef-hand protein</i>	-3.1				-2.58	1.81			-1.65	-2.6
5311	SCSGLR1025D03.g *	<i>Dnaj-like protein</i>	2.44				2.67		3.3	-1.22		-1.85
5312	SCSGLR1025D04.g	-NA-								3.03		3.82
5313	SCSGLR1025E01.g *	<i>-dopa dioxygenase extradiol</i>					-1.38				-1.15	
5314	SCSGLR1025F04.g	<i>Tpa: galactokinase</i>					1.47				1.32	
5315	SCSGLR1025G10.g	<i>Malate synthase</i>					1.54					
5316	SCSGLR1045A02.g *	<i>Urease-like isoform x1</i>	-2.08									
5317	SCSGLR1045A10.g	<i>Polyphenol oxidase</i>			-1.15			-1.28				1.71
5318	SCSGLR1045C01.g	<i>Multiple inositol polyphosphate phosphatase 1-like</i>					1.56		1.4			
5319	SCSGLR1045D05.g	<i>Protein hva22-like</i>	3.15	3.21	3.38		2.92	3.23	2.88		-2.2	-2.06
5320	SCSGLR1045D12.g	PREDICTED: uncharacterized protein <i>LOC101783327</i>					-1.32					
5321	SCSGLR1045E03.g *	<i>Heavy metal-associated domain containing protein</i>	1.16	1.18			1.54		1.59			
5322	SCSGLR1045E04.g	<i>Beta-galactosyltransferase sqo-2</i>					-1.6					
5323	SCSGLR1045F05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g044770</i>						1.1				
5324	SCSGLR1084A01.g	<i>Xyloglucan endotransglycosylase hydrolase protein 8</i>	-2.48		-1.99			-1.58			-1.91	-2.27
5325	SCSGLR1084B06.g	<i>Mitogen-activated protein kinase 7-like</i>	-2.35		-2.82			-2.48		1.58	-1.62	1.23 -1.82
5326	SCSGLR1084C03.g	<i>R40c1 protein - rice</i>	2.86	2.4	2.12	2.16	2.18	1.72			-1.3	-1.5
5327	SCSGLR1084G12.g *	-NA-						-1.33				-1.5
5328	SCSGLV1007A08.g	<i>Gtp pyrophosphokinase</i>	2.28		2.89			2.72				
5329	SCSGLV1007B03.b *	<i>Probable o-methyltransferase 2-like</i>									-4.37	
5330	SCSGLV1008A09.g	<i>Thioredoxin-like protein chloroplastic-like</i>						1.48				
5331	SCSGLV1008B03.g *	<i>Flowering-promoting factor 1-like protein 1-like</i>		1.2							-1.5	-1.47
5332	SCSGLV1008C05.b	<i>Fructose-bisphosphate cytoplasmic isozyme 1-like</i>	1.13		1.49			1.44				
5333	SCSGLV1008G03.g	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>									-2.39	-3.18
5334	SCSGLV1008G06.b	-NA-					4.52	4.02	4.15	3.17	3.65	
5335	SCSGLV1008H10.g *	<i>Exocyst complex component exo84b-like</i>									-3.51	
5336	SCSGLV1010D10.g	<i>Gibberellin 3-beta-dioxygenase 1-like</i>									-1.68	-2.2
5337	SCSGLV1010E01.b *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-05g027150</i>									2.81	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5338	SCSGLV1011F11.b *	<i>L-ala-d l-glu epimerase-like</i>									-1.84	
5339	SCSGLV1011G03.g	<i>Pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like</i>			-1.49							
5340	SCSGLV1013D08.b *	<i>Globulin-1 s allele-like</i>		2.61								
5341	SCSGRT2061F02.g *	<i>Hva22-like protein j-like</i>		-2.24								
5342	SCSGRT2061G06.g *	<i>Methionine s-methyltransferase</i>		-2.02								
5343	SCSGRT2061G12.g	<i>Glucan endo -beta-glucosidase 14-like</i>	-1.88		-1.87		-1.94					
5344	SCSGRT2061H04.b	<i>Retinitis pigmentosa 1-like 1</i>		5.77		5.62		4.5				
5345	SCSGRT2061H04.g	<i>Low-temperature-induced 65 kda</i>		5.34		5.76		3.93				
5346	SCSGRT2062A10.g *	<i>Histone h4</i>		-2.38								
5347	SCSGRT2062B05.g	<i>Gibberellin 3-beta-dioxygenase 1-like</i>							-1.33		-1.75	
5348	SCSGRT2062D07.g	<i>Peroxidase 52-like</i>							3.22		2.54	
5349	SCSGRT2063B06.g	<i>Endoplasmic oxidoreductin-1-like isoform x2</i>							2.67		2.84	
5350	SCSGRT2063C03.g	<i>Protein tpx2-like</i>					-3.25		-2.23		-2.64	
5351	SCSGRT2063H01.g	<i>Cationic peroxidase spc4-like</i>		-1.97		-2.62		-2.12				
5352	SCSGRT2064D08.g *	<i>Bark storage protein a-like</i>	1.54	-3.35	1.35			-3.45		-1.91		-2.95
5353	SCSGRT2064E02.g *	<i>Fatty acid elongase</i>				-1.26	2.77			-1.64		-1.52
5354	SCSGRT2064G11.g *	<i>Map kinase family protein</i>		-1.5					1.14		1.03	
5355	SCSGRT2064H07.g	<i>Nod26-like major intrinsic protein</i>	2.13	1.32	2.6	1.01	2.53	1.04				-1.17
5356	SCSGRT2065A05.g	<i>Hypothetical protein precursor</i>		-3.58		-3.02		-2.75				
5357	SCSGRT2065E07.b	<i>Xylanase inhibitor protein 1-like</i>		2.19		1.4		1.55				
5358	SCSGRT2065E10.g *	<i>Nuclease s1</i>		-1.82								
5359	SCSGRT2065G08.b	<i>Alpha- partial</i>							-1.16		-1.29	
5360	SCSGRT2066A01.g *	<i>Funarylacetooacetase</i>		-1.25							-1.02	
5361	SCSGRT2066A05.b *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g006520</i>		-1.13								
5362	SCSGRT2066C02.g	<i>Ascorbate peroxidase</i>										-1.25
5363	SCSGRT2066G04.g	<i>Nuclease harbi1-like</i>		1.4						-1.02		-1.06
5364	SCSGRZ3059D07.g	<i>L-type lectin-domain containing receptor kinase</i>										1.13
5365	SCSGRZ3059H05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g023380 [Sorghum bicolor]</i>		1.26		-1.21				-1.25		-1.1
5366	SCSGRZ3060A04.g *	<i>Serine threonine-protein kinase-like protein ccr3-like</i>				-1.8			-1.38			
5367	SCSGRZ3060A12.g	<i>Proteinfaf- chloroplastic-like</i>		-2.25		-1.93						
5368	SCSGRZ3060G04.g	<i>Dna binding like</i>			-3.03							
5369	SCSGRZ3060H06.g *	<i>Nitrate transporter -like</i>		-2.18				-2.6		-3.57		-4.3
5370	SCSGRZ3061B02.g	<i>Protein short-root 1-like</i>			-1.31				-1.88		-1.97	
5371	SCSGRZ3061E04.g	<i>Lysine-specific demethylase 5d-like</i>			-2.02							1.42
5372	SCSGRZ3061F12.g	<i>Dna binding like</i>		-1.33		-3.89		-3.94		-2.28		-2.58
5373	SCSGRZ3062B12.g	<i>Uncharacterized protein chloroplastic-like</i>			-1.46							
5374	SCSGRZ3063G02.g	<i>Ring u-box superfamily protein isoform 1</i>			1.36					1.4		1.44
5375	SCSGSB1005B12.g	<i>Tpu: cytochrome p450 superfamily protein</i>	-2.24		-3.2		-2.17					
5376	SCSGSB1006F06.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 2-like</i>		-2.93		-2.65		-2.88		-1.47		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5377	SCGSB1009B08.b *	<i>Starch synthase iia</i>	2.88									
5378	SCGSB1009D01.b	<i>Probable glucuronosyltransferase os01g0926700-like</i>			-2.05		-1.7		-1.77		-2.17	
5379	SCGST1068A02.g	<i>Tpa: leucine-rich repeat family protein</i>			-1.33		-1.64					
5380	SCGST1068A11.g *	<i>Kinase family protein</i>	1.2									
5381	SCGST1068D09.g	<i>-NA-</i>	-1.16		-1.12							
5382	SCGST1069F04.g *	<i>Plant-specific domain tigr01627 family protein</i>		1.14				1.36		-1.73	-2.03	
5383	SCGST1070A12.g	<i>Pheophorbide a chloroplastic-like</i>			1.06				2.46		2.46	
5384	SCGST1071B07.g	<i>Probable peptide nitrate transporter at5g13400-like</i>		1.97		1.95						
5385	SCGST1071H01.g *	<i>Aldehyde dimeric nadp-preferring</i>									-2.22	
5386	SCGST1072A06.g	<i>Chloride channel</i>		-2.96		-1.63		-1.6		1.83	2.04	
5387	SCGST1072B02.g	<i>G-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at1g34300-like</i>										
5388	SCGST1072D03.g *	<i>Calreticulin precursor</i>		-2.33		-1.1		-1.14		-1.52	-1.84	
5389	SCGST1072D04.g	<i>Protein binding protein</i>			-1.44		-1.15					
5390	SCGST1072G04.g	<i>Broad-range acid phosphatase det1-like</i>			-1.04						-1.09	
5391	SCGST3117C07.b	<i>E3 ubiquitin-protein ligase at4g11680-like</i>									-3.75	
5392	SCGST3117C11.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g046345</i>			-6.11		-3.94				-2.18	
5393	SCGST3117F02.b	<i>Uncharacterized protein LOC100275802</i>			-5.75						-2.68	
5394	SCGST3118A01.b	<i>O-methyltransferase</i>			-1.59				-1.49		-2.06	
5395	SCGST3118B02.b	<i>F-box kelch-repeat protein at2g44130-like</i>			1.13				2.34		2.52	
5396	SCGST3118F06.g	<i>-NA-</i>		4.14	1.38	3.85	1.11	2.76				
5397	SCGST3119A04.b	<i>Pyruvate decarboxylase</i>			-2.22				3.88		3.74	
5398	SCGST3119A05.g	<i>Uncharacterized protein loc101774350</i>			-1.58		-1.23		1.18		1.39	
5399	SCGST3119C04.b *	<i>Spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>		2.71		3.11	2.59	1.62	2.12		2.26	
5400	SCGST3119C04.g	<i>Spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>			4.44		1.64	2.21			2.73	
5401	SCGST3119G10.g *	<i>Subtilisin-like protease-like</i>							-1.8			
5402	SCGST3120H02.g	<i>Soluble acid invertase</i>	7.38		6.77							
5403	SCGST3121B05.b	<i>Shikimate o-hydroxycinnamoyltransferase-like</i>							-2.61		-2.93	
5404	SCGST3121B05.g	<i>Shikimate o-hydroxycinnamoyltransferase-like</i>							-2.66		-2.94	
5405	SCGST3121C06.g *	<i>Duf246 domain-containing protein at1g04910-like</i>		1.75		1.27						
5406	SCGST3121H01.g	<i>Ring finger protein</i>									-3.79	
5407	SCUTAD1030F05.g	<i>Pyruvate decarboxylase</i>							5.92		7.06	
5408	SCUTAD1032C04.g	<i>U-box domain-containing protein 21-like</i>		1.64		-1.57					-1.67	
5409	SCUTAD1032E08.g *	<i>Dirigent-like protein pdfr3</i>		-2.94					-1.93		-1.9	
5410	SCUTAD1033C08.g	<i>Leucine-rich repeat family protein</i>				1.86						
5411	SCUTAD1033C11.b *	<i>-NA-</i>		-2.54								
5412	SCUTAD1033G05.g	<i>Helix-loop-helix dna-binding domain containing expressed</i>							4.67		5.52	
5413	SCUTAD1034F10.g	<i>Betaine proline transporter</i>	-1.55		-1.75		-1.56		-3.01		-3.35	
5414	SCUTAD1034G02.g *	<i>Stress-related protein</i>		1.51					1.67		1.36	
5415	SCUTAM2005A03.g	<i>Tpa: bzip transcription factor superfamily protein</i>		1.53		1.29						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5416	SCUTAM2005A04.g	<i>Senescence-associated expressed</i>									-1.59	
5417	SCUTAM2005C10.g	<i>Isoform 1</i>			-1.2		-2.89					
5418	SCUTAM2006D09.g	<i>Seed specific protein bn15d17a</i>								1.27	1.29	
5419	SCUTAM2006E01.g *	<i>3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase 3</i>	2.61				2.35			-1.07		
5420	SCUTAM2008G07.b *	<i>-NA-</i>		-1.34								
5421	SCUTAM2009B05.g	<i>Nadp-dependent malic enzyme</i>	1.25		1.23		1.8		2.68		2.86	
5422	SCUTAM2009E01.g *	<i>Abscisic stress ripening</i>		1.34						-1.59		
5423	SCUTAM2010B06.g *	<i>Formin-like protein 16-like</i>			-1.31					-2.13	-2.21	
5424	SCUTAM2010B10.g	<i>Plasma membrane atpase 1-like</i>										
5425	SCUTAM2010D08.g	<i>Upf0426 protein chloroplastic-like</i>						-1.08				
5426	SCUTAM2010F11.g	<i>-NA-</i>			-2.01							
5427	SCUTAM2016G03.g	<i>Cbl-interacting serine threonine-protein kinase 11</i>			1.28		1.26					
5428	SCUTAM2085G12.g	<i>Nodulin-like protein</i>							-2.77		-2.07	
5429	SCUTAM2086B11.g *	<i>Jacalin-like lectin domain containing expressed</i>		-3.2						-3.03	-3.27	
5430	SCUTAM2087G05.g	<i>Grx-j1 - glutaredoxin subgroup iii</i>			-1.2						-1.38	
5431	SCUTAM2087G07.g	<i>Nuclease harbil1-like</i>								-1.07	-1.21	
5432	SCUTAM2088C05.g	<i>Senescence-associated expressed</i>									-1.89	
5433	SCUTAM2088D10.g	<i>Udp-glucuronic acid decarboxylase 1</i>	-1.58		-1.78		-1.4		-1.87		-2.11	
5434	SCUTAM2089C04.g	<i>-NA-</i>	2.09		1.97		1.5					
5435	SCUTAM2089C09.g *	<i>Probable protein phosphatase 2c 63-like</i>							-1.19			
5436	SCUTAM2089D10.g	<i>Dnaj-like protein</i>	2.46		2.46		4.34			-1.16		
5437	SCUTAM2090A12.g	<i>-NA-</i>			1.68					-1.73		
5438	SCUTAM2113A07.g	<i>Synaptic vesicle 2-related protein</i>							-2.26		-2.74	
5439	SCUTAM2115E01.g	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>	-1.47		-2.44							
5440	SCUTCL6034B01.g	<i>Asparagine synthetase</i>			1.77		1.14		-4.05		-3.1	
5441	SCUTCL6034F01.g *	<i>Mlo protein homolog 1-like</i>							-4.79			
5442	SCUTCL6035F07.g	<i>Seed maturation protein</i>	7.06		5.82		5.54					
5443	SCUTCL6035G07.g	<i>-NA-</i>	-1.04		-1.43		-1.77					
5444	SCUTCL6036F03.g	<i>Tpa: edm2-like family protein</i>			2.4		2.97					
5445	SCUTCL6037A04.g	<i>Peroxidase 2-like</i>							4.14		4.93	
5446	SCUTCL6037H01.g	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-800275</i>	6		6.63		5.73					
5447	SCUTFL1055E01.g	<i>Zinc finger c-x8-c-x5-c-x3-h type family protein</i>									1.43	
5448	SCUTFL1059E11.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g028390</i>							-2.04		-2.46	
5449	SCUTFL1060A02.b	<i>Multidomain cystatin</i>	1.2		1.14		1.07					
5450	SCUTFL1060G01.g	<i>Casp-like protein at3g53850-like</i>	-1.15		-1.38							
5451	SCUTFL1062G02.g	<i>Cytokinin-o-glucosyltransferase 1</i>							3.64		3.86	
5452	SCUTFL3070F10.b	<i>Mitochondrial aldehyde dehydrogenase</i>		-1.39					-2.14		-2.12	
5453	SCUTFL3072G07.g	<i>Protein kinase chloroplastic-like</i>									1.14	
5454	SCUTFL3074E04.g	<i>Jasmonate-induced protein</i>		1.75								
5455	SCUTFL3076A03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g023210</i>			-1.32		1.33		-1.06		-1.11	
5456	SCUTFL3076B11.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-04g036250</i>					2.21					

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5457	SCUTHR1063D09.g *	<i>Tpa: hlh dna-binding domain superfamily protein</i>		-2.38				-3.58				
5458	SCUTHR1063E10.g *	<i>Ytf521-b-like family expressed</i>				1.84		1.78		1.28		
5459	SCUTHR1063E12.g	<i>Peroxidase 4-like</i>								-1.79		-2.31
5460	SCUTHR1063G07.b	-NA-										-1.23
5461	SCUTHR1063H05.g	<i>Sugar transport protein 5</i>								-2.75		-3.4
5462	SCUTHR1064C08.g	<i>Drought and salt tolerance protein</i>				2.79						
5463	SCUTHR1065A04.g *	<i>Zinc finger family protein isoform 1</i>		2.09								
5464	SCUTHR1065B02.g	<i>G1-like2 protein</i>		2.62		1.79		1.8				
5465	SCUTHR1065B07.g	-NA-									1.51	
5466	SCUTHR1065H12.g	<i>Mitochondrial atp synthase 6 kda subunit</i>				-1.28						
5467	SCUTLR1015D04.g *	<i>At1g50630 f17j6-15</i>	1.37	2.51			1.72					-1.58
5468	SCUTLR1037A06.g	<i>Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein</i>										
5469	SCUTLR1037C03.g *	<i>Proactivator polypeptide-like 1-like</i>		-1.33								
5470	SCUTLR1037C04.g	<i>Uncharacterized loc101221043</i>										1.26
5471	SCUTLR1037C05.g	<i>Germnin-like protein 5-1-like</i>				-2.37				-2.16		-3.13
5472	SCUTLR1037D03.g	<i>Lstk-1-like kinase</i>				-2.86						
5473	SCUTLR1037E04.g *	<i>Cipk-like protein expressed</i>					1.81					
5474	SCUTLR1037E10.g	<i>Peptido methionine sulfoxide reductase chloroplastic-like</i>		1.51								
5475	SCUTLR1037E11.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g003230</i>								1.83		2.13
5476	SCUTLR1037F02.g *	<i>Thaumatin-like protein precursor</i>							1.37		1.31	
5477	SCUTLR1037F04.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase xb3-like</i>	1.34									
5478	SCUTLR1037G02.g	<i>Dna (cytosine-5)-methyltransferase 3-like</i>	-3.99			-3.27						
5479	SCUTLR1037G06.g	<i>Nucleotide-binding protein 1</i>								1.3		1.28
5480	SCUTLR1037G09.g *	<i>Beta-6 tubulin</i>	-1.31			-1.23	3.1			-1.26		-1.48
5481	SCUTLR1037G10.g *	<i>Glucose-6-phosphate 1- cytoplasmic isoform</i>	-1.01									
5482	SCUTLR1037G12.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g043430</i>			-1.22							1.12
5483	SCUTLR1058A12.g	<i>Cytochrome c1- heme mitochondrial-like</i>								-1.16		-1.25
5484	SCUTLR1058B02.g	<i>S-adenosylmethionine synthetase 1</i>			1.18		1.12					
5485	SCUTLR1058C02.g *	<i>Gdp-l-galactose phosphorylase 2-like</i>	1.55		1.38					-1.85	1.01	-2.16
5486	SCUTLR1058C04.g	<i>Erect panicle 2 partial</i>				-2.02						
5487	SCUTLR1058C12.g	<i>Dead-box atp-dependent rna helicase chloroplastic</i>									-1.01	
5488	SCUTLR1058E10.g *	<i>Amp-binding protein</i>	-1.05									-2.06
5489	SCUTLR1058F01.g	<i>Phospholipid-transporting atpase 9-like</i>		-1.68		-1.6						
5490	SCUTLR1058H10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g004445</i>			2.36							
5491	SCUTLR2008A01.g	<i>Wound induced protein</i>				-1.9				1.23		1.49
5492	SCUTLR2008A12.g *	-NA-							2.88			
5493	SCUTLR2008B01.g	<i>Ribosome-inactivating protein</i>				1.68						
5494	SCUTLR2008B04.g	<i>3-oxoacyl-synthase i</i>	-1.67			-2.17		-1.93		-1.71		-1.67
5495	SCUTLR2008B12.g	<i>Hypothetical protein</i>			1.13	-1.48		-1.06		-1.63		-1.95

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5496	SCUTLR2008C07.g	<i>Ein3-binding f-box protein 1</i>								2.23	2.41	
5497	SCUTLR2008C10.g	<i>Iron-sulfur cluster assembly protein 1-like</i>		1.17		1.29		1.21		-1.66	-1.35	
5498	SCUTLR2008E01.g *	-NA-		1.31								
5499	SCUTLR2008G03.g	<i>Histone h2a</i>		-1.8		-3.02						
5500	SCUTLR2008G11.g *	<i>Uncharacterized membrane</i>	1.63					1.49				
5501	SCUTLR2008H04.g *	<i>Histone h3</i>		1.02				1.04				
5502	SCUTLR2008H10.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g001890</i>	2.96	1.18				3.6				
5503	SCUTLR2008H11.g	<i>Wound induced protein</i>							1.47	1.72		
5504	SCUTLR2015A04.g	<i>Chaperone protein dnaj</i>		-1.17								
5505	SCUTLR2015A11.g	<i>Cold acclimation protein cor413-pm1</i>	2.15	1.5	2.25	1.39	2.02	1.38				
5506	SCUTLR2015B04.g	-NA-		-2.72		-2.52				-2.17	-1.76	
5507	SCUTLR2015C10.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g035960</i>	-1.39					1.16				
5508	SCUTLR2015D05.g	<i>Probable udp-n-acetylglucosamine-peptide n-acetylglucosaminyltransferase sec-like</i>										
5509	SCUTLR2015F01.g	-NA-					-2.88					
5510	SCUTLR2015F07.g *	<i>Chaperone protein dnaj</i>	1.67	2.4				1.67		2.23	2.72	
5511	SCUTLR2015G05.g *	-NA-					1.66					
5512	SCUTLR2023A09.g	<i>Cortical cell-delineating protein precursor</i>							3.66	4.26		
5513	SCUTLR2023B03.g	<i>Allantoate amidohydrolase</i>							1.15	1.5		
5514	SCUTLR2023C07.g *	<i>Partial</i>	1.27	1.16				1.56				
5515	SCUTLR2023D06.g	<i>Nuclear transcription factor y subunit a-6-like isoform x4</i>							1.06			
5516	SCUTLR2023D11.g	<i>Aldehyde dehydrogenase family 7 member a1</i>	1.06		1.8	1.69		1.03			-1.23	
5517	SCUTLR2023G02.g *	<i>Wrky dna-binding domain superfamily protein</i>							2.23			
5518	SCUTLR2023G07.g	-NA-		4.06	1.15	4.45		2.98			1.9	
5519	SCUTLR2023G10.g *	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101772317 isoform X1</i>	1.25									
5520	SCUTLR2030A07.g	<i>Are1-like protein</i>			1.51	1.43						
5521	SCUTLR2030B03.g *	<i>Lipoxygenase</i>		-2.21		-2.02		-1.82				
5522	SCUTLR2030B08.g *	<i>Dna binding like</i>		-1.22		-3.85		-4.16		-2.02	-2.31	
5523	SCUTLR2030B11.g *	<i>Hsf-type dna-binding domain containing expressed</i>			1.87		1.91					
5524	SCUTLR2030E05.g	<i>Cytochrome c oxidase polypeptide vc</i>				-1.21						
5525	SCUTLR2030E06.g	<i>Alpha-glucan h isozyme</i>			-1.08		-1.45					
5526	SCUTLR2030G02.g	<i>Endo- -beta-glucanase</i>		-1.41				-1.21		-1.09		
5527	SCUTRZ2008E06.b	<i>Phytosulfokines 2 precursor</i>		2.66		2.28		2.17				
5528	SCUTRZ2008E06.g	<i>Phytosulfokines 5 precursor</i>		2.56		2.1		2.4				
5529	SCUTRZ2008G09.g *	<i>Citrate-binding</i>		-2.79								
5530	SCUTRZ2022D01.g *	<i>Protein spiral1-like 2-like isoform x2</i>						-1.91		-1.58	-2.33	
5531	SCUTRZ2022G04.g	<i>Heat shock protein 90</i>					1.83					
5532	SCUTRZ2023G10.g	<i>Ac027037-5 hypersensitive reaction and pathogenicity protein</i>			-4.28							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5533	SCUTRZ2024A07.g	Uncharacterized loc101207897	1.46		2.12		2				-1.7	-1.6
5534	SCUTRZ2024C09.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g009080										
5535	SCUTRZ3069A01.g	Loricrin-like protein			1.92	1.52			1.25			
5536	SCUTRZ3069A10.g *	Ramosa 1 enhancer locus 2		-2.79								
5537	SCUTRZ3070F02.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g031530					-2.52		-2.39			
5538	SCUTRZ3070F03.g	-NA-					-1.98		-2.06			
5539	SCUTRZ3070G12.g	Mitogen-activated protein kinase kinase 5-like		-1.38			-1.81		-1.37		-1.26	-1.95
5540	SCUTRZ3071D05.g	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase					-1.59		-1.21			-1.87
5541	SCUTRZ3071H01.g	Dead-box atp-dependent rna helicase									-1.07	
		chloroplastic-like										
5542	SCUTRZ3072C12.g *	Uncharacterized protein loc101785731		-1.55							1.3	
5543	SCUTRZ3072F07.g	Ring-h2 zinc finger protein					-1.6				-1.25	
5544	SCUTRZ3073E03.g	Tpa: bzip transcription factor superfamily protein										-2.95
5545	SCUTRZ3073E06.g	Transposon en spm sub-class					-4.17					
5546	SCUTRZ3102A03.g	Bon1-associated protein 2-like					-3					
5547	SCUTRZ3102A06.g	Beta- glucanase precursor									-1.7	
5548	SCUTRZ3102B05.g	-NA-								3.09	2.95	
5549	SCUTRZ3102D01.g	-NA-					-3.04					
5550	SCUTRZ3103D03.g	Calcium-dependent protein kinase cpk1 adapter protein 2-like									2.31	
5551	SCUTRZ3103D10.g	Vacuolar amino acid transporter 1-like					-4.42		-4.41		-2.06	-3.08
5552	SCUTRZ3104D04.g	Legumin-like protein	1.13		1.06		1.21					
5553	SCUTRZ3104F08.g	Tpa: phototropic-responsive nph3 family protein	3.35		3.22		2.32					
5554	SCUTRZ3105D10.g	Trehalose-phosphate phosphatase	-4.8		-2.97		-2.73					
5555	SCUTRZ3105F03.g	Hypothetical protein ZEAMMB73-595251 [Zea mays]			-2.13					-1.51	-1.74	
5556	SCUTRZ3105G12.g	Probable rhamnose biosynthetic enzyme 1-like									-1.92	
5557	SCUTRZ3106F01.g *	-NA-		-2.57						-2.44		
5558	SCUTSB1031D05.g *	-NA-								2.38		
5559	SCUTSB1032A10.g	Prolyl 4-hydroxylase 5-1								1.86	2.1	
5560	SCUTSB1073G06.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g046263									1.66	
5561	SCUTSB1075E07.g	Indole-3-acetaldehyde oxidase-like								-2.62	-2.61	
5562	SCUTSB1076F05.g	Uncharacterized protein loc101785731		-1.47		-1.28			1.16		1.11	
5563	SCUTSD1024C08.g *	Phosphoesterase family protein								-1.38		
5564	SCUTSD1024G09.g	Metallothionein-like protein 4b-like			3.6				-1.76			
5565	SCUTSD1026H02.g *	-NA-						-4.9				
5566	SCUTSD1027H01.g	Ectonucleotide pyrophosphatase phosphodiesterase family member 3								1.5	1.4	
5567	SCUTSD1028B10.g *	Cationic amino acid transporter 1-like		-1.37						-1.57	-2.06	
5568	SCUTSD1028D09.g *	Elicitor-inducible cytochrome p450			-2					-1.66		
5569	SCUTSD1028G04.b	Sigma factor sigb regulation protein rsbq									1.18	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5570	SCUTSD1028G04.g	<i>Alpha beta fold family protein</i>									1.02	
5571	SCUTSD1028H07.g	<i>Cytochrome b561</i>	-1.14									
5572	SCUTSD1086G04.g	<i>Homeobox-leucine zipper protein athb-6</i>	5.81	2.89	6.41	2.37	6.11	2.33	-3.07		-4.19	
5573	SCUTSD1088G11.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-0016s002650</i>		2.79				1.91				
5574	SCUTSD2024A12.b *	<i>T02955probable cytochrome p450 monooxygenase - maize</i>		3.31				2.59				
5575	SCUTSD2024C09.g *	<i>-NA-</i>		2.26				2.6	-1.46			
5576	SCUTSD2025C12.g	<i>Stress responsive protein</i>		1.79		1.74		1.93		1.15		
5577	SCUTSD2025G03.g *	<i>Polyprotein</i>										
5578	SCUTSD2025H07.g	<i>Peptide transporter ptr5</i>				1.04						
5579	SCUTSD2027A05.g	<i>-NA-</i>	2.01		2.04		1.78					
5580	SCUTSD2028D10.b	<i>Bowman-birk type wound-induced proteinase inhibitor wip1 precursor</i>		4.31		3.7						
5581	SCUTSD2084G01.g	<i>Sugar transport protein 5-like</i>							-2.5		-2.98	
5582	SCUTSD2084H10.g *	<i>Late embryogenesis abundant group 6</i>						4.95				
5583	SCUTSD2085G11.g	<i>-NA-</i>								1.84		
5584	SCUTSD2086A09.b	<i>Tpa: myb dna-binding domain superfamily protein</i>							2.25		2.37	
5585	SCUTSD2086C12.g *	<i>Nitrate transporter</i>							-1.49		-2.27	
5586	SCUTSD2087C05.g	<i>Maize proteininase inhibitor</i>								2.51		
5587	SCUTSD2087F12.g *	<i>-NA-</i>						-1.15	-2.23		-2.11	
5588	SCUTST3084B04.g	<i>Heat shock factor protein hsf24-like</i>								-1.13		
5589	SCUTST3084C11.g *	<i>Tpa: laccase family protein</i>	5.3	-2.74		-2.4	6		-3.12		-3.51	
5590	SCUTST3084F06.g	<i>Hydrophobic protein lti6a</i>				-1.5		-1.12				
5591	SCUTST3084G03.g	<i>-NA-</i>		1.8		1.54		1.61	1.51		1.37	
5592	SCUTST3085E04.g	<i>Bidirectional sugar transporter sweet16-like</i>		2.77		3.05						
5593	SCUTST3086D12.g	<i>Ap2 erebp transcription factor superfamily protein isoform 1</i>						1.17				
5594	SCUTST3086G11.g	<i>Chlorophyll a-b binding protein</i>								3.12		
5595	SCUTST3087D11.g	<i>Cytochrome b-c1 complex subunit mitochondrial-like</i>							-1.12		-1.07	
5596	SCUTST3087E03.g	<i>Transcription factor myb1r1-like</i>	2.47		2.26	1.28						
5597	SCUTST3087F08.g	<i>Beta- partial</i>				-1.86		-1.74	-2.02		-2.46	
5598	SCUTST3087G12.g	<i>Cytochrome b5</i>							-1.29		-1.18	
5599	SCUTST3087H08.g	<i>Glycosyltransferase ago61</i>								2.77		
5600	SCUTST3088D09.g	<i>Aluminum induced protein with ygl and lrdr motif</i>							2.84		2.64	
5601	SCUTST3089A01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g043430</i>				-1.64						
5602	SCUTST3089H07.g	<i>Uncharacterized loc101211866</i>							-1.13			
5603	SCUTST3090A10.g *	<i>Glucose-6-phosphate 1-epimerase-like</i>	-1.07									
5604	SCUTST3092A01.g	<i>Probable glucuronosyltransferase os01g0926700-like</i>							-3.68		-4.05	
5605	SCUTST3092C03.g	<i>Anthraniolate n-benzoyltransferase protein 1</i>				-1.7		-1.49	-1.4		-1.61	
5606	SCUTST3092C08.g	<i>Phosphoserine chloroplastic-like</i>							2.23		2.37	
5607	SCUTST3092C10.g	<i>Ankyrin repeat domain-containing protein 2-like</i>	1.75		1.58							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5608	SCUTST3092G01.g	<i>Plant-specific domain tigr01570 family protein</i>			-2.27							
5609	SCUTST3092G12.g	-NA-			4.61							
5610	SCUTST3128B03.g *	<i>Harpin binding protein 1</i>					1.6					
5611	SCUTST3128D05.g	<i>Potassium transporter 18-like</i>				1.72						
5612	SCUTST3129E01.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-01g000365</i>							-1.85		-2.05	
5613	SCUTST3129H10.g	<i>Plastidic phosphate translocator-like protein 1</i>								-1.43		
5614	SCUTST3131G03.g *	<i>Phospholipid transfer protein 1</i>					1.39					
5615	SCUTST3152B04.g	<i>Alpha -glycosyltransferase-like protein</i>							-1.49		-1.68	
5616	SCUTST3152F08.g *	<i>Blue copper</i>	5.89			-2.01	5.61		-3.51		-3.41	
5617	SCVPAM1055G01.g *	<i>D-3-phosphoglycerate chloroplastic-like</i>		-1.46					-1.37		-1.95	
5618	SCVPAM1055G03.g *	<i>Aquaporin tip4-1</i>	-2.96		-1.7		-1.49		-2.43		-2.3	
5619	SCVPAM1055H08.g	-NA-	2.75		2.26	-1.73	4.13		-1.53		-2.15	
5620	SCVPAM1056A11.g	<i>Protein translation factor sui1</i>							1.33		1.4	
5621	SCVPAM1056H10.g	<i>Ethylene-responsive element binding protein 2</i>							2.57		1.95	
5622	SCVPAM1057B08.g	<i>Nodulin-like protein 5ng4</i>		-1.39		-2.29			-1.79		-1.81	
5623	SCVPAM1057C12.g *	<i>Formamidase -like isoform x2</i>	-2.05				-2.05		-1.18	-1.74	-2.04	
5624	SCVPAM1057F01.g	<i>Ribosomal protein l35a</i>				-1.36				-1.43	-1.34	
5625	SCVPAM1058D10.g	-NA-	-1.81		-1.63		-1.36					
5626	SCVPAM2063A02.g *	<i>Glucose-6-phosphate phosphate translocator chloroplastic-like</i>			-1.09		-1.52					
5627	SCVPAM2064B04.g	<i>Receptor-like protein kinase feronia-like</i>									-1.25	
5628	SCVPAM2066G11.g *	<i>Gdp-mannose transporter gonst4-like</i>		-4.47								
5629	SCVPAM2068G07.g *	<i>Phospholipase a1</i>					1.93					
5630	SCVPAM2069H03.g	<i>Ferredoxin-thioredoxin variable chain</i>				1.05						
5631	SCVPCL6038C12.g	<i>Uncharacterized loc101203670</i>	2.13		2.22		1.84		1.17			
5632	SCVPCL6038D08.g	<i>Cytochrome p450 734a6-like</i>		-1.26	-3.36	-2.98		-3.41				
5633	SCVPCL6038G12.g	<i>Hsp70-binding protein 1-like</i>		1.89		2.17						
5634	SCVPCL6039D09.g *	<i>Chloride channel</i>	2.03		1.94		2.21	1.27				
5635	SCVPCL6040D04.g	<i>Sugar carrier protein c</i>				-1.38			-2.63		-2.57	
5636	SCVPCL6041B08.g	<i>Nuclear factor 1 a-type isoform 2</i>									1.03	
5637	SCVPCL6041C04.g *	<i>Plasma membrane h+-atpase</i>		-1.04						1.42		
5638	SCVPCL6041C06.g	<i>Adagio expressed</i>				1.59				1.42	1.61	
5639	SCVPCL6041E07.g *	<i>Cytochrome p450 98a1-like</i>		-1.2		-1.21						
5640	SCVPCL6041F07.g	<i>Uncharacterized membrane protein at1g06890-like</i>				-2.02		-1.95				
5641	SCVPCL6042B11.g	<i>Mitogen-activated protein kinase</i>									-1.24	
5642	SCVPCL6042C08.g	<i>1-deoxy-d-xylulose 5-phosphate reductoisomerase</i>							-2.5		-2.46	
5643	SCVPCL6042D02.g *	<i>Dnaj homolog subfamily b member 4-like</i>	2.73	1.14	2.66		3.45	1.24				
5644	SCVPCL6042F02.g *	<i>Protein binding protein</i>		-1.24								
5645	SCVPCL6042G06.g	<i>Plasma membrane associated protein</i>		6		6.51		5.73				
5646	SCVPCL6044E08.g *	<i>Hypothetical protein ZEAMMB73-448990</i>					1.58			7.97		7.07
5647	SCVPCL6044H02.g	<i>Probable cysteine desulfurase-like</i>										

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5648	SCVPCL6046A02.g	<i>Heat shock protein sti-like</i>	2.23	1.88	2.44	1.92			1.27			
5649	SCVPCL6046A06.g	<i>Seed maturation protein pm41</i>	5.81		6		6.31					
5650	SCVPCL6046D06.g	<i>Copper-transporting atpase ran1-like isoform 3</i>		-1.68		-1.4			-1.43			
5651	SCVPCL6061A09.g	<i>Lob domain-containing protein 37-like</i>		2.27		1.83				-2.11		
5652	SCVPCL6061D02.g *	<i>Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase chloroplastic-like</i>		-1.83				-1.38		-1.07		
5653	SCVPCL6061E12.g	<i>Late embryogenesis abundant protein lea14-a-like</i>		7		6.25		4.45				
5654	SCVPCL6062G09.g	-NA-				-1.47						
5655	SCVPCL6063A03.g *	<i>Auxin response factor 4</i>	1.38									
5656	SCVPCL6063D02.g	<i>Atp gtp-binding protein</i>							1.96		2.73	
5657	SCVPCL6063E09.g	<i>Transcription activator-related protein</i>		6.14		6.32		5.71				
5658	SCVPCL6064B03.g	<i>Sister of ramosa partial</i>	4.05		3.34							
5659	SCVPCL6064C01.g	<i>Cinnamoyl reductase</i>							7.59		7.35	
5660	SCVPFL1066B10.g	<i>Pvr3-like protein</i>		-4.24		-4.49		-3.88				
5661	SCVPFL1067D03.g	<i>Os05g0188100</i>							1.47		1.29	
5662	SCVPFL1070B11.g	<i>R3h domain containing protein</i>									1.67	
5663	SCVPFL1133C03.b	<i>Tpa: calcium-dependent protein kinase family protein</i>				-2.01						
5664	SCVPFL1133E03.b *	<i>Rapid alkalinization factor 1 precursor</i>						-2.43				
5665	SCVPFL1133H05.g *	<i>Non-lysosomal glucosylceramidase-like</i>	2.29		1.74		2.14		1.14			
5666	SCVPFL1135B01.g	<i>Psbb mrna maturation factor chloroplastic-like</i>										
5667	SCVPFL1137C06.g	<i>Ser thr-rich protein t10 in dgcr region</i>							4.41		4.45	
5668	SCVPFL1138B04.g	<i>4-coumarate: ligase isoform 2</i>		-1.28		-1.49		-2.09		-1.43		
5669	SCVPFL1140A06.g *	<i>Dof zinc finger</i>	3.26			4.23		1.46		2.48		
5670	SCVPFL3040H07.g	<i>Late embryogenesis abundant group 2 isoform 1</i>	1.9		2.02							
5671	SCVPFL3044F05.g	<i>Tpa: cinnamyl-alcohol dehydrogenase family protein</i>			-1.36		-1.32					
5672	SCVPFL3045B09.g *	<i>Metallothionein-like protein type 2</i>		3.57		3.74	1.55	2.52				
5673	SCVPFL3045D02.g	<i>Uncharacterized protein loc100276262</i>				-1.22			1.83		2.1	
5674	SCVPFL3045D08.g	<i>Truncated hemoglobin</i>							1.45		1.67	
5675	SCVPFL3045E03.g	<i>Cationic amino acid transporter 3 family protein</i>									1.41	
5676	SCVPFL3045G04.g	<i>Vacuolar processing enzyme 4</i>							-1.88		-2.15	
5677	SCVPFL3046C06.b	<i>Protein phosphatase 2c family protein</i>	4.75	4.8	4.01	4.21	4.25	4.52				
5678	SCVPFL3047B02.b	-NA-							-1.2		-1.31	
5679	SCVPFL3047B03.g	<i>Tpa: rna binding protein</i>						-1.06				
5680	SCVPHR1089G02.g *	<i>Calmodulin-binding transcription activator 3-like isoform x2</i>		-2.46								
5681	SCVPHR1090F10.g	<i>Hydrophobic protein lti6b</i>				-1.6					-2.08	
5682	SCVPHR1091E06.g	<i>Gdp-fucose protein-o-fucosyltransferase 2</i>									-2.1	
5683	SCVPHR1091H08.g	<i>Enolase</i>				-1.34			2.34		2.27	
5684	SCVPHR1092E06.g *	<i>Mixed-linked glucan synthase 2</i>		-1.91					2.08		1.8	
5685	SCVPHR1094C05.g	<i>Adenine guanine permease arg2-like</i>							-2.23		-2.1	
5686	SCVPHR1094H06.g *	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-02g038810</i>		-1.02		-1.49	-1.69	-1.03				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5687	SCVPHR1095E09.g *	33-kDa secretory protein		2.03								
5688	SCVPHR1095G12.g	Vacuolar protein sorting-associated protein 62-like				-3.19			-2.9			
5689	SCVPLB1015A04.g	Probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g67720-like				1.46						
5690	SCVPLB1015B02.g	Bhlh transcription factor-like protein									1.62	1.68
5691	SCVPLB1015F06.g	Chloride channel	2.03		1.84	1.31	2.17	1.27			-1.05	-1.21
5692	SCVPLB1015F12.g	Probable 4-coumarate-ligase 3-like				-1.43			-1.08			-1.58
5693	SCVPLB1016A04.g	Amp dependent		-3.56		-2.59						
5694	SCVPLB1016B08.g *	Histone h3							-1.81			
5695	SCVPLB1016C05.g *	Dna-binding wrky		1.07								
5696	SCVPLB1016H11.g	Tpa: heparanase-like protein 2			2.08	1.7						-1.71
5697	SCVPLB1017C02.g	Inhibitor of apoptosis-like protein										
5698	SCVPLB1017D07.g	Dna-binding protein phosphatase 2c	-1.43		-1.3			-1.4				
5699	SCVPLB1017E07.g *	Bifunctional 3-dehydroquinate dehydratase shikimate chloroplastic-like		-1.51						-1.66		-1.63
5700	SCVPLB1017E09.g	Protoporphyrinogen chloroplastic mitochondrial-like								2.56		2.88
5701	SCVPLB1017G09.g *	Cbl-interacting protein kinase 17		-2.72								
5702	SCVPLB1018G04.g	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone mitochondrial-like				1.76						
5703	SCVPLB1018G11.g	Aba responsive element binding factor 1		2.48		2.5		2.87				
5704	SCVPLB1018H01.g	Microtubule-associated protein map65-1a		5.64		5.38		3.89			-1.34	
5705	SCVPLB1019G01.g	Udp-glucose 4-epimerase gepi48-like			2.02	2.15	1.62	1.84				
5706	SCVPLB1020A05.g	-NA-								2.66		3.77
5707	SCVPLB1020B01.g	-NA-			2.05						2.79	
5708	SCVPLB1020B12.g	-NA-									2.79	2.85
5709	SCVPLB1020C06.g	Ethylene-responsive transcription factor 1-like										1.19
5710	SCVPLB1020E05.g	Isoflavone reductase homolog irl-like					-1.46	1.71			-1.41	-1.63
5711	SCVPLB1020F12.g	60s ribosomal protein l18a-like		1.3		1.29		1.23				
5712	SCVPLB1020G05.g *	Tpa: alpha-l-arabinofuranosidase family protein		-2.32								
5713	SCVPLB2087A07.g	Kinase-like protein				3.1						
5714	SCVPLB2087G09.g *	Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g025710	6.5	7.43		6.08		5.37				
5715	SCVPLR1006E03.g	Guanilate kinase				-2.06						
5716	SCVPLR1006F05.g *	-NA-					-1.65					
5717	SCVPLR1028D03.g *	Staphylococcal nuclease domain-containing protein 1-like		-1.19								
5718	SCVPLR1028E11.g	F-box protein pp2-a13-like			1.17		1.2				1.12	
5719	SCVPLR1028G03.g	Probable cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase logl8-like	1.58			-1.94	1.6			-2.4		-2.64
5720	SCVPLR1028G07.g	Uncharacterized endoplasmic reticulum membrane									-2.32	-2.42
5721	SCVPLR1049B12.g	Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g023410				-1.58						
5722	SCVPLR1049C05.g	Histone		-3.55		-3.08						

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5723	SCVPLR1049D04.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1 precursor</i>									-1.23	
5724	SCVPLR1049D05.g	<i>Tubulin beta-3 chain-like</i>									-1.26	
5725	SCVPLR1049F12.g	<i>Tpa: cytochrome p450 superfamily protein</i>	-2.07		-3.17		-1.98					
5726	SCVPLR1049H03.g	<i>60s acidic ribosomal protein p2b</i>		1.36	1	1.28						
5727	SCVPLR2005A03.g	-NA-		5.1	4.32	4.58	4.43	4.16	3.61			
5728	SCVPLR2005B09.g *	-NA-		1.07							1.34	
5729	SCVPLR2005C05.g	<i>Electron carrier electron transporter iron ion binding protein</i>	2.02		1.7		2.09					
5730	SCVPLR2005C10.g *	<i>Senescence-associated protein dh</i>		1.24	-1.51							
5731	SCVPLR2005F03.g	<i>Photosystem i p700 apoprotein partial</i>			-1.1	-1.07					1.09	
5732	SCVPLR2005F12.g	<i>60s ribosomal protein l35</i>									-1.4	
5733	SCVPLR2005H03.g	<i>Iaa13 - auxin-responsive aux iaa family member</i>	-1.47	-2.29	-1.42	-2.61	-2.25	-1.94				
5734	SCVPLR2005H09.g	<i>Beta-ketoacyl-acp synthase</i>									-1.96	
5735	SCVPLR2005H11.g *	<i>Udp-galactose udp-glucose transporter 3-like</i>		-1.06								
5736	SCVPLR2005H12.g	<i>Tpa: ring zinc finger domain superfamily protein</i>		2.09		1.65						
5737	SCVPLR2012A09.g *	-NA-						4.66				
5738	SCVPLR2012A10.g	<i>1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase</i>		2.1		1.81						
5739	SCVPLR2012C01.g *	-NA-	-2.07				-2.75					
5740	SCVPLR2012C10.g	<i>Ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda-like</i>	1.73		1.79	-1.04	2.16	-1.38			-1.11	
5741	SCVPLR2012C11.g	<i>Mfp1 attachment factor 1</i>								-1.25	-1.8	
5742	SCVPLR2012D03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g031010</i>									-1.1	
5743	SCVPLR2012D09.g	<i>R40c1 protein - rice</i>	2.34	2.24	1.99	1.84	1.89	1.52		-1.32	-1.56	
5744	SCVPLR2012E08.g	<i>Seed maturation protein pm41</i>		6.47		4.89		5.13				
5745	SCVPLR2012E11.g	-NA-	3.8		3.76	3.57	4.17	2.06				
5746	SCVPLR2012F07.g *	<i>Peptide transporter ptr2-like</i>								-1.36		
5747	SCVPLR2012F11.g	<i>Atp-citrate synthase</i>		-1.23		-1.16						
5748	SCVPLR2012G12.g *	<i>Symbiosis-related protein</i>	1.07				1.53					
5749	SCVPLR2012H07.g *	<i>Soluble inorganic pyrophosphatase</i>					-1.01					
5750	SCVPLR2012H12.g	<i>Glutathione s-transferase chloroplastic-like</i>		-2.6		-1.71						
5751	SCVPLR2019B03.g *	<i>Floral organ regulator partial</i>			3.13			1.31			-1.18	
5752	SCVPLR2019D04.g	<i>Iaa15 - auxin-responsive aux iaa family member</i>								1.28	1.06	
5753	SCVPLR2019D09.g	<i>Cytochrome c oxidase polypeptide vib</i>				-1.05						
5754	SCVPLR2019E06.g	<i>Plastidic atp adp transporter</i>		2.08		1.83					-1.05	
5755	SCVPLR2019E11.g	<i>Signal peptide peptidase-like 2b</i>								1.14		
5756	SCVPLR2019G03.g	<i>Unknown</i>			-1.38							
5757	SCVPLR2019G05.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g025410</i>	-1.15	1.56	-1.33						-1.4	
5758	SCVPLR2019H02.g *	<i>Vacuolar h+-translocating inorganic pyrophosphatase</i>									-1.67	
5759	SCVPLR2019H07.g	<i>Uncharacterized loc101222738</i>		2.07		1.54		1.25		1.95	2.2	
5760	SCVPLR2027A06.g *	<i>Gda2 protein</i>					1.5				-1.83	
5761	SCVPLR2027A11.g *	<i>Auxin-induced in root cultures protein 12-like</i>									-1.71	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5762	SCVPLR2027B12.g *	6-phosphofructokinase 3-like					1.38					
5763	SCVPLR2027D02.g	Chalcone synthase	-1.15	1.22	-1.04				-1.76		-2.05	
5764	SCVPLR2027D09.g	Zinc-binding family protein		-1.61			-1.51					
5765	SCVPLR2027D12.g	Histone h3									1.04	
5766	SCVPLR2027F02.g	Tpa: ap2 erebp transcription factor superfamily protein	1.81	1.15	1.02		1.99					
5767	SCVPLR2027G04.g *	M48 containing peptidase family					2.01					
5768	SCVPLR2027H05.g	Hypothetical protein			4.11		4.39					
5769	SCVPLR2027H12.g *	Web family protein chloroplastic-like isoform x2					4.04					
5770	SCVPRT2073A02.g	Lysosomal beta glucosidase			1.38							
5771	SCVPRT2073A08.g	Putative protein of unknown function (DUF594) domain family protein	2.06		2.53		1.86					
5772	SCVPRT2073A12.g	Uncharacterized protein loc100277496		-1.23							1.31	
5773	SCVPRT2073B04.g	Thaumatin-like protein	-1.63	-2.34	-2.09	-2.09	-2.01	-1.85		-1.44		
5774	SCVPRT2073B08.g	Pathogenesis-related maize seed protein		2.26	1.89		1.59					
5775	SCVPRT2073C10.g	Win1 precursor		2.32	2.23							
5776	SCVPRT2073E09.g	Nodule-specific protein		2.67	2.22		2.25					
5777	SCVPRT2073F02.g	Ap2 domain transcription factor erebp							5.38		5.74	
5778	SCVPRT2073F03.g	Gata zinc finger domain-containing protein 10		2.3								
5779	SCVPRT2073F07.g	Glycosyltransferase ago61					-1.59				-2.8	
5780	SCVPRT2073F12.g *	Chaperone protein chloroplastic-like										
5781	SCVPRT2073H07.g	Caffeoyl- 3-o-methyltransferase 1			-1.5				-1.54		-2.1	
5782	SCVPRT2074C02.g *	Gdp-mannose pyrophosphorylase	2.51					1.6		1.52		
5783	SCVPRT2074E05.g	Probable aldo-keto reductase 2-like			-1.58							
5784	SCVPRT2074F04.g *	Glucan endo- -beta-glucosidase 7 precursor	1.39									
5785	SCVPRT2074G12.g	Peroxidase 47-like			-1.3							
5786	SCVPRT2074H01.g *	E3 ubiquitin-protein ligase el5-like							3.29			
5787	SCVPRT2075A03.g	Long chain acyl- synthetase chloroplastic-like			-2.89							
5788	SCVPRT2075A12.g	Calcium-dependent protein kinase 10-like							-1.41		-1.97	
5789	SCVPRT2075C09.g	Cytosolic orthophosphate dikinase		-2.83	-3.23	-1.86		2.13		2.22		
5790	SCVPRT2075C10.g	Rpm1-interacting protein 4-like			-2.06	-2.26					-2.29	
5791	SCVPRT2075E11.g	Cellulose synthase a1b		-4.56	-2.42	-1.84		-2.04		-1.41		
5792	SCVPRT2075F01.g *	Rna-binding protein				1.75						
5793	SCVPRT2075F07.g	Glutamate decarboxylase 1-like						2.28		2.29		
5794	SCVPRT2075F10.g	Pap-specific phosphatase hal2-like		-1.3		-1.58				-1.34		
5795	SCVPRT2075G12.g *	Glutamine synthetase						-1.57				
5796	SCVPRT2076A04.g	Abc transporter ffamily member 4-like			1.12							
5797	SCVPRT2076C02.g	Isovaleryl- dehydrogenase			1.39							
5798	SCVPRT2076C03.g	Peroxisomal membrane protein pmp22-like			-2.15				-2.23		-2.91	
5799	SCVPRT2076E01.g	Cop1-interacting protein 7 -like protein										
5800	SCVPRT2076E10.g	Ethylene-responsive transcription factor						1.15				

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5801	SCVPRT2076H07.g *	<i>Protein</i>						1.84				
5802	SCVPRT2077B02.g	<i>Beta-expansin 4 precursor</i>		-4.97		-3.92				-2.36		-3.21
5803	SCVPRT2077D10.g *	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1-like</i>								2.19		
5804	SCVPRT2077G01.g	<i>Salt gene product</i>								8.85		8.93
5805	SCVPRT2078B06.g	<i>Cinnamoyl reductase</i>			-2.35		-2.29			-2.78		-3.9
5806	SCVPRT2078B07.g	<i>Uncharacterized membrane protein at1g06890-like</i>										-1.14
5807	SCVPRT2078B09.g	<i>Delta-7-sterol-c5</i>					-1.5			1.8		2.36
5808	SCVPRT2078C10.g	<i>Amino acid permease 3-like</i>		1.54		1.36		1.09				
5809	SCVPRT2078D02.g *	<i>Chaperonin cpn60- mitochondrial-like</i>		-1.97						-1.17		-1.23
5810	SCVPRT2078D10.g *	<i>-NA-</i>					3.17					
5811	SCVPRT2078E02.g	<i>Cytokinin-n-glucosyltransferase 1</i>										2.54
5812	SCVPRT2079B04.g	<i>Trans-cinnamate 4-monooxygenase</i>		-1.59		-2.76		-1.9		1.59		1.52
5813	SCVPRT2079B09.g	<i>Glutathione s- -like protein</i>				1.57						
5814	SCVPRT2079C01.g *	<i>-NA-</i>				-1.6		-1.65		1.36		
5815	SCVPRT2079E03.g	<i>C-terminal processing chloroplastic-like</i>	1.71		2.19		1.78					1.24
5816	SCVPRT2079E05.g	<i>Protein phosphatase 1 regulatory subunit 15a-like</i>										
5817	SCVPRT2079F09.g	<i>Senescence-associated family protein</i>			-1.9							
5818	SCVPRT2079G05.g	<i>Glutathione s-transferase gstu6</i>										2.82
5819	SCVPRT2079H06.g *	<i>Glucose-6-phosphate 1- cytoplasmic isoform</i>		-1.48				-1.28				
5820	SCVPRT2080B02.g	<i>-NA-</i>		-2.37		-2.76		-2.39				
5821	SCVPRT2080C08.g	<i>Asparagine synthetase</i>		4.32		4.75		3.7		-1.66		-1.6
5822	SCVPRT2080D10.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase</i>				1.24		1.39				-1.84
5823	SCVPRT2080F07.g	<i>Zinc finger protein zat12-like</i>				1.39						
5824	SCVPRT2080G01.g	<i>Nephrocystin-3-like</i>										-1.18
5825	SCVPRT2080G06.g *	<i>Nucleoside transporter</i>		-1.29	-1.51							
5826	SCVPRT2080G12.g *	<i>Aspartic-type endopeptidase pepsin a</i>			1.6		1.56					
5827	SCVPRT2080H05.g	<i>Bowman-birk type trypsin inhibitor</i>										-1.45
5828	SCVPRT2081D05.g *	<i>Abc transporter c family member 4-like</i>		-2.48								
5829	SCVPRT2081D11.g	<i>Flavoprotein wrba</i>		-1.83		-1.35				-1.61		-1.76
5830	SCVPRT2081E09.g	<i>Endo- -beta-glucanase 2-like</i>				-1.07				-1.25		-1.1
5831	SCVPRT2082B06.g	<i>Plant viral-response family</i>								1.72		1.91
5832	SCVPRT2082B09.g *	<i>Protein srg1</i>		-2.61								
5833	SCVPRT2082C08.g	<i>Phospholipid-transporting atpase 9-like</i>				-1.52					3.23	3.48
5834	SCVPRT2082D02.g	<i>Auxin induced protein</i>										
5835	SCVPRT2082F11.g	<i>Endoglucanase 11</i>							2.69			
5836	SCVPRT2082H05.g	<i>O-methyltransferase</i>				-1.23				-1.25		-1.47
5837	SCVPRT2083B08.g	<i>Hydroquinone glucosyltransferase-like</i>	-1.57		-1.99							
5838	SCVPRT2083B12.g	<i>Phosphoglycerate cytosolic-like</i>				-1.81						
5839	SCVPRT2083D11.g *	<i>Germinal-like protein 8-14-like</i>						-2.04				
5840	SCVPRT2084A03.g *	<i>Myb dna-binding domain superfamily protein</i>					-1.17					
5841	SCVPRT3089E04.g	<i>Soluble acid invertase</i>			5.75							

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5842	SCVPRZ3089G10.g *	<i>Lipid phosphate phosphatase 2-like</i>		-2.7								
5843	SCVPRZ2035A03.g	<i>Auxin-induced protein 5ng4-like</i>		-2.4		-2.79		-2.24				
5844	SCVPRZ2035C06.g	<i>Histone h4</i>				-2.91						
5845	SCVPRZ2035F03.g	<i>Peroxidase 2-like</i>				-1.18					-1.31	
5846	SCVPRZ2036B07.g *	<i>40s ribosomal protein s4</i>		-1.41						-1.31		-1.52
5847	SCVPRZ2036C01.g	<i>Wrky74 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains</i>				-1.07				-1.45		-1.8
5848	SCVPRZ2036C09.g *	<i>Histone gonadal-like</i>				-1.52						
5849	SCVPRZ2036D12.g *	<i>3-hydroxyisobutyryl- hydrolase-like protein 5-like</i>								-1.7		
5850	SCVPRZ2036E01.g	<i>Mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8</i>	-1.38		-1.76		-1.59					
5851	SCVPRZ2036E02.g	<i>Rhicadhesin receptor precursor</i>		-1.91		-1.36		-1.36			-1.27	
5852	SCVPRZ2036F10.g	<i>Fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor</i>		-2.56		-2.75		-2.01			-1.33	
5853	SCVPRZ2036G10.g	-NA-									-1.1	
5854	SCVPRZ2036G11.g	<i>Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase family protein</i>	2.09		1.77	1.44	2.68	1.47				
5855	SCVPRZ2036H04.g	<i>Farnesyl pyrophosphate synthetase</i>		-1.71		-1.74		-1.32				
5856	SCVPRZ2037A09.g	<i>Pollen-specific protein sf3</i>		-2.48		-2.23				-1.68		-2.13
5857	SCVPRZ2037A10.g	<i>Protein translation factor sui1</i>				-1.59		-2.17				
5858	SCVPRZ2037D11.g	-NA-		-1.28		-1.31						
5859	SCVPRZ2037E02.g	<i>Glucan endo- -beta-glucosidase 8-like</i>				1.96						
5860	SCVPRZ2038B09.g	<i>Aspartic proteinase nepenthesin-1-like</i>				-2.44						
5861	SCVPRZ2038B10.g	<i>E3 ubiquitin-protein ligase rma1h1-like</i>							1.5		1.41	
5862	SCVPRZ2038C03.g	<i>Tpr domain protein</i>					1.26					
5863	SCVPRZ2038C12.g	<i>Polyubiquitin</i>	1.14		1.07		1.41	1.01				
5864	SCVPRZ2038D11.g	-NA-									-1.84	
5865	SCVPRZ2038F11.g	<i>40s ribosomal protein s7</i>									-1.46	
5866	SCVPRZ2038H05.g	<i>Heavy metal-associated domain containing expressed</i>							1.24		1.42	
5867	SCVPRZ2039B05.g *	<i>Uncharacterized protein at4g06744-like</i>						-1.94		-1.53	-1.67	
5868	SCVPRZ2039C03.g *	<i>Protein wir1b-like</i>				-2.99		-2.04			-2.54	
5869	SCVPRZ2039D09.g	<i>Probable protein phosphatase 2c 32-like</i>				-1.21					-1.21	
5870	SCVPRZ2039D11.g	<i>Protein phosphatase 2c abi2</i>	1.88		1.73	1.19	1.52	1.27				
5871	SCVPRZ2039E06.g	<i>Branched-chain-amino-acid aminotransferase-like protein chloroplastic-like</i>							-1.03			
5872	SCVPRZ2039H09.g	-NA-	-1.52			1.99						
5873	SCVPRZ2040A12.g	<i>PREDICTED: uncharacterized protein LOC101771648</i>	2.86	2.12	1.93	1.77	1.74	1.33	1.12		1.45	
5874	SCVPRZ2040D09.g	<i>Invertase inhibitor</i>		2.25		1.94			1.26		1.44	
5875	SCVPRZ2041B10.g	<i>Cysteine protease 1 precursor</i>				-2.63		-2.77	6.88		6.45	
5876	SCVPRZ2041D03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-06g029910</i>								5.23	5.3	
5877	SCVPRZ2041D10.g	<i>Ring-h2 finger protein</i>	2.41	2.17	2.33	1.77	2.78	1.86			-1.51	
5878	SCVPRZ2041F03.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g019550</i>			-1.03						1.55	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz	Hoja	Raíz
5879	SCVPRZ2041G12.g *	<i>Probable indole-3-acetic acid-amido synthetase -like</i>						-2.25				
5880	SCVPRZ2042F11.g	-NA-		-1.26		-1.64					-1.11	
5881	SCVPRZ2042G02.g	<i>Homeodomain-like transcription factor superfamily protein</i>							1.16		1.34	
5882	SCVPRZ2042G03.g *	<i>Beta-glucosidase 26-like</i>		-4.08								
5883	SCVPRZ2042H06.g	<i>Cationic peroxidase 1-like</i>				-3.25						
5884	SCVPRZ2042H07.g	<i>Lactate dehydrogenase</i>				-1.45				1.93	2.49	
5885	SCVPRZ2043H02.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-03g011550</i>						-1.28	-2.04	-1.92		
5886	SCVPRZ2043H12.g	<i>5-methyltetrahydropteroylglutamate-homocysteine expressed</i>		-1.26		-1.07			-1.6	-1.74		
5887	SCVPRZ3025A12.g	<i>Serine threonine-protein kinase pbs1-like</i>									1.99	
5888	SCVPRZ3025C08.g	<i>Tpa: cytochrome p450 superfamily protein</i>		-1.27	-3.55	-2.98		-3.65			-1.91	
5889	SCVPRZ3025G09.g	<i>12-oxophytidienoate reductase 11-like</i>								-2.77	-3.94	
5890	SCVPRZ3026C05.g	<i>Probable udp-arabinose 4-epimerase 3-like</i>								-1.99	-2.13	
5891	SCVPRZ3026C06.g *	<i>Dre binding factor</i>	3.94	1.41			3.86					
5892	SCVPRZ3027A08.g	<i>Uncharacterized protein loc100193025 precursor</i>		-3.01		-2.37				-3.02	-3.34	
5893	SCVPRZ3027D06.g	<i>Endoglucanase 7-like</i>		-1.14		-2.01		-2.06		-1.08	-1.6	
5894	SCVPRZ3027E07.g *	<i>Receptor-like protein kinase feronia-like</i>		2.63						-2.51	-2.77	
5895	SCVPRZ3028A01.g	<i>Soluble starch synthase i</i>	1.37	2.15	1.73	2.38		2.54				
5896	SCVPRZ3028C03.g	<i>Lanc-like protein 2-like</i>		1.92		2.07		2.04				
5897	SCVPRZ3028H04.g	<i>Protein binding protein</i>	1.97	1.5	2.58	1.37	2.95		1.01	-1.67	-2.02	
5898	SCVPRZ3029A08.g *	<i>Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3</i>				-1.47	4.69	-1.6		-1.06	-1.06	
5899	SCVPRZ3029B03.g	<i>Tpa: duf26-domain receptor-like protein kinase family protein</i>				-2.02						
5900	SCVPRZ3029D10.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-10g007730</i>	-1.39		-1.89		-1.53			-2.38	-2.36	
5901	SCVPRZ3029E06.g	<i>Calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like</i>		-2.3		-2.69						
5902	SCVPRZ3029G05.g	<i>Hevamine-a precursor</i>				-2.93		-2.41			-2.14	
5903	SCVPRZ3030A05.g	<i>Aquaporin tip1-1</i>			1.39		1.94					
5904	SCVPRZ3030D01.g	<i>Tpa: cytochrome p450 superfamily protein</i>	-1.6		-2.3		-2.17					
5905	SCVPRZ3030D03.g *	<i>Protein aspartic protease in guard cell 2-like</i>						1.12		-2.82	-2.88	
5906	SCVPRZ3031B10.g *	<i>Grain size 5</i>	-1.72									
5907	SCVPRZ3031D11.g	<i>Non-specific lipid-transfer protein at5g64080-like</i>		1.69	2.79	1.44		1.18				
5908	SCVPST1059E11.g	<i>Alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>				-1.9		-1.62		-2.39	-2.93	
5909	SCVPST1059F09.g	<i>Polyol transporter 5-like</i>		1.51		1.15				-2.71	-3.12	
5910	SCVPST1060A01.g	<i>Lem3 (ligand-effect modulator 3)-like</i>					-2.11			-1.65	-2.29	
5911	SCVPST1060D08.g	<i>Tpa: laccase family protein</i>					-1.29			-2.22	-2.87	
5912	SCVPST1060E01.g	<i>Gata transcription factor family protein isoform 1</i>									-1.28	
5913	SCVPST1060H03.g	-NA-	-1.17		-1.78		-1.4			1.05	1.44	
5914	SCVPST1061F07.g	<i>Uridine nucleosidase 1-like</i>			-2.91		-1.85			-1.68	-1.53	
5915	SCVPST1061G03.g	<i>Binding isoform 1</i>								-1.36		

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

Continúa en la página siguiente

Tabla A.2. (Continuación)

No.	Id SUCEST	Descripción	CC 93-7711		MZC 74-275		SP 71-5949		CC 01-1940		CC 93-4418	
			Hoja	Raíz								
5916	SCVPST1061G05.g	<i>Omega-6 fatty acid endoplasmic reticulum isozyme 2</i>					-1.65					
5917	SCVPST1061H08.g *	<i>Tpa: plasma membrane intrinsic protein2</i>		1.7				3.07				
5918	SCVPST1062D07.g	<i>Hypothetical protein SORBIDRAFT-09g028930</i>	-2.21		-2.6		-2.41					
5919	SCVPST1062F08.g	<i>Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 2</i>				1.63		2.2				
5920	SCVPST1063C09.g	<i>S3 self-incompatibility locus-linked pollen expressed</i>							1.6		1.7	

\* GED exclusivo de variedad tolerante en un tejido

ANEXO. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES

A.3 RUTAS METABÓLICAS KEGG ASOCIADAS A LOS GED

Tabla A.3. Rutas metabólicas KEGG asociadas con los GED identificados. Se relaciona el número de GED asociados por cada ruta en DH y Anegamiento en tejido de hoja y raíz.

No.	Id KEGG	Ruta Metabólica	Número de GED asociados			
			Déficit Hídrico Hoja	Hídrico Raíz	Anegamiento Hoja	Anegamiento Raíz
1	map00254	<i>Aflatoxin biosynthesis</i>			1	1
2	map00250	<i>Alanine, aspartate and glutamate metabolism</i>	6	9	4	11
3	map00592	<i>alpha-Linolenic acid metabolism</i>	2	8	1	8
4	map00970	<i>Aminoacyl-tRNA biosynthesis</i>		4	1	1
5	map00627	<i>Aminobenzoate degradation</i>	3	6		4
6	map00520	<i>Amino sugar and nucleotide sugar metabolism</i>	11	17	6	17
7	map00590	<i>Arachidonic acid metabolism</i>	2	3	1	2
8	map00330	<i>Arginine and proline metabolism</i>	6	13	5	13
9	map00053	<i>Ascorbate and aldarate metabolism</i>	5	8	2	8
10	map00791	<i>Atrazine degradation</i>		1		
11	map00362	<i>Benzene degradation</i>	1	4		4
12	map00410	<i>beta-Alanine metabolism</i>	4	7	2	9
13	map00965	<i>Betalaín biosynthesis</i>		1	1	1
14	map01051	<i>Biosynthesis of ansamycins</i>	1	1		1
15	map01062	<i>Biosynthesis of terpenoids and steroids</i>	1	1	1	1
16	map01040	<i>Biosynthesis of unsaturated fatty acids</i>	1	5		5
17	map01055	<i>Biosynthesis of vancomycin group antibiotics</i>				1
18	map00780	<i>Biotin metabolism</i>		2		1
19	map00650	<i>Butanoate metabolism</i>	4	6		7
20	map00524	<i>Butirosin and neomycin biosynthesis</i>				1
21	map00660	<i>C5-Branched dibasic acid metabolism</i>	1	2		1
22	map00232	<i>Caffeine metabolism</i>				1
23	map00930	<i>Caprolactam degradation</i>	1	3	1	3
24	map00332	<i>Carbapenem biosynthesis</i>	1	1		
25	map00710	<i>Carbon fixation in photosynthetic organisms</i>	18	12	15	15
26	map00720	<i>Carbon fixation pathways in prokaryotes</i>	5	14	3	14
27	map00906	<i>Carotenoid biosynthesis</i>	3	4	3	4
28	map00625	<i>Chloroalkane and chloroalkene degradation</i>	2	2	1	2
29	map00020	<i>Citrate cycle (TCA cycle)</i>	5	10	2	13
30	map00073	<i>Cutin, suberin and wax biosynthesis</i>	1			
31	map00460	<i>Cyanoamino acid metabolism</i>	6	11	3	9
32	map00270	<i>Cysteine and methionine metabolism</i>	12	17	6	18
33	map00473	<i>D-Alanine metabolism</i>		1		
34	map00471	<i>D-Glutamine and D-glutamate metabolism</i>		1		1
35	map00904	<i>Diterpenoid biosynthesis</i>	1	1		3
36	map00982	<i>Drug metabolism - cytochrome P450</i>	4	2	2	5
37	map00983	<i>Drug metabolism - other enzymes</i>	1	4		5
38	map00565	<i>Ether lipid metabolism</i>	3	2	1	2
39	map00642	<i>Ethylbenzene degradation</i>		1		1
40	map00061	<i>Fatty acid biosynthesis</i>	2	5		5
41	map00071	<i>Fatty acid degradation</i>	2	8	1	9
42	map00062	<i>Fatty acid elongation</i>		3		4
43	map00944	<i>Flavone and flavonol biosynthesis</i>		1	1	1
44	map00941	<i>Flavonoid biosynthesis</i>	2	6	1	5
45	map00364	<i>Fluorobenzoate degradation</i>	1	1		
46	map00790	<i>Folate biosynthesis</i>				1
47	map00051	<i>Fructose and mannose metabolism</i>	7	9	7	9
48	map00052	<i>Galactose metabolism</i>	8	10	3	9
49	map00281	<i>Geraniol degradation</i>		3		3
50	map00966	<i>Glucosinolate biosynthesis</i>		1		2
51	map00480	<i>Glutathione metabolism</i>	9	11	2	8
52	map00561	<i>Glycerolipid metabolism</i>	5	5	1	4
53	map00564	<i>Glycerophospholipid metabolism</i>	5	4	2	7
54	map00260	<i>Glycine, serine and threonine metabolism</i>	5	12	1	14
55	map00010	<i>Glycolysis / Gluconeogenesis</i>	13	14	11	20
56	map00532	<i>Glycosaminoglycan biosynthesis - chondroitin sulfate / dermatan sulfate</i>		1		1
57	map00534	<i>Glycosaminoglycan biosynthesis - heparan sulfate / heparin</i>		2		1
58	map00531	<i>Glycosaminoglycan degradation</i>		2		1

Continúa en la página siguiente

Tabla A.3. (Continuación)

No.	Id KEGG	Ruta Metabólica	Número de GED asociados			
			Déficit Hídrico Hoja	Raíz	Anegamiento Hoja	Raíz
59	map00604	Glycosphingolipid biosynthesis - ganglio series		2		1
60	map00603	Glycosphingolipid biosynthesis - globo series	1	2		3
61	map00601	Glycosphingolipid biosynthesis - lacto and neolacto series				1
62	map00630	Glyoxylate and dicarboxylate metabolism	8	10	6	12
63	map00340	Histidine metabolism	3	2	2	3
64	map00901	Indole alkaloid biosynthesis				2
65	map00562	Inositol phosphate metabolism	2	4	2	4
66	map00943	Isoflavonoid biosynthesis		1		1
67	map00950	Isoquinoline alkaloid biosynthesis	3	3	3	3
68	map00903	Limonene and pinene degradation	1	2	1	2
69	map00591	Linoleic acid metabolism	3	3	1	3
70	map00785	Lipoic acid metabolism	1		1	
71	map00300	Lysine biosynthesis	1	2	1	3
72	map00310	Lysine degradation	2	6	1	7
73	map00980	Metabolism of xenobiotics by cytochrome P450	3	2	1	4
74	map00680	Methane metabolism	7	10	6	12
75	map04150	mTOR signaling pathway	1	1	1	1
76	map00626	Naphthalene degradation	1	1		1
77	map00510	N-Glycan biosynthesis		1		1
78	map00760	Nicotinate and nicotinamide metabolism	1	1	2	3
79	map00910	Nitrogen metabolism	4	7	5	8
80	map00401	Novobiocin biosynthesis	1	2	1	2
81	map00670	One carbon pool by folate	1	4		4
82	map00511	Other glycan degradation	1	4	1	3
83	map00514	Other types of O-glycan biosynthesis		1		1
84	map00190	Oxidative phosphorylation	5	5	4	6
85	map00770	Pantothenate and CoA biosynthesis	2	3		3
86	map00040	Pentose and glucuronate interconversions	3	7	3	6
87	map00030	Pentose phosphate pathway	9	7	8	11
88	map00550	Peptidoglycan biosynthesis		2		
89	map00360	Phenylalanine metabolism	8	11	7	10
90	map00400	Phenylalanine, tyrosine and tryptophan biosynthesis	7	10	2	13
91	map00940	Phenylpropanoid biosynthesis	4	10	4	10
92	map04070	Phosphatidylinositol signaling system		1		1
93	map00440	Phosphonate and phosphinate metabolism	1			
94	map00195	Photosynthesis	2	2	2	
95	map00523	Polyketide sugar unit biosynthesis	1	1		2
96	map00860	Porphyrin and chlorophyll metabolism	12	2	8	8
97	map00120	Primary bile acid biosynthesis		1		1
98	map00640	Propanoate metabolism		7		7
99	map00230	Purine metabolism	7	16	6	13
100	map00240	Pyrimidine metabolism	3	7	2	7
101	map00620	Pyruvate metabolism	12	15	6	19
102	map00830	Retinol metabolism	2	3	1	4
103	map00740	Riboflavin metabolism	1	1		1
104	map00450	Selenocompound metabolism	2	5	1	4
105	map00909	Sesquiterpenoid and triterpenoid biosynthesis		1		1
106	map00600	Sphingolipid metabolism	2	5	1	1
107	map00500	Starch and sucrose metabolism	15	22	11	22
108	map00100	Steroid biosynthesis	4	4		4
109	map00984	Steroid degradation	1			2
110	map00140	Steroid hormone biosynthesis	1	1	1	3
111	map00945	Stilbenoid, diarylheptanoid and gingerol biosynthesis	1	2		2
112	map00521	Streptomycin biosynthesis	2	2	1	4
113	map00643	Styrene degradation	1	4		1
114	map00920	Sulfur metabolism	5	10	2	8
115	map00072	Synthesis and degradation of ketone bodies		1		2
116	map00430	Taurine and hypotaurine metabolism	2	3		4
117	map04660	T cell receptor signaling pathway	2	1	1	1
118	map00900	Terpenoid backbone biosynthesis	4	4	1	7
119	map00253	Tetracycline biosynthesis		1		1
120	map00730	Thiamine metabolism	2	3	1	2
121	map00623	Toluene degradation	1	3	1	3
122	map00960	Tropane, piperidine and pyridine alkaloid biosynthesis	2	2	2	2
123	map00380	Tryptophan metabolism	3	8	2	7

Continúa en la página siguiente

ANEXO. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES

Tabla A.3. (Continuación)

No.	Id KEGG	Ruta Metabólica	Número de GED asociados			
			Déficit Hídrico Hoja	Déficit Hídrico Raíz	Anegamiento Hoja	Anegamiento Raíz
124	map00350	Tyrosine metabolism	7	10	6	8
125	map00130	Ubiquinone and other terpenoid-quinone biosynthesis	2	4	2	4
126	map00290	Valine, leucine and isoleucine biosynthesis	3	2		3
127	map00280	Valine, leucine and isoleucine degradation	1	10	1	10
128	map00513	Various types of N-glycan biosynthesis		2		1
129	map00750	Vitamin B6 metabolism		2		1
130	map00622	Xylene degradation	1	2	1	2
131	map00908	Zeatin biosynthesis		2		2

# B

## ANEXO. REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES

---

### B.1 TÉRMINOS GO REPRESENTATIVOS EN LAS RCEG

Tabla B.1. Términos GO más significativos de la RCEG de DH y sus módulos. Para cada término se muestran las cantidades de GED asociados: anotados son todos los GED en el conjunto base (todo SUCEST); observados son los GED del conjunto de prueba (módulo/red); esperados son los GED que se esperan por azar en un grupo del tamaño del conjunto de prueba.

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
TR	PB	Response to osmotic stress	817	265	134.6	1.50E-30	4.30E-27
TR	PB	Response to stress	3856	876	635.4	1.20E-29	1.72E-26
TR	PB	L-phenylalanine metabolic process	74	55	12.2	4.60E-28	3.30E-25
TR	PB	Erythrose 4-phosphate/phosphoenolpyruvat...	74	55	12.2	4.60E-28	3.30E-25
TR	PB	Response to temperature stimulus	872	269	143.7	3.80E-27	2.18E-24
TR	PB	Response to cadmium ion	778	247	128.2	5.70E-27	2.73E-24
TR	PB	Response to oxygen-containing compound	1658	437	273.2	8.30E-27	3.40E-24
TR	PB	Response to water deprivation	355	142	58.5	1.30E-26	4.66E-24
TR	PB	Starch metabolic process	315	130	51.9	5.80E-26	1.85E-23
TR	PB	Disaccharide metabolic process	292	120	48.1	7.20E-24	2.07E-21
TR	FM	Oxidoreductase activity	2039	523	332.9	4.30E-30	5.53E-27
TR	FM	Tetrapyrrole binding	498	153	81.3	5.00E-16	3.22E-13
TR	FM	Copper ion binding	346	117	56.5	7.70E-16	3.30E-13
TR	FM	Heme binding	478	140	78.0	5.40E-13	1.74E-10
TR	FM	Lyase activity	449	127	73.3	8.50E-11	2.19E-8
TR	FM	Protein binding	2160	458	352.6	1.90E-10	4.04E-8
TR	FM	Cofactor binding	718	182	117.2	2.20E-10	4.04E-8
TR	FM	Unfolded protein binding	170	59	27.8	3.60E-9	5.79E-7
TR	FM	O-methyltransferase activity	45	24	7.4	1.30E-8	1.86E-6
TR	FM	Oxidoreductase activity, acting on the c...	80	34	13.1	2.60E-8	3.34E-6
TR	CC	Apoplast	506	189	83.9	4.10E-30	2.05E-27
TR	CC	Cell periphery	4141	931	686.7	6.00E-29	1.50E-26
TR	CC	Thylakoid	542	195	89.9	1.30E-28	2.17E-26
TR	CC	Chloroplast	2945	700	488.3	6.90E-28	8.64E-26
TR	CC	Photosynthetic membrane	378	148	62.7	3.10E-26	3.11E-24
TR	CC	Thylakoid membrane	372	145	61.7	1.70E-25	1.42E-23
TR	CC	Chloroplast thylakoid membrane	355	140	58.9	3.10E-25	2.22E-23
TR	CC	Plastid thylakoid membrane	357	140	59.2	5.80E-25	3.51E-23
TR	CC	Plasma membrane	3503	793	580.9	6.30E-25	3.51E-23
TR	CC	Extracellular region	765	238	126.9	3.10E-24	1.55E-22
BK	PB	Gluconeogenesis	225	12	0.4	2.40E-15	3.90E-12
BK	PB	Hexose biosynthetic process	227	12	0.4	2.70E-15	3.90E-12
BK	PB	Monosaccharide biosynthetic process	246	12	0.4	7.00E-15	6.74E-12
BK	PB	Glycolysis	252	12	0.5	9.40E-15	6.78E-12
BK	PB	Response to hypoxia	49	8	0.1	1.80E-14	1.04E-11
BK	PB	Response to decreased oxygen levels	52	8	0.1	3.00E-14	1.24E-11
BK	PB	Response to oxygen levels	52	8	0.1	3.00E-14	1.24E-11
BK	PB	Glucose catabolic process	460	12	0.8	1.20E-11	3.46E-9
BK	PB	Hexose catabolic process	460	12	0.8	1.20E-11	3.46E-9
BK	PB	Monosaccharide catabolic process	460	12	0.8	1.20E-11	3.46E-9
BK	FM	Alcohol dehydrogenase (nad) activity	22	8	0.0	9.80E-18	1.26E-14
BK	FM	Pyruvate decarboxylase activity	14	7	0.0	7.80E-17	5.02E-14
BK	FM	Thiamine pyrophosphate binding	24	7	0.0	7.70E-15	3.30E-12
BK	FM	Sulfur compound binding	32	7	0.1	7.40E-14	2.38E-11

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BK = Black. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. MG = Magenta. PK = Pink. PP = Purple. TQ = Turquoise. YL = Yellow.

Continúa en la página siguiente

Tabla B.1. (Continuación)

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
BK	FM	Vitamin binding	65	8	0.1	1.50E-13	3.86E-11
BK	FM	Carboxy-lyase activity	106	7	0.2	4.90E-10	1.05E-7
BK	FM	Oxidoreductase activity, acting on the c...	278	9	0.5	7.30E-10	1.34E-7
BK	FM	Oxidoreductase activity, acting on ch-oh...	324	9	0.6	2.80E-9	4.50E-7
BK	FM	Oxidoreductase activity	2039	17	3.5	7.10E-9	1.01E-6
BK	FM	Magnesium ion binding	175	7	0.3	1.60E-8	1.99E-6
BK	CC	Plasma membrane	3503	16	5.1	5.00E-6	1.36E-3
BK	CC	6-phosphofructokinase complex	24	3	0.0	5.40E-6	1.36E-3
BK	CC	Cytosol	1750	11	2.5	1.70E-5	2.84E-3
BK	CC	Cell periphery	4141	16	6.0	4.60E-5	5.77E-3
BL	PB	Photosynthesis, light harvesting	40	23	1.0	3.50E-27	1.01E-23
BL	PB	Photosynthesis, light reaction	209	39	5.1	2.90E-23	4.18E-20
BL	PB	Alpha-amino acid metabolic process	889	78	21.9	5.50E-23	5.29E-20
BL	PB	Cellular amino acid metabolic process	1225	90	30.1	3.60E-21	2.60E-18
BL	PB	Organonitrogen compound metabolic proces...	2764	147	68.0	6.60E-21	3.81E-18
BL	PB	Generation of precursor metabolites and ...	860	71	21.2	1.90E-19	9.14E-17
BL	PB	Oxoacid metabolic process	2103	111	51.7	3.30E-15	1.30E-12
BL	PB	Organic acid metabolic process	2105	111	51.8	3.60E-15	1.30E-12
BL	PB	Oxidation-reduction process	2256	116	55.5	4.30E-15	1.33E-12
BL	PB	Carboxylic acid metabolic process	2084	110	51.3	4.60E-15	1.33E-12
BL	FM	Chlorophyll binding	18	11	0.4	2.70E-14	3.47E-11
BL	FM	Oxidoreductase activity	2039	96	47.5	1.30E-11	8.36E-9
BL	FM	Catechol oxidase activity	10	7	0.2	4.00E-10	1.71E-7
BL	FM	Tetrapyrrole binding	498	35	11.6	7.40E-9	2.38E-6
BL	FM	Pyridoxal phosphate binding	148	18	3.5	1.10E-8	2.83E-6
BL	FM	Magnesium chelatase activity	8	5	0.2	3.50E-7	5.63E-5
BL	FM	Ligase activity, forming nitrogen-metal ...	8	5	0.2	3.50E-7	5.63E-5
BL	FM	Ligase activity, forming nitrogen-metal ...	8	5	0.2	3.50E-7	5.63E-5
BL	FM	Phosphotransferase activity, paired acce...	14	6	0.3	4.00E-7	5.72E-5
BL	FM	Monooxygenase activity	321	24	7.5	5.90E-7	7.59E-5
BL	CC	Plastid	5472	246	132.8	2.70E-28	1.31E-25
BL	CC	Photosystem i	26	19	0.6	8.20E-26	1.99E-23
BL	CC	Plastoglobule	74	26	1.8	1.20E-23	1.94E-21
BL	CC	Envelope	1189	88	28.9	2.80E-21	3.40E-19
BL	CC	Photosystem ii	39	19	1.0	6.40E-21	6.21E-19
BL	CC	Organelle envelope	1180	86	28.6	2.30E-20	1.86E-18
BL	CC	Intracellular organelle part	4417	182	107.2	4.80E-15	3.33E-13
BL	CC	Organelle part	4423	182	107.3	5.50E-15	3.33E-13
BL	CC	Thylakoid lumen	65	15	1.6	3.30E-11	1.78E-9
BL	CC	Photosystem i reaction center	6	6	0.2	2.00E-10	9.70E-9
BR	PB	Rna secondary structure unwinding	10	8	0.2	1.40E-12	4.04E-9
BR	PB	Negative regulation of molecular functio...	155	17	3.2	2.40E-8	3.46E-5
BR	PB	Negative regulation of catalytic activit...	144	15	3.0	3.20E-7	3.08E-4
BR	PB	Amide transport	94	12	2.0	5.40E-7	3.70E-4
BR	PB	Dna conformation change	287	21	5.9	6.40E-7	3.70E-4
BR	PB	Regulation of stomatal movement	65	10	1.4	8.40E-7	4.04E-4
BR	PB	Peptide transport	82	11	1.7	9.80E-7	4.04E-4
BR	PB	Response to zinc ion	109	12	2.3	2.70E-6	9.74E-4
BR	PB	Oligopeptide transport	77	10	1.6	4.10E-6	1.32E-3
BR	PB	Dna duplex unwinding	62	9	1.3	4.90E-6	1.41E-3
BR	FM	Nucleic acid binding transcription facto...	810	40	16.9	4.20E-7	2.70E-4
BR	FM	Sequence-specific dna binding transcript...	810	40	16.9	4.20E-7	2.70E-4
BR	FM	Single-stranded dna binding	50	9	1.0	7.90E-7	3.39E-4
BR	FM	Glucose transmembrane transporter activi...	11	5	0.2	1.60E-6	5.14E-4
BR	FM	Inorganic anion transmembrane transporte...	73	10	1.5	2.60E-6	6.69E-4
BR	FM	Structure-specific dna binding	94	11	2.0	4.10E-6	8.79E-4
BR	FM	Enzyme inhibitor activity	103	11	2.1	9.90E-6	1.82E-3
BR	FM	Double-stranded dna binding	70	9	1.5	1.40E-5	2.25E-3
BR	FM	Dna binding	2544	83	52.9	1.80E-5	2.44E-3
BR	FM	Hexose transmembrane transporter activit...	17	5	0.4	1.90E-5	2.44E-3
BR	CC	Transcription factor complex	270	40	5.6	1.30E-22	6.53E-20
BR	CC	Cell wall	1004	44	21.0	2.90E-6	5.67E-4
BR	CC	External encapsulating structure	1015	44	21.2	3.80E-6	5.67E-4
BR	CC	Cytoplasmic membrane-bounded vesicle	3678	113	76.8	6.70E-6	5.67E-4

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BK = Black. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. MG = Magenta. PK = Pink. PP = Purple. TQ = Turquoise. YL = Yellow.

Continúa en la página siguiente

Tabla B.1. (Continuación)

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
BR	CC	Cytoplasmic vesicle	3679	113	76.8	6.80E-6	5.67E-4
BR	CC	Membrane-bounded vesicle	3689	113	77.0	7.70E-6	5.67E-4
BR	CC	Vesicle	3691	113	77.0	7.90E-6	5.67E-4
BR	CC	Macromolecular complex	3432	106	71.6	1.20E-5	6.69E-4
BR	CC	Cell periphery	4141	123	86.4	1.20E-5	6.69E-4
BR	CC	Intrinsic component of membrane	2621	84	54.7	3.40E-5	1.71E-3
GR	PB	Alpha-amino acid metabolic process	889	55	14.5	8.90E-18	2.57E-14
GR	PB	Response to acid	1078	56	17.6	9.10E-15	1.31E-11
GR	PB	Glutamine family amino acid metabolic pr...	110	19	1.8	1.60E-14	1.54E-11
GR	PB	Response to oxygen-containing compound	1658	70	27.0	8.00E-14	5.77E-11
GR	PB	Response to water	375	31	6.1	1.20E-13	6.93E-11
GR	PB	Cellular amino acid metabolic process	1225	58	19.9	1.50E-13	7.22E-11
GR	PB	Cellular response to sucrose starvation	7	7	0.1	2.80E-13	1.15E-10
GR	PB	Proline metabolic process	43	12	0.7	2.80E-12	1.01E-9
GR	PB	Response to stress	3856	115	62.8	5.00E-12	1.60E-9
GR	PB	Arginine metabolic process	52	12	0.9	3.30E-11	9.53E-9
GR	FM	Adenosylmethionine decarboxylase activit...	8	6	0.1	4.70E-10	6.04E-7
GR	FM	Asparagine synthetase (glutamine-hydrolyz...)	17	7	0.3	4.60E-9	2.96E-6
GR	FM	Carboxy-lyase activity	106	13	1.7	1.70E-8	7.29E-6
GR	FM	Hydrolase activity, acting on glycosyl b...	614	27	9.9	2.90E-6	9.32E-4
GR	FM	Catalase activity	8	4	0.1	4.50E-6	9.86E-4
GR	FM	Lyase activity	449	22	7.3	4.60E-6	9.86E-4
GR	FM	Carbon-nitrogen ligase activity, with gl...	43	7	0.7	5.40E-6	9.92E-4
GR	FM	Carbon-carbon lyase activity	176	13	2.9	6.20E-6	9.97E-4
GR	FM	Alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase...	11	4	0.2	2.00E-5	2.86E-3
GR	FM	Hydrolase activity, hydrolyzing o-glycos...	550	22	8.9	1.00E-4	1.29E-2
GR	CC	Cell periphery	4141	108	62.2	6.10E-10	3.06E-7
GR	CC	Plasma membrane	3503	93	52.7	7.50E-9	1.88E-6
GR	CC	Transcription factor complex	270	19	4.1	3.00E-8	5.02E-6
GR	CC	Extracellular region	765	33	11.5	5.80E-8	7.28E-6
GR	CC	Vacuole	1235	44	18.6	8.60E-8	8.63E-6
GR	CC	Glyoxysome	15	5	0.2	2.00E-6	1.67E-4
GR	CC	Apoplast	506	23	7.6	2.70E-6	1.94E-4
GY	FM	Omega-6 fatty acid desaturase activity	5	2	0.0	5.70E-6	7.33E-3
MG	PB	Cellular response to calcium ion	13	11	0.0	4.10E-29	1.18E-25
MG	PB	Response to heat	279	20	0.6	5.60E-27	8.08E-24
MG	PB	Response to calcium ion	20	11	0.0	8.80E-26	8.47E-23
MG	PB	Regulation of protein stability	21	11	0.0	1.80E-25	1.04E-22
MG	PB	Protein stabilization	21	11	0.0	1.80E-25	1.04E-22
MG	PB	Protein folding	341	20	0.7	3.30E-25	1.53E-22
MG	PB	Cellular response to metal ion	22	11	0.0	3.70E-25	1.53E-22
MG	PB	Cellular response to inorganic substance	23	11	0.1	7.00E-25	2.53E-22
MG	PB	Heat acclimation	46	12	0.1	2.90E-23	9.30E-21
MG	PB	Response to stress	3856	35	7.8	3.20E-20	9.24E-18
MG	FM	Unfolded protein binding	170	16	0.3	2.20E-23	2.83E-20
MG	FM	Protein binding	2160	25	4.3	6.70E-15	4.31E-12
MG	FM	Atpase activator activity	6	3	0.0	1.50E-7	6.43E-5
MG	FM	Atpase regulator activity	9	3	0.0	6.20E-7	1.99E-4
MG	FM	Small molecule binding	5462	25	11.0	4.20E-6	1.08E-3
MG	FM	Chaperone binding	25	3	0.1	1.70E-5	3.64E-3
MG	FM	Nucleotide binding	5310	23	10.7	4.10E-5	6.59E-3
MG	FM	Nucleoside phosphate binding	5310	23	10.7	4.10E-5	6.59E-3
MG	FM	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase	6	2	0.0	5.90E-5	8.43E-3
MG	FM	...					
MG	FM	Glutathione binding	8	2	0.0	1.10E-4	1.29E-2
MG	CC	Apoplast	506	14	1.1	1.40E-12	7.03E-10
MG	CC	Extracellular region	765	14	1.6	3.50E-10	8.79E-8
MG	CC	Nucleolus	707	13	1.5	1.60E-9	2.68E-7
MG	CC	Organelle lumen	1115	14	2.4	4.30E-8	4.18E-6
MG	CC	Intracellular organelle lumen	1115	14	2.4	4.30E-8	4.18E-6
MG	CC	Membrane-enclosed lumen	1128	14	2.4	5.00E-8	4.18E-6
MG	CC	Nuclear lumen	989	13	2.1	8.80E-8	6.28E-6
MG	CC	Cell wall	1004	13	2.2	1.00E-7	6.28E-6
MG	CC	External encapsulating structure	1015	13	2.2	1.20E-7	6.53E-6
MG	CC	Nuclear part	1220	14	2.6	1.30E-7	6.53E-6

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BK = Black. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. MG = Magenta. PK = Pink. PP = Purple. TQ = Turquoise. YL = Yellow.

Continúa en la página siguiente

Tabla B.1. (Continuación)

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
PK	PB	Cuticle hydrocarbon biosynthetic process	6	3	0.0	7.70E-8	1.59E-4
PK	PB	Amylopectin biosynthetic process	8	3	0.0	2.20E-7	1.59E-4
PK	PB	Pollen sperm cell differentiation	8	3	0.0	2.20E-7	1.59E-4
PK	PB	Amylopectin metabolic process	8	3	0.0	2.20E-7	1.59E-4
PK	PB	Male gamete generation	20	3	0.0	4.30E-6	2.48E-3
PK	PB	Wax biosynthetic process	26	3	0.0	9.80E-6	4.54E-3
PK	PB	Wax metabolic process	27	3	0.0	1.10E-5	4.54E-3
PK	PB	Microgametogenesis	33	3	0.1	2.00E-5	7.22E-3
PK	PB	Cuticle development	41	3	0.1	4.00E-5	1.28E-2
PK	PB	Xyloglucan biosynthetic process	8	2	0.0	7.10E-5	2.05E-2
PK	FM	Starch synthase activity	17	3	0.0	2.30E-6	2.96E-3
PK	CC	Amyloplast	22	3	0.0	8.70E-6	4.37E-3
PP	PB	Cellular component organization or bioge...	3703	44	9.0	7.80E-28	2.25E-24
PP	PB	Cellular macromolecule biosynthetic proc...	4304	43	10.5	1.70E-23	2.45E-20
PP	PB	Macromolecule biosynthetic process	4357	43	10.6	2.80E-23	2.69E-20
PP	PB	Cellular protein metabolic process	4756	44	11.6	3.90E-23	2.81E-20
PP	PB	Protein metabolic process	5542	44	13.5	2.70E-20	1.56E-17
PP	PB	Gene expression	5183	43	12.6	3.90E-20	1.87E-17
PP	PB	Cellular biosynthetic process	6223	44	15.2	3.70E-18	1.52E-15
PP	PB	Biosynthetic process	6709	44	16.3	8.90E-17	3.21E-14
PP	PB	Organic substance biosynthetic process	6446	43	15.7	3.00E-16	9.61E-14
PP	PB	Cellular macromolecule metabolic process	8851	44	21.6	9.10E-12	2.62E-9
PP	FM	Rnna binding	76	4	0.2	2.80E-5	3.60E-2
PP	CC	Intracellular organelle part	4417	41	10.6	1.40E-20	3.68E-18
PP	CC	Organelle part	4423	41	10.6	1.50E-20	3.68E-18
PP	CC	Cytosolic small ribosomal subunit	76	12	0.2	2.20E-19	3.60E-17
PP	CC	Small ribosomal subunit	118	13	0.3	8.50E-19	1.04E-16
PP	CC	Nucleolus	707	16	1.7	3.90E-12	3.83E-10
PP	CC	Organelle lumen	1115	17	2.7	3.50E-10	2.46E-8
PP	CC	Intracellular organelle lumen	1115	17	2.7	3.50E-10	2.46E-8
PP	CC	Membrane-enclosed lumen	1128	17	2.7	4.10E-10	2.52E-8
PP	CC	Nuclear lumen	989	16	2.4	5.60E-10	3.06E-8
PP	CC	Nuclear part	1220	16	2.9	1.10E-8	5.40E-7
RD	PB	Response to heat	279	19	0.9	3.80E-20	1.10E-16
RD	PB	Response to high light intensity	121	14	0.4	2.90E-18	4.19E-15
RD	PB	Response to light intensity	171	14	0.6	4.20E-16	4.04E-13
RD	PB	Response to hydrogen peroxide	191	14	0.6	2.00E-15	1.44E-12
RD	PB	Response to reactive oxygen species	289	14	1.0	6.00E-13	3.46E-10
RD	PB	Response to temperature stimulus	872	20	2.9	3.90E-12	1.88E-9
RD	PB	Response to stress	3856	36	12.9	2.80E-10	1.15E-7
RD	PB	Urea transport	7	4	0.0	4.00E-9	1.28E-6
RD	PB	Urea transmembrane transport	7	4	0.0	4.00E-9	1.28E-6
RD	PB	Response to inorganic substance	1482	21	5.0	7.20E-9	1.89E-6
RD	FM	Urea transmembrane transporter activity	7	4	0.0	1.60E-9	2.06E-6
RD	FM	Amide transmembrane transporter activity	20	4	0.1	2.20E-7	1.41E-4
RD	FM	Heat shock protein binding	105	5	0.3	9.20E-6	3.94E-3
RD	FM	Transmembrane transporter activity	1075	12	2.9	2.30E-5	6.94E-3
RD	FM	Intramolecular lyase activity	22	3	0.1	2.70E-5	6.94E-3
RD	FM	Unfolded protein binding	170	5	0.5	9.30E-5	1.99E-2
RD	FM	Transporter activity	1478	13	4.0	1.20E-4	2.20E-2
RD	FM	Myo-inositol transmembrane transporter a...	9	2	0.0	2.50E-4	4.02E-2
RD	CC	Plant-type vacuole membrane	103	8	0.3	3.20E-10	1.61E-7
RD	CC	Sexine	7	4	0.0	1.60E-9	2.68E-7
RD	CC	Columella	7	4	0.0	1.60E-9	2.68E-7
RD	CC	Pollen wall	8	4	0.0	3.30E-9	3.31E-7
RD	CC	Exine	8	4	0.0	3.30E-9	3.31E-7
RD	CC	Extracellular matrix part	9	4	0.0	5.90E-9	4.94E-7
RD	CC	Plant-type vacuole	169	8	0.5	1.60E-8	1.15E-6
RD	CC	Protein storage vacuole	14	4	0.0	4.60E-8	2.57E-6
RD	CC	Central vacuole	14	4	0.0	4.60E-8	2.57E-6
RD	CC	Storage vacuole	17	4	0.1	1.10E-7	5.02E-6
TQ	PB	Small molecule metabolic process	3673	412	249.1	5.10E-29	1.47E-25
TQ	PB	Lignin metabolic process	105	47	7.1	2.10E-27	3.03E-24
TQ	PB	Sucrose metabolic process	170	58	11.5	4.80E-26	4.15E-23
TQ	PB	Oxoacid metabolic process	2103	268	142.6	6.20E-26	4.15E-23

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BK = Black. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. MG = Magenta. PK = Pink. PP = Purple. TQ = Turquoise. YL = Yellow.

Continúa en la página siguiente

Tabla B.1. (Continuación)

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
TQ	PB	Organic acid metabolic process	2105	268	142.8	7.20E-26	4.15E-23
TQ	PB	Carboxylic acid metabolic process	2084	263	141.3	9.00E-25	4.33E-22
TQ	PB	Phenylpropanoid biosynthetic process	107	44	7.3	6.90E-24	2.84E-21
TQ	PB	Tyrosine metabolic process	90	39	6.1	2.50E-22	9.01E-20
TQ	PB	Stilbene metabolic process	32	24	2.2	4.60E-22	1.33E-19
TQ	PB	Stilbene biosynthetic process	32	24	2.2	4.60E-22	1.33E-19
TQ	FM	Oxidoreductase activity	2039	231	140.2	4.30E-15	5.53E-12
TQ	FM	Copper ion binding	346	66	23.8	2.60E-14	1.67E-11
TQ	FM	Cellulose synthase (udp-forming) activit...	52	23	3.6	7.70E-14	3.30E-11
TQ	FM	Cellulose synthase activity	54	23	3.7	2.10E-13	6.43E-11
TQ	FM	Heme binding	478	79	32.9	2.50E-13	6.43E-11
TQ	FM	Udp-glycosyltransferase activity	297	58	20.4	3.50E-13	7.50E-11
TQ	FM	Tetrapyrrole binding	498	79	34.2	2.20E-12	4.04E-10
TQ	FM	O-methyltransferase activity	45	20	3.1	2.90E-12	4.66E-10
TQ	FM	Udp-glucosyltransferase activity	185	40	12.7	6.50E-11	9.29E-9
TQ	FM	Transferase activity, transferring alkyl...	163	35	11.2	1.20E-9	1.54E-7
TQ	CC	Transcription factor complex	270	76	18.9	1.30E-26	6.47E-24
TQ	CC	Cell periphery	4141	425	290.3	8.00E-19	1.99E-16
TQ	CC	Nucleosome	158	44	11.1	9.20E-16	1.15E-13
TQ	CC	Dna bending complex	158	44	11.1	9.20E-16	1.15E-13
TQ	CC	Dna packaging complex	168	44	11.8	1.10E-14	1.10E-12
TQ	CC	Plasma membrane	3503	350	245.6	2.10E-13	1.74E-11
TQ	CC	Chromatin	236	51	16.5	3.30E-13	2.35E-11
TQ	CC	Cell wall	1004	133	70.4	4.60E-13	2.86E-11
TQ	CC	External encapsulating structure	1015	133	71.2	1.00E-12	5.53E-11
TQ	CC	Protein-dna complex	223	44	15.6	3.20E-10	1.59E-8
YL	PB	Photosynthesis	344	45	7.2	6.70E-23	1.93E-19
YL	PB	Carbon utilization	76	22	1.6	1.90E-19	2.74E-16
YL	PB	Response to karrikin	202	23	4.3	5.20E-11	4.55E-8
YL	PB	Response to abiotic stimulus	2663	105	56.1	6.30E-11	4.55E-8
YL	PB	Response to stimulus	6599	198	138.9	9.30E-10	5.36E-7
YL	PB	Response to temperature stimulus	872	48	18.4	1.20E-9	5.36E-7
YL	PB	Response to light stimulus	964	51	20.3	1.30E-9	5.36E-7
YL	PB	Single-organism metabolic process	7725	222	162.6	1.80E-9	6.50E-7
YL	PB	Oxidation-reduction process	2256	89	47.5	2.80E-9	8.08E-7
YL	PB	Chlorophyll metabolic process	168	19	3.5	2.80E-9	8.08E-7
YL	FM	Sucrose 1f-fructosyltransferase activity	6	5	0.1	2.00E-8	8.57E-6
YL	FM	Fructosyltransferase activity	6	5	0.1	2.00E-8	8.57E-6
YL	FM	Fructan beta-fructosidase activity	6	5	0.1	2.00E-8	8.57E-6
YL	FM	2 iron, 2 sulfur cluster binding	63	10	1.3	5.20E-7	1.67E-4
YL	FM	Carbonate dehydratase activity	12	5	0.2	2.40E-6	4.89E-4
YL	FM	Chlorophyllide a oxygenase [overall] act...	6	4	0.1	2.40E-6	4.89E-4
YL	FM	Iron-sulfur cluster binding	178	15	3.6	3.80E-6	4.89E-4
YL	FM	Metal cluster binding	178	15	3.6	3.80E-6	4.89E-4
YL	FM	Beta-fructofuranosidase activity	22	6	0.5	3.80E-6	4.89E-4
YL	FM	Sucrose alpha-glucosidase activity	22	6	0.5	3.80E-6	4.89E-4
YL	CC	Thylakoid	542	58	11.9	7.90E-24	3.93E-21
YL	CC	Chloroplast stroma	782	67	17.1	5.60E-22	1.39E-19
YL	CC	Plastid stroma	796	67	17.5	1.50E-21	2.49E-19
YL	CC	Chloroplast envelope	726	63	15.9	5.70E-21	7.10E-19
YL	CC	Plastid envelope	757	63	16.6	4.90E-20	4.88E-18
YL	CC	Thylakoid part	402	45	8.8	2.00E-19	1.66E-17
YL	CC	Thylakoid membrane	372	43	8.2	3.90E-19	2.74E-17
YL	CC	Chloroplast thylakoid membrane	355	42	7.8	4.40E-19	2.74E-17
YL	CC	Plastid thylakoid membrane	357	42	7.8	5.40E-19	2.99E-17
YL	CC	Photosynthetic membrane	378	43	8.3	7.30E-19	3.64E-17

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BK = Black. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. MG = Magenta. PK = Pink. PP = Purple. TQ = Turquoise. YL = Yellow.

ANEXO. REDES DE COEXPRESIÓN DE GENES

Tabla B.2. Términos GO más significativos de la RCEG de anegamiento y sus módulos. Para cada término se muestran las cantidades de GED asociados: anotados son todos los GED en el conjunto base (todo SUCEST); observados son los GED del conjunto de prueba (módulo/red); esperados son los GED esperados por azar en un grupo del tamaño del conjunto de prueba.

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
TR	PB	L-phenylalanine metabolic process	74	53	10.3	1.70E-29	1.91E-26
TR	PB	Erythrose 4-phosphate/phosphoenolpyruvate...	74	53	10.3	1.70E-29	1.91E-26
TR	PB	Phenylpropanoid metabolic process	160	82	22.2	2.00E-29	1.91E-26
TR	PB	Response to cadmium ion	778	224	108.0	1.50E-28	1.08E-25
TR	PB	Stilbene metabolic process	32	32	4.4	3.10E-28	1.48E-25
TR	PB	Stilbene biosynthetic process	32	32	4.4	3.10E-28	1.48E-25
TR	PB	Ribosome biogenesis	493	161	68.4	3.70E-27	1.52E-24
TR	PB	Fructose metabolic process	52	41	7.2	6.60E-26	2.37E-23
TR	PB	Mannose metabolic process	55	42	7.6	1.60E-25	5.10E-23
TR	PB	Single-organism metabolic process	7725	1319	1072.0	3.10E-25	8.61E-23
TR	FM	Oxidoreductase activity	2039	452	280.6	6.10E-28	7.84E-25
TR	FM	Structural molecule activity	668	193	91.9	2.60E-25	1.67E-22
TR	FM	Structural constituent of ribosome	504	149	69.4	8.50E-21	3.64E-18
TR	FM	Cofactor binding	718	176	98.8	3.00E-15	9.65E-13
TR	FM	Copper ion binding	346	102	47.6	1.50E-14	3.86E-12
TR	FM	Udp-glycosyltransferase activity	297	91	40.9	3.30E-14	7.07E-12
TR	FM	Lyase activity	449	120	61.8	1.80E-13	3.31E-11
TR	FM	Coenzyme binding	524	133	72.1	5.50E-13	8.84E-11
TR	FM	Udp-glucosyltransferase activity	185	63	25.5	1.70E-12	2.43E-10
TR	FM	Tetrapyrrole binding	498	124	68.5	1.40E-11	1.80E-9
TR	CC	Chloroplast	2945	605	415.6	1.80E-25	8.98E-23
TR	CC	Ribosomal subunit	291	109	41.1	1.80E-23	3.99E-21
TR	CC	Ribosome	720	202	101.6	2.40E-23	3.99E-21
TR	CC	Cytosolic large ribosomal subunit	138	68	19.5	6.00E-23	7.49E-21
TR	CC	Apoplast	506	152	71.4	7.10E-21	7.09E-19
TR	CC	Plastid part	1512	333	213.4	2.90E-18	2.21E-16
TR	CC	Chloroplast part	1484	328	209.4	3.10E-18	2.21E-16
TR	CC	Photosynthetic membrane	378	118	53.3	7.00E-18	4.37E-16
TR	CC	Chloroplast stroma	782	199	110.3	8.60E-18	4.77E-16
TR	CC	Chloroplast thylakoid membrane	355	112	50.1	2.00E-17	9.53E-16
BL	PB	Carbon utilization	76	35	3.2	3.00E-28	8.50E-25
BL	PB	Serine family amino acid metabolic process...	376	72	15.7	5.90E-28	8.50E-25
BL	PB	Cellular amino acid metabolic process	1225	138	51.3	2.20E-27	2.11E-24
BL	PB	Organonitrogen compound metabolic proces...	2764	227	115.7	2.50E-25	1.80E-22
BL	PB	Glucose catabolic process	460	74	19.3	8.30E-24	3.42E-21
BL	PB	Hexose catabolic process	460	74	19.3	8.30E-24	3.42E-21
BL	PB	Monosaccharide catabolic process	460	74	19.3	8.30E-24	3.42E-21
BL	PB	Generation of precursor metabolites and ...	860	104	36.0	6.00E-23	2.16E-20
BL	PB	Carbohydrate catabolic process	562	81	23.5	8.70E-23	2.59E-20
BL	PB	Single-organism carbohydrate catabolic p...	478	74	20.0	9.00E-23	2.59E-20
BL	FM	Pyruvate decarboxylase activity	14	12	0.6	3.20E-15	4.12E-12
BL	FM	Vitamin binding	65	20	2.8	1.80E-12	1.11E-9
BL	FM	Thiamine pyrophosphate binding	24	13	1.0	2.60E-12	1.11E-9
BL	FM	Oxidoreductase activity	2039	147	87.9	2.10E-10	6.69E-8
BL	FM	Sulfur compound binding	32	13	1.4	2.60E-10	6.69E-8
BL	FM	Alcohol dehydrogenase (nad) activity	22	11	1.0	4.10E-10	8.79E-8
BL	FM	Cation binding	4371	259	188.4	6.80E-9	1.25E-6
BL	FM	Metal ion binding	4222	251	182.0	9.80E-9	1.58E-6
BL	FM	Lyase activity	449	47	19.4	2.00E-8	2.86E-6
BL	FM	Cofactor binding	718	64	31.0	3.10E-8	3.99E-6
BL	CC	Transcription factor complex	270	51	11.3	8.10E-20	4.07E-17
BL	CC	Protein histidine kinase complex	12	7	0.5	1.40E-7	3.51E-5
BL	CC	Chromatin	236	29	9.9	2.10E-7	3.51E-5
BL	CC	6-phosphofructokinase complex	24	9	1.0	2.80E-7	3.51E-5
BL	CC	Nucleosome	158	20	6.6	1.00E-5	8.37E-4
BL	CC	Dna bending complex	158	20	6.6	1.00E-5	8.37E-4
BL	CC	Respiratory chain	138	18	5.8	1.90E-5	1.19E-3

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. PK = Pink. TQ = Turquoise. YL = Yellow.

Continúa en la página siguiente

Tabla B.2. (Continuación)

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
BL	CC	Mitochondrial respiratory chain	113	16	4.7	1.90E-5	1.19E-3
BL	CC	Dna packaging complex	168	20	7.0	2.50E-5	1.39E-3
BL	CC	Mitochondrial envelope	331	30	13.9	6.40E-5	3.21E-3
BR	PB	Photosynthesis, light harvesting	40	20	1.1	1.40E-21	4.04E-18
BR	PB	Carbon utilization	76	25	2.0	3.70E-21	5.34E-18
BR	PB	Response to red light	72	24	1.9	1.60E-20	1.54E-17
BR	PB	Response to far red light	71	23	1.9	2.20E-19	1.59E-16
BR	PB	Oxidation-reduction process	2256	129	59.2	3.10E-18	1.79E-15
BR	PB	Photosynthetic electron transport chain	64	21	1.7	6.00E-18	2.88E-15
BR	PB	Response to abiotic stimulus	2663	139	69.8	2.50E-16	1.03E-13
BR	PB	Response to light stimulus	964	71	25.3	2.60E-15	9.37E-13
BR	PB	Cofactor metabolic process	616	53	16.2	2.80E-14	8.97E-12
BR	PB	Response to blue light	89	20	2.3	1.20E-13	3.46E-11
BR	FM	Chlorophyll binding	18	10	0.4	2.10E-12	2.70E-9
BR	FM	Oxidoreductase activity, acting on iron....	7	5	0.2	1.60E-7	1.03E-4
BR	FM	Mannose-phosphate guanylyltransferase ac...	9	5	0.2	8.90E-7	2.14E-4
BR	FM	Oxidoreductase activity	2039	83	48.8	9.50E-7	2.14E-4
BR	FM	Poly-pyrimidine tract binding	24	7	0.6	1.00E-6	2.14E-4
BR	FM	Poly(u) rna binding	24	7	0.6	1.00E-6	2.14E-4
BR	FM	Oxidoreductase activity, acting on iron....	11	5	0.3	3.20E-6	5.88E-4
BR	FM	Carbonate dehydratase activity	12	5	0.3	5.30E-6	8.52E-4
BR	FM	Oxidoreductase activity, oxidizing metal...	13	5	0.3	8.40E-6	1.20E-3
BR	FM	Cysteine-type endopeptidase activity	45	8	1.1	1.00E-5	1.29E-3
BR	CC	Intracellular organelle part	4417	234	118.7	2.10E-29	6.29E-27
BR	CC	Organelle part	4423	234	118.8	2.60E-29	6.29E-27
BR	CC	Photosystem i	26	21	0.7	4.10E-29	6.61E-27
BR	CC	Envelope	1189	106	31.9	1.30E-28	1.57E-26
BR	CC	Organelle envelope	1180	105	31.7	2.90E-28	2.81E-26
BR	CC	Plastoglobule	74	29	2.0	1.30E-26	1.05E-24
BR	CC	Photosystem ii	39	21	1.1	2.80E-23	1.94E-21
BR	CC	Thylakoid lumen	65	21	1.8	1.40E-17	8.47E-16
BR	CC	Apoplast	506	49	13.6	7.80E-15	4.19E-13
BR	CC	Cytoplasmic part	14 065	453	377.8	2.00E-14	9.68E-13
GR	PB	Lipid transport	173	11	0.4	3.80E-13	1.10E-9
GR	PB	Lipid localization	247	11	0.6	1.80E-11	2.60E-8
GR	PB	Organic substance transport	1715	17	4.3	3.80E-7	3.66E-4
GR	PB	Single-organism transport	2789	20	6.9	4.30E-6	3.10E-3
GR	PB	Defense response to fungus	204	6	0.5	1.10E-5	6.35E-3
GR	PB	Systemic acquired resistance	135	5	0.3	2.10E-5	9.90E-3
GR	PB	Macromolecule localization	1389	13	3.5	2.40E-5	9.90E-3
GR	PB	Immune system process	511	8	1.3	3.40E-5	1.23E-2
GR	PB	Defense response to other organism	735	9	1.8	7.10E-5	2.28E-2
GR	PB	Response to fungus	299	6	0.7	9.40E-5	2.71E-2
GR	CC	Cytoplasmic membrane-bounded vesicle	3678	27	9.7	8.00E-8	1.08E-5
GR	CC	Cytoplasmic vesicle	3679	27	9.7	8.10E-8	1.08E-5
GR	CC	Membrane-bounded vesicle	3689	27	9.8	8.50E-8	1.08E-5
GR	CC	Vesicle	3691	27	9.8	8.60E-8	1.08E-5
GY	PB	Response to calcium ion	20	6	0.1	3.90E-10	1.13E-6
GY	PB	Heat acclimation	46	6	0.2	8.60E-8	9.62E-5
GY	PB	Rna secondary structure unwinding	10	4	0.1	1.00E-7	9.62E-5
GY	PB	Cellular response to calcium ion	13	4	0.1	3.50E-7	2.53E-4
GY	PB	Regulation of protein stability	21	4	0.1	2.80E-6	1.35E-3
GY	PB	Protein stabilization	21	4	0.1	2.80E-6	1.35E-3
GY	PB	Cellular response to metal ion	22	4	0.1	3.50E-6	1.44E-3
GY	PB	Cellular response to inorganic substance	23	4	0.1	4.20E-6	1.52E-3
GY	PB	Chalcone metabolic process	8	3	0.0	6.00E-6	1.73E-3
GY	PB	Chalcone biosynthetic process	8	3	0.0	6.00E-6	1.73E-3
GY	FM	Naringenin-chalcone synthase activity	8	3	0.0	5.50E-6	7.07E-3
GY	FM	Endopeptidase inhibitor activity	43	4	0.2	4.90E-5	1.43E-2
GY	FM	Endopeptidase regulator activity	43	4	0.2	4.90E-5	1.43E-2
GY	FM	Cysteine-type endopeptidase activity	45	4	0.2	5.90E-5	1.43E-2
GY	FM	Peptidase inhibitor activity	47	4	0.2	7.00E-5	1.43E-2
GY	FM	Peptidase regulator activity	47	4	0.2	7.00E-5	1.43E-2
GY	FM	Structure-specific dna binding	94	5	0.4	8.10E-5	1.43E-2

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. PK = Pink. TQ = Turquoise.  
YL = Yellow.

Continúa en la página siguiente

Tabla B.2. (Continuación)

M/R	Cat. GO	Término GO	Total GED anotados	GED observados	GED esperados	p-value	FDR
GY	FM	Single-stranded dna binding	50	4	0.2	8.90E-5	1.43E-2
GY	FM	Nitrate reductase (nadh) activity	5	2	0.0	2.20E-4	2.83E-2
GY	FM	Oxidoreductase activity, acting on other...	5	2	0.0	2.20E-4	2.83E-2
TQ	PB	Stilbene metabolic process	32	27	1.8	1.30E-29	1.87E-26
TQ	PB	Stilbene biosynthetic process	32	27	1.8	1.30E-29	1.87E-26
TQ	PB	Secondary cell wall biogenesis	46	30	2.6	5.80E-27	5.57E-24
TQ	PB	Small molecule metabolic process	3673	344	203.4	4.30E-26	3.10E-23
TQ	PB	Secondary metabolic process	386	81	21.4	6.70E-26	3.86E-23
TQ	PB	Coumarin metabolic process	39	27	2.2	1.80E-25	7.21E-23
TQ	PB	Coumarin biosynthetic process	39	27	2.2	1.80E-25	7.21E-23
TQ	PB	Alpha-amino acid metabolic process	889	131	49.2	2.00E-25	7.21E-23
TQ	PB	Secondary metabolite biosynthetic proces...	217	57	12.0	1.30E-23	4.16E-21
TQ	PB	Oxoacid metabolic process	2103	223	116.5	1.20E-22	3.41E-20
TQ	FM	Udp-glycosyltransferase activity	297	60	16.8	3.20E-18	4.12E-15
TQ	FM	O-methyltransferase activity	45	21	2.5	5.20E-15	2.70E-12
TQ	FM	Oxidoreductase activity	2039	198	115.0	6.30E-15	2.70E-12
TQ	FM	Heme binding	478	69	27.0	5.80E-13	1.86E-10
TQ	FM	Glucuronosyltransferase activity	31	16	1.8	1.30E-12	3.34E-10
TQ	FM	Tetrapyrrole binding	498	69	28.1	4.10E-12	8.79E-10
TQ	FM	Udp-glucosyltransferase activity	185	37	10.4	1.30E-11	2.39E-9
TQ	FM	Cellulose synthase (udp-forming) activit...	52	19	2.9	2.10E-11	3.38E-9
TQ	FM	Copper ion binding	346	53	19.5	3.10E-11	4.43E-9
TQ	FM	Cellulose synthase activity	54	19	3.1	4.50E-11	5.79E-9
TQ	CC	Cytoplasmic membrane-bounded vesicle	3678	322	210.3	5.30E-17	1.11E-14
TQ	CC	Cytoplasmic vesicle	3679	322	210.3	5.50E-17	1.11E-14
TQ	CC	Membrane-bounded vesicle	3689	322	210.9	8.20E-17	1.11E-14
TQ	CC	Vesicle	3691	322	211.0	8.90E-17	1.11E-14
TQ	CC	Cell wall	1004	112	57.4	5.50E-12	5.51E-10
TQ	CC	External encapsulating structure	1015	112	58.0	1.10E-11	9.19E-10
TQ	CC	Cell periphery	4141	326	236.7	6.30E-11	4.51E-9
TQ	CC	Plasma membrane	3503	271	200.3	2.90E-8	1.82E-6
TQ	CC	Apoplast	506	58	28.9	3.50E-7	1.95E-5
TQ	CC	Microtubule	205	29	11.7	6.00E-6	3.01E-4
YL	PB	Macromolecule metabolic process	9657	144	77.4	5.00E-30	1.44E-26
YL	PB	Cellular metabolic process	12760	151	102.3	7.10E-21	1.02E-17
YL	PB	Primary metabolic process	12758	149	102.2	6.80E-19	6.51E-16
YL	PB	Organic substance metabolic process	13392	150	107.3	5.20E-17	3.73E-14
YL	PB	Translational elongation	125	14	1.0	1.40E-12	8.04E-10
YL	PB	Cellular process	15182	152	121.7	1.60E-11	7.66E-9
YL	PB	Metabolic process	15670	152	125.6	1.10E-9	4.51E-7
YL	PB	Rna methylation	163	10	1.3	7.90E-7	2.84E-4
YL	PB	Regulation of translational elongation	53	6	0.4	4.10E-6	1.31E-3
YL	PB	Ribosome assembly	15	4	0.1	5.10E-6	1.47E-3
YL	FM	Rrna binding	76	14	0.6	6.30E-16	8.09E-13
YL	FM	Rna binding	1266	36	9.7	5.30E-12	3.40E-9
YL	FM	Translation elongation factor activity	69	6	0.5	1.50E-5	6.42E-3
YL	CC	Nucleus	3876	96	31.2	1.60E-29	7.70E-27
YL	CC	Cell periphery	4141	94	33.3	1.10E-25	2.65E-23
YL	CC	Plasma membrane	3503	84	28.2	1.10E-23	1.76E-21
YL	CC	Cytoplasm	14764	158	118.7	1.30E-17	1.56E-15
YL	CC	Cytoplasmic part	14065	154	113.1	2.10E-16	2.02E-14
YL	CC	Membrane	7871	111	63.3	2.10E-14	1.65E-12
YL	CC	Chloroplast	2945	63	23.7	2.40E-14	1.65E-12
YL	CC	Cell wall	1004	34	8.1	6.90E-13	4.15E-11
YL	CC	External encapsulating structure	1015	34	8.2	9.40E-13	5.02E-11
YL	CC	Intracellular organelle	15926	155	128.0	6.40E-10	2.84E-8

M/R = Módulo/Red. TR = Toda la red. BL = Blue. BR = Brown. GR = Green. GY = Grey. PK = Pink. TQ = Turquoise.  
 YL = Yellow.