

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIA FLORESTAL  
CURSO DE GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA FLORESTAL**

**BÁRBARA JOSSANY GOMES DE SANTANA**

**CIÊNCIAS “ÔMICAS” APLICADAS A ANÁLISE DE SEMENTES**

**RECIFE-PE  
2020**

**BÁRBARA JOSSANY GOMES DE SANTANA**

**CIÊNCIAS “ÔMICAS” APLICADAS A ANÁLISE DE SEMENTES**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Coordenação do Curso Bacharel em Engenharia Florestal da Universidade Federal Rural de Pernambuco, *campus* Recife como um dos requisitos para obtenção do grau de Engenharia Florestal.

**Orientador:** Marcone Moreira Santos

**Coorientadora:** Joselane Priscila Gomes da Silva

**RECIFE-PE  
2020**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Sistema Integrado de Bibliotecas  
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

S232c

Santana, Bárbara Jossany Gomes de Santana

Ciências "ômicas" aplicadas a análise de sementes / Bárbara Jossany Gomes de Santana Santana. - 2020.  
68 f. : il.

Orientador: Marcone Moreira Santos.

Coorientadora: Joselane Priscila Gomes da Silva.

Inclui referências.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Bacharelado em Engenharia Florestal, Recife, 2020.

1. Biotecnologia. 2. Lipidoma. 3. Metaboloma. 4. Proteoma. 5. Transcriptoma. I. Santos, Marcone Moreira, orient.  
II. Silva, Joselane Priscila Gomes da, coorient. III. Título

CDD 634.9

---

BÁRBARA JOSSANY GOMES DE SANTANA

**CIÊNCIAS “ÔMICAS” APLICADAS A ANÁLISE DE SEMENTES**

Aprovado em: 05 de novembro de 2020.

BANCA EXAMINADORA:

---

Prof. Dr. Ricardo Gallo  
(Universidade Federal Rural de Pernambuco)

---

Dr. Flávio José Rodrigues Cruz  
(Universidade Federal Rural de Pernambuco)

---

Prof. Dr. Marcone Moreira Santos  
(Orientador - Universidade Federal Rural de Pernambuco)

**RECIFE - PE**

**2020**

**Aos meus pais, Francilene Gomes de Sousa Santana e Josivan Lima de Santana, por terem trilhado essa jornada junto comigo, acreditando sempre no meu potencial e me encorajando a alcançar os meus objetivos, dedico.**

## AGRADECIMENTO

Primeiramente agradeço aos meus pais, Leninha e Jotinha, por todo incentivo e amor, por sempre estarem presentes nos momentos difíceis e por me darem todos os suportes necessários para conclusão dos meus estudos.

Aos meus familiares pela constante torcida e preocupação.

Agradeço à Universidade Federal Rural de Pernambuco por todas as condições e oportunidades que me foram fornecidas durante toda a graduação.

Aos meus orientadores, professor Dr. Marcone Moreira, pela excelente orientação, ideias, apoio, paciência e contribuições durante o desenvolvimento deste trabalho e Joselane, pela coorientação e constantes contribuições e ensinamentos neste trabalho e durante toda a graduação.

À Djennyfer, pela parceria e companheirismo de sempre, pelo apoio, carinho, conselhos, pelas inúmeras leituras, revisões, ensinamentos e contribuições neste trabalho e na vida.

Aos colegas de graduação, em especial à Lucas, Felipe, Leo e Layanne, por toda amizade e conhecimentos construídos durante o curso.

Ao PET Engenharia Florestal, pela contribuição para o meu crescimento pessoal e profissional. Aos membros do grupo pelos inúmeros aprendizados e paciência.

À Marcelo Nogueira, por todas às oportunidades e confiança.

Aos meus amigos, Paulinho e Leandro, por estarem sempre presentes, me apoiando, ouvindo, aconselhando e pelos bons momentos.

Ao Professor Marangon, pelas primeiras oportunidades na pesquisa durante a graduação e excelente orientação.

Aos que contribuíram direta e indiretamente para minha formação pessoal e profissional durante a graduação, obrigada!

## RESUMO

A análise de sementes diz respeito à avaliação da qualidade dessas por meio da utilização de diferentes técnicas para as mais variadas finalidades, entre elas: análises para atestar a qualidade física e fisiológica das sementes. Muitas ferramentas podem ser utilizadas, dentre elas as ciências “ômicas”. Esse conjunto de abordagens pode ser considerado um avanço tecnológico substancial para análise de sementes. Das técnicas que fazem parte deste conjunto de ciência, destacam-se: a transcriptômica (estudo dos transcritos genéticos, RNA's), a proteômica (estudo das proteínas), a metabolômica (estudo dos metabolomas) e a lipidômica (estudo dos lipídios). No entanto, no que diz respeito a análise de sementes florestais, essas técnicas ainda são pouco difundidas. Diante disso, objetivou-se com esse trabalho desenvolver uma revisão de literatura sistemática e integrativa sobre o uso das ciências “ômicas” para análise de sementes, destacando seus objetivos e tecnologias utilizadas. Para tal, montou-se um banco de dados utilizando o *Google* acadêmico como ferramenta de busca. Foram estabelecidos termos de busca em português e em inglês, os quais foram: transcriptoma, proteoma, metaboloma, lipidoma para análise de sementes e para sementes florestais, *transcriptomic, proteomic, metabolomic, lipidomic for seeds, for forest seeds analysis, for seeds analysis*. Os trabalhos selecionados foram agrupados em tabelas de acordo com a técnica utilizada: Transcriptômica, Proteômica, Metabolômica e Lipidômica. Também foram identificadas as espécies, finalidade do estudo, a classificação quanto ao uso (Agrícola, Florestal, Medicinal e Outros), origem dos estudos (nacional ou internacional) e ano de publicação. Foram analisados um total de 105 estudos, dos quais, 64 corresponderam a espécies agrícolas, 18 florestais, 10 medicinal e 13 classificados como outros. Entre todos os estudos analisados, 77% corresponderam a estudos internacionais. Dentre os estudos nacionais, as técnicas mais expressivas foram: Transcriptômica e Proteômica com 38% e 28%, respectivamente. Já com relação ao ano de publicação, a mais antiga foi de Proteômica, no ano de 2001. Quanto a classificação de uso das espécies estudadas, o maior número de estudos foi desenvolvido com espécies agrícolas, devido maior desenvolvimento e investimentos do setor, que possui mais recursos para investimento em tecnologias avançadas. Entretanto, mesmo que as espécies florestais sejam menos estudadas, observa-se que o campo das ômicas é uma área promissora e em desenvolvimento, podendo ter diversas aplicações no futuro. Para isso, ressalta-se a importância de ampliar os investimentos em pesquisas no âmbito das sementes florestais, sobretudo para espécies nativas, cujo os conhecimentos são incipientes diante da diversidade e importância das espécies.

**Palavras-chave:** Biotecnologia, lipidoma, metaboloma, proteoma, transcriptoma.

## ABSTRACT

Seed analysis consists of the evaluation of seed quality through the use of different techniques for the most varied purposes. Many tools can be used, among them the “omics” sciences. This set of approaches can be considered a substantial technological advance for seed analysis. Within the techniques that are part of this set of science, the following stand out: transcriptomics (study of genetic transcripts, RNA’s), proteomics (study of proteins), metabolomics (study of metabolites) and lipidomics (study of lipids). However, in relation to the forest seed analysis, these techniques are still not widespread. Thus, the objective of this work was to develop an exploratory study on the use of “omics” sciences for seed analysis, highlighting their objectives and technologies used. To this end, a database was created using Google academic as a search tool. Search terms were established in Portuguese and in English, which were: *transcriptoma*, *proteoma*, *metaboloma*, *lipidoma para análise de sementes e para sementes florestais*, transcriptomic, proteomic, metabolomic, lipidomic for seeds, for forest seeds analysis, for seeds analysis. The selected studies were grouped in tables according to the technique used: Transcriptomics, Proteomics, Metabolomics and Lipidomics. Species, purpose of the study, classification regarding use (Agricultural, Forestry, Medicinal and Others), origin of the studies (national or international) and year of publication were also identified. A total of 105 studies were analyzed, in which 64 corresponded to agricultural species, 18 forestry, 13 others and 10 were classified as medicinal. Between all the studies analyzed, 77% corresponded to international studies. Among the national studies, the most expressive techniques were: Transcriptomics and Proteomics with 38% and 28%, respectively. Regarding the year of publication, the oldest was Proteomics, in 2001. Regarding the classification of use for the species studied, the largest number of studies was developed with agricultural species, due to the greater development and investments of the sector, which has more resources for investment in advanced technologies. However, even if forest species are less studied, it is observed that the field of omics is a promising and developing area, and may have several applications in the future. Therefore, the importance of expanding investments in research in the field of forest seeds is emphasized, especially for native species, whose knowledge is incipient in view of the diversity and importance of species.

**Keywords:** Biotechnology, lipidome, metabolome, proteome, transcriptome.



## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Quantidade de trabalhos de acordo com a origem para cada análise. Transcriptômica (A); Proteômica (B); Metabolômica (C); Lipidômica (D).....	27
Figura 2- Distribuição da quantidade de trabalhos de acordo com ano de publicação para cada análise. Transcriptômica (A); Proteômica (B); Metabolômica (C); Lipidômica (D).....	28
Figura 3- Porcentagem de estudos transcriptômicos desenvolvidos com espécies florestais.....	29
Figura 4- Porcentagem de estudos proteômicos desenvolvidos com espécies florestais.....	30
Figura 5- Porcentagem de estudos metabolômicos desenvolvidos com espécies florestais.....	31
Figura 6- Porcentagem de estudos lipidômicos desenvolvidos com espécies florestais.....	32
Figura 7- Distribuição proporcional das pesquisas realizadas de acordo com o tipo de espécies e as respectivas análises de Transcriptoma, Proteoma, Metaboloma e Lipidoma.....	33

## **LISTA DE TABELAS**

Tabela 1 - Banco de dados sobre análise Transcriptômica em sementes.....	16
Tabela 2 - Banco de dados sobre análise Proteômica em sementes.....	19
Tabela 3 - Banco de dados sobre análise Metabolômica em sementes.....	22
Tabela 4 - Banco de dados sobre análise Lipidômica em sementes.....	25

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	1
1.1	OBJETIVOS .....	3
1.1.1	<b>Objetivo geral:</b> .....	3
1.1.2	<b>Objetivos específicos:</b> .....	3
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	4
2.1	ANÁLISE DE SEMENTES .....	4
2.2	BIOTECNOLOGIA .....	5
2.3	CIÊNCIAS “ÔMICAS” .....	6
2.4	TRANSCRIPTÔMICA .....	7
2.5	PROTEÔMICA .....	9
2.6	METABOLÔMICA .....	11
2.7	LIPIDÔMICA .....	13
<b>3</b>	<b>METODOLOGIA</b> .....	15
<b>4</b>	<b>RESULTADOS</b> .....	16
4.1	BANCO DE DADOS .....	16
4.2	ANÁLISE DE DADOS .....	28
4.3	TRANSCRIPTÔMICA .....	30
4.4	PROTEÔMICA .....	31
4.5	METABOLÔMICA .....	32
4.6	LIPIDÔMICA .....	33
4.7	ANÁLISE GERAL .....	34
<b>5</b>	<b>DISCUSSÃO</b> .....	35
<b>6</b>	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	40
<b>7</b>	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	41

## 1 INTRODUÇÃO

A compreensão e desenvolvimento das técnicas de biotecnologia trouxeram oportunidades tecnológicas marcantes para a agricultura, sobretudo para o melhoramento genético vegetal. Destacam-se como ferramentas biotecnológicas importantes, as análises bioquímicas e moleculares, (BINO et al., 1998), podendo considerar as tecnologias “ômicas” as ferramentas mais relevantes em estudos que buscam melhorar as safras agrícolas, porque permitem acelerar e otimizar os processos de melhoramento genético, podendo melhorar a produtividade e a resistência a fatores adversos bióticos e abióticos de muitas culturas (BOTERO; ARIAS, 2018).

As ciências “ômicas”, são um avanço tecnológico considerável para análise de sementes, já que a maioria dos estudos se concentram em alterações fisiológicas e bioquímicas e não nos mecanismos moleculares (QU et al., 2019a). No entanto, é possível observar que estudos mais recentes vêm estabelecendo bases para revelar os mecanismos moleculares envolvidos em processos complexos relacionados à germinação e qualidade fisiológica das sementes.

Embora ainda seja uma área em desenvolvimento, as ômicas já possuem um elevado impacto para o melhoramento genético de plantas, produção de sementes com alta produtividade, resistência a pragas e doenças e elevada capacidade de armazenamento (PEREIRA, 2014).

As técnicas “ômicas” empregadas no campo da biotecnologia vegetal são diversas, podendo citar: transcriptômica (estudo dos transcritos genéticos, RNA's), proteômica (estudo das proteínas), metabolômica (estudo dos metabolomas) e lipidômica (estudo dos lipídios) (FUNARI et al., 2013; ROLIM et al., 2015; CANUTO et al., 2018).

A utilização dessas diferentes técnicas pode auxiliar na identificação de mecanismos regulatórios e redes responsáveis pela expressão gênica (PAIS, 2019), o que pode ser uma ferramenta valiosa no entendimento dos processos biológicos a nível molecular por fornecer uma visão completa do estado biológico de uma planta (PEREIRA, 2014; CARTEA, 2017). Podendo assim auxiliar na identificação de fatores relacionados à resistência aos diferentes estresses (CARTEA, 2017), rede de genes expressos com importância no desenvolvimento de uma determinada estrutura, ou na resposta de um organismo a um estímulo externo (PEREIRA, 2014).

O uso combinado das diferentes ômicas permite um entendimento mais abrangente sobre os mecanismos moleculares envolvidos em diversos processos biológicos, desta forma,

fornece uma base mais precisa para programas de melhoramento (BOTERO; ARIAS, 2018). Entretanto, a combinação das técnicas ainda é o principal gargalo, pois, tentar entender o sistema completo é um desafio (WAY et al., 2014) e dificilmente um pesquisador será capaz de lidar com todas os métodos necessários provenientes de várias áreas de pesquisa no mesmo nível de competência (CASTELL; ERNST, 2012), desta forma, caracterizando-se como uma área multidisciplinar.

É importante salientar que estudos envolvendo as ciências ômicas geram uma grande quantidade de informações, sendo assim, necessário fazer uso da bioinformática ou biologia computacional para análise de dados e interpretação dos resultados de diferentes abordagens ômicas (THOMAS et al., 2011; EBEED, 2020). O que não é algo simples, pois, além de necessitar de bom poder computacional, também é necessário pessoas capacitadas para executar tais análises (HORNER et al., 2010), evidenciando a importância da capacitação de profissionais para o domínio dessas ferramentas biotecnológicas (ESPINDOLA et al., 2010).

As ômicas integradas poderão contribuir para uma compreensão mais ampla dos sistemas biológicos, contudo, a combinação das diferentes técnicas ainda é um dos principais desafios (WAY et al., 2014), por ser de difícil interpretação e também por apresentarem alto custo (HORNER et al., 2010). Ainda assim as ômicas se caracterizam como uma ferramenta poderosa para a elucidação de vários mecanismos de síntese de substâncias, regulação, vias metabólicas, entre outros (SEN, 2009; KE et al., 2015).

Para análise de sementes propriamente dita, o uso das ciências ômicas ainda está se difundindo, entretanto já apresenta diferentes aplicações, destacando a identificação de genes funcionais em diferentes estágios de desenvolvimento e durante a germinação, entendimento da expressão de genes relacionados à tolerância aos diferentes estresses, entender as vias envolvidas na biossíntese e acumulação de óleo, acúmulo de compostos medicinais, dormência e maturação (ROCHA, 2012; TEIXEIRA, 2014; WANG et al., 2018; YI et al., 2019; ZHANG et al., 2019). Sendo possível também identificar proteínas relacionadas à qualidade fisiológica de sementes, revelar a dinâmica metabólica durante o desenvolvimento, avaliar o efeito da fertilização mineral e a resposta das sementes à irrigação, podendo ainda localizar lipídeos e analisar sua composição (ZHOU et al., 2014; SREEDHAR et al., 2015; WANG et al., 2016; QU et al., 2019b; LIU et al., 2020).

Tais abordagens tem um alto potencial para o setor de produção de sementes, podendo contribuir para melhoria das sementes em geral, inclusive as de espécies

florestais, nativas e exóticas, subsidiando a compreensão dos mecanismos relacionados à qualidade das mesmas (SEN, 2009). Além disso, contribui para análise de sementes, possibilitando realizar estudos mais avançados e permitindo assim, melhor entendimento sobre os meios utilizados nas respostas as perturbações bióticas e abióticas, identificar genes de interesse para o melhoramento genético, entender os processos envolvidos na germinação e dormência, além de outras finalidades, como identificação, quantificação e entendimento de proteínas, metabólitos e lipídios, os quais podem apresentar interesses tecnológicos e econômicos.

Desta forma, estudos com a finalidade de construir um banco de dados sistematizado e integrativo sobre tais tecnologias podem fornecer um panorama geral sobre o atual cenário para análise de sementes, além de, reunir informações que poderão ser utilizadas para entendimento das perspectivas futuras e desafios relacionados ao uso das ciências ômicas para análise de sementes.

## 1.1 OBJETIVOS

### 1.1.1 Objetivo geral:

Desenvolver um estudo de revisão sistemática e integrativa sobre o uso das ciências “ômicas” para análise de sementes e traçar um panorama de uso dessas para análise de sementes florestais.

### 1.1.2 Objetivos específicos:

- Montar um banco de dados de acordo com as espécies estudadas, destacando as respectivas finalidades dos estudos para análises transcriptômica, proteômicas, metabolômicas e lipidômicas;
- Verificar quais as principais finalidades observadas e espécies mais estudadas;
- Realizar uma análise sobre o atual cenário para análises de sementes florestais;
- Identificar e abordar as perspectivas para o uso das ciências “ômicas” para análise de sementes florestais.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 ANÁLISE DE SEMENTES

A análise de sementes diz respeito à avaliação da qualidade das sementes, por meio do desenvolvimento de técnicas para as mais variadas finalidades, podendo citar as análises para atestar a qualidade física e fisiológica das sementes (PIÑA-RODRIGUES; NOGUEIRA; PEIXOTO, 2007). Os principais testes utilizados e recomendados pela Regras para Análise de Sementes (RAS), publicada pelo Ministério da Agricultura (MAPA) são: teste de germinação, teste de grau de umidade, teste de sanidade, teste de uniformidade, testes de pureza, peso de mil sementes, teste de tetrazólio e teste de raio-x (BRASIL, 2009; BRASIL, 2013).

A avaliação da qualidade das sementes é de grande relevância, principalmente, para semeadura e armazenamento, pois fornece dados que expressam a qualidade física, genética, sanitária e fisiológica das sementes (WIELEWICK et al., 2006). Segundo Bianchetti (1981), a qualidade fisiológica engloba todos os atributos (viabilidade, teor de umidade, vigor, tamanho, aparência, longevidade, etc.) que indicam sua capacidade de desempenhar funções vitais. De modo geral, a qualidade fisiológica é avaliada pelo teste de germinação e vigor (BIANCHETTI, 1981; MINUZZI et al., 2010)

Já a qualidade física está associada a caracteres morfológicos das sementes, tendo relação com o preenchimento das sementes, ruptura no tegumento, danos mecânicos e ou ataque de insetos (FORTI; CICERO; PINTO, 2010). Os testes de raio-x são amplamente aceitos para verificar a qualidade física, por conseguirem identificar rapidamente as injúrias sofridas e também por ser não destrutivo (OLIVEIRA; CARVARLHO; DAVIDE, 2003). Além disso, também fornecem informações sobre a qualidade fisiológica das sementes, pois, injúrias físicas refletem na germinação, desta forma ocasionando diminuição na qualidade (TONETTI; DAVIDE; SILVA, 2006).

A análise de sementes é utilizada para diversas finalidades, podendo citar estudos sobre dormência (BASKIN; BASKIN, 2004), biometria e morfologia (SCHNEIDER et al., 2020), tolerância ao estresse hídrico (AZERÊDO; PAULA; VALERI, 2016), estresse salino (DALCHIAVON; NEVES; HAGA, 2016), estresse térmico (SANTOS et al., 2019), entre outros.

No entanto, para avaliação dos estudos em sementes em laboratório, é indispensável dispor de uma padronização para cada espécie, pois cada cultura possui sementes com características diferenciadas quanto ao seu comportamento (WIELEWICK et al., 2006). Sementes de grandes culturas comerciais, como as espécies agrícolas, já apresentam padrões a serem adotados, o que é superior em número se comparado com as espécies florestais (BRASIL, 2009; BRASIL, 2013). Desta forma, faltam padrões para as espécies florestais nativas (PIÑA-RODRIGUES; NOGUEIRA; PEIXOTO, 2007), pois o número de espécies com pouca ou nenhuma informação científica ainda é grande, devido a enorme diversidade de espécies nos ecossistemas brasileiros (FARIA et al., 2019).

Outras técnicas mais recentes, do final do século XX, também têm sido utilizadas para análise de sementes, podendo citar o uso da biotecnologia, onde se aplicam técnicas mais avançadas de análise molecular para, de modo geral, entender e melhorar a qualidade das sementes (CARRER; BARBOSA; RAMIRO, 2010).

## 2.2 BIOTECNOLOGIA

A biotecnologia diz respeito à vários métodos e ferramentas de manipulação de seres vivos ou parte destes com finalidades econômicas, incluindo técnicas que desde o início do século XX são amplamente empregadas na agricultura (SILVEIRA; BORGES; BUAINAIN, 2005). Dentre as principais técnicas de biotecnologia utilizadas nas últimas décadas, podemos destacar: o controle biológico de pragas, cultura de tecidos e a fixação biológica de nitrogênio, além disso, o conceito refere-se a técnicas modernas de modificação direta do DNA de uma planta ou de qualquer organismo vivo, alterando as características desse organismo ou introduzindo novas (SILVEIRA; BORGES; BUAINAIN, 2005).

A semente é o principal material de propagação para a maioria das culturas comerciais (BINO et al., 1998) e a sua produção está diretamente ligada ao melhoramento das espécies (PIÑA-RODRIGUES; NOGUEIRA; PEIXOTO, 2007). Desta forma, a descoberta da tecnologia do DNA recombinante, fez com que nos anos 70 emergisse a biotecnologia moderna, significando uma mudança radical na estrutura do mercado da indústria de sementes (SILVEIRA; BORGES; BUAINAIN, 2005).

Sendo assim, sementes de qualidade são fundamentais para o sucesso da produção, partindo desta visão a biotecnologia passou a ser incorporada no setor agrícola a partir de 1996, por meio de sementes modificadas geneticamente (SILVEIRA; BORGES;



BUAINAIN, 2005). Esta foi uma contribuição importante da biotecnologia moderna ao setor agrícola, tornando possível criar novas espécies a partir da transferência de genes entre indivíduos distintos, transferência esta que tem o objetivo de desenvolver uma cultura com características de importância econômica, por exemplo, plantas que apresentam resistência a pragas, vírus, (SILVEIRA; BORGES; BUAINAIN, 2005) ou a condições ambientais adversas.

Para sementes florestais, desenvolveram-se programas de melhoramento apenas para espécies exóticas de importância silvicultural, tais como *Pinus* e *Eucalyptus* (PIÑA-RODRIGUES; NOGUEIRA; PEIXOTO, 2007). Já para sementes de espécies florestais nativas não houve desenvolvimento substancial de atividades de melhoramento e conseqüentemente da utilização da biotecnologia, pois a produção é uma atividade de base familiar e comunitária, apresentando ainda gargalos tecnológicos básicos (FREIRE; URZEDO; PIÑA-RODRIGUES, 2017).

Várias técnicas básicas e avançadas vêm sendo utilizadas para entender e melhorar a qualidade das sementes, contudo, os avanços tecnológicos têm introduzido novas técnicas eficazes para análise da qualidade. Entre elas, estão as análises bioquímicas e moleculares, importantes para determinar, por exemplo, a época ideal para a colheita, longevidade em armazenamento, detecção de eventos que são intimamente associados à qualidade e respostas das sementes a estresses ambientais (BINO et al., 1998).

A caracterização molecular do material genético de espécies cultivadas é o primeiro passo para iniciar programas de melhoria da planta, as técnicas de sequenciamento genômico e o desenvolvimento de ferramentas de bioinformática aceleraram os programas de melhoramento de espécies com interesse agrônomo e representam oportunidades para conhecer, compreender e classificar com mais profundidade e detalhes, os recursos genéticos vegetais que podem ser incorporados a programas de melhoramento de culturas (BOTERO; ARIAS, 2018).

### 2.3 CIÊNCIAS “ÔMICAS”

O desenvolvimento das ciências ômicas causou uma verdadeira revolução científica, sendo hoje amplamente utilizadas no estudo dos sistemas biológicos (GUEDES, 2018). As ômicas têm o objetivo de quantificar, caracterizar e/ou identificar todo o conjunto de biomoléculas (genes, proteínas, metabólitos, etc.) contidos em um tecido, célula ou organismo biológico, gerando uma enorme quantidade de dados que são avaliados por

ferramentas de bioestatística e bioinformática (SUSSULINI, 2017). Fazem parte deste conjunto de ciências, a transcriptômica (estudo dos transcritos genéticos, RNA's), a proteômica (estudo das proteínas), a metabolômica (estudo dos metabolomas) e a lipidômica (estudo dos lipídios) (FUNARI et al., 2013; ROLIM et al., 2015; CANUTO et al., 2018).

Na área da biologia molecular as ômicas tornaram-se mais relevantes em estudos que buscam melhorar as safras agrícolas porque podem acelerar e otimizar os processos de melhoramento genético, permitindo melhorar a produtividade e a resistência a fatores adversos bióticos e abióticos de muitas culturas (BOTERO; ARIAS, 2018).

Recomenda-se a combinação das diferentes ômicas, principalmente, para programas de melhoramento genético por serem complementares e permitirem que decisões mais precisas sejam tomadas durante os processos de seleção de características de interesse (BOTERO; ARIAS, 2018). A combinação das técnicas ainda é o principal gargalo, pois, o gene atua em várias vias e está associado a regulações metabólicas, logo, tentar entender o sistema completo uma vez que não é possível isolá-lo pode ser um desafio (WAY et al., 2014).

Além disso, mesmo as tecnologias de sequenciamento estando mais acessível, a utilização em mais de uma abordagem ainda é cara e necessita de um bom poder computacional e de pessoas capacitadas a executar estas análises multidisciplinares (HORNER et al., 2010).

Para análise de sementes, as ciências ômicas podem auxiliar estudos sobre diversos enfoques, podendo destacar a identificação de genes funcionais em diferentes estágios de desenvolvimento e durante a germinação, entendimento da expressão de genes relacionados à tolerância aos diferentes estresses, entender as vias envolvidas na biossíntese e acumulação de óleo, acúmulo de compostos medicinais, dormência e maturação (ROCHA, 2012; TEIXEIRA, 2014; WANG et al., 2018; YI et al., 2019; ZHANG et al., 2019). Sendo possível também identificar proteínas relacionadas à qualidade fisiológica de sementes, revelar a dinâmica metabólica durante o desenvolvimento, avaliar o efeito da fertilização mineral e a resposta das sementes à irrigação, podendo ainda localizar lipídeos e analisar sua composição (ZHOU et al., 2014; SREEDHAR et al., 2015; WANG et al., 2016; QU et al., 2019b; LIU et al., 2020).

## 2.4 TRANSCRIPTÔMICA

Transcriptômica consiste na ciência que estuda o transcriptoma, ou seja, o conjunto completo de transcrições em uma célula e sua quantidade, para um estágio de desenvolvimento específico ou condição fisiológica (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009), os autores destacam que a compreensão do transcriptoma é essencial para a interpretação dos elementos funcionais do genoma e revelar os constituintes moleculares de células e tecidos, além de ser importante para entender e quantificar os níveis dos transcritos durante o desenvolvimento e sob diferentes condições.

Os transcritos podem ser obtidos por tecnologias de sequenciamento, sendo a mais recente, a técnica de RNA-Seq (sequencial) (ALVES FILHO, 2013). O RNA-Seq é o primeiro método baseado em sequenciamento que permite pesquisar todo o transcriptoma em um alto rendimento e de forma quantitativa (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009).

O advento de métodos baseados em sequenciamento de alto rendimento mudou a maneira como transcriptomas são estudados, o RNA-Seq envolve o sequenciamento direto de DNAs complementares (cDNAs) usando tecnologias de sequenciamento de DNA de alto rendimento seguido pelo mapeamento das leituras de sequenciamento para o genoma, desta forma, fornece uma compreensão abrangente da complexidade dos transcriptomas eucarióticos, na medida em que permite a identificação de exons, regiões do DNA que codificam proteínas e íntrons, regiões que não codificam proteínas, o mapeamento de seus limites e a identificação das extremidades 5' e 3' dos genes (NAGALAKSHMI; WAERN; SNYDER, 2010; ZLOTORYNSKI, 2019).

Comparado a outros métodos, o RNA-Seq oferece menos ruído de fundo e uma maior dinâmica faixa de detecção, além disso, revela diretamente a identidade da sequência, crucial para a análise de genes desconhecidos e de novas isoformas de transcrição (HRDLICKOVA; TOLOUE; TIAN, 2016).

Os estudos com abordagem transcriptômicas permitem a identificação de genes expressos em resposta às condições ambientais com funções de interesse para melhorar a produtividade de culturas comerciais, desta forma orientando os planos de melhoramento genético (BOTERO; ARIAS, 2018). Entretanto, há uma dificuldade em compreender genes associados à germinação de sementes devido à complexidade do processo, porém, tal exploração é útil para identificar os genes envolvidos no aumento da tolerância das espécies a condições adversas, pois é possível verificar não somente a expressão de genes, como também a síntese de substâncias que contribuem para adaptação das espécies ao meio (ZHANG et al, 2019), aumentando assim a compreensão do mecanismo de

germinação, mobilização de reservas e vias metabólicas (ZAYNAB et al., 2018).

Normalmente os estudos relacionados ao transcriptoma estão relacionados ao estresse por déficit hídrico, permitindo identificar transcritos relacionados a estas condições e classificá-los dentro de mapas metabólicos, entre eles podendo citar o metabolismo de glicerolipídeos, galactose, glicólise/gliconeogênese, fenilalanina, metabolismo do amido e sacarose (VASCONCELOS, 2015).

Alguns genes podem ser selecionados a partir das sequências identificadas nos mapas metabólicos. Vasconcelos (2015), estudando transcriptoma de *Tectona grandis* L.f., selecionou alguns que tinham certa influência com o estresse sofrido por déficit hídrico, os quais foram, trealose 6-fosfato sintase (*TgTPS*), estando relacionado à biossíntese de trealose, um importante carboidrato com função osmorregulatória e uma aquaporina de membrana plasmática (*TgPIP*), relacionada à entrada de moléculas de água e outras substâncias para o interior da célula, além disso foram identificados dois fatores de transcrição relacionados ao estresse por déficit hídrico: DREB2 (*TgDREB2*), o qual é ativado pela desidratação celular, e AREB (*TgAREB*), ativado pela presença de ácido abscísico (ABA).

Outras possibilidades para estudos transcriptômicos são o desenvolvimento de análises de diferentes tecidos, observar as respostas expressionais a diferentes estresses abióticos (WANG et al., 2016) e entender mudanças nos padrões de expressão gênica durante a domesticação (GAO et al. , 2018). Os autores destacam que a variação da expressão gênica é o principal evento de evolução durante a divergência de espécie silvestre e cultivada, havendo divergência de expressão gênica em torno do estágio de desenvolvimento da semente, na rede do ciclo celular, respostas fisiológicas e variações morfológicas relacionadas a frutos e sementes durante a domesticação.

## 2.5 PROTEÔMICA

O estudo do proteoma, denominado proteômica, visa caracterizar globalmente todos os componentes em um proteoma, analisar as funções de proteínas, modificações e as interações entre elas (TYERS ; MANN, 2003). O termo proteômica passou a ser utilizado na década de 90, a partir dos avanços na química de proteínas permitindo a realização de estudos em larga escala das proteínas expressas pelos genomas (ALVES FILHO, 2013; FARIAS, 2019).

O proteoma de um organismo, tecido ou célula é altamente dinâmico e vai depender inclusive de mudanças ambientais, portanto nos estudos serão apresentadas as proteínas que refletem a expressão gênica naquele momento (RUEBELT, LEIMGRUBER, et al., 2006). As proteínas executam atividades vitais, portanto, a análise em grande escala do proteoma é benéfica para elucidar várias questões (DOMON; AEBERSOLD, 2006). Entre elas, destacam-se as respostas positivas de culturas sob estresse, estando associadas a alterações nas proteínas em resposta ao estresse sofrido e essas alterações podem ser identificadas por meio de técnicas moleculares, como análise proteômica (MARTINS et al., 2017). A proteômica também fornece uma visão global da expressão gênica e dinâmica das proteínas durante a germinação das sementes, além disso, auxilia na compreensão dos mecanismos envolvidos na melhora de desempenho das sementes (YACOUBI et al., 2013).

Martins et al. (2017), em estudo cujo objetivo era entender os mecanismos associados a tolerância ao estresse térmico, utilizou um gradiente térmico de 9° a 31 °C, para sementes de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, utilizando análises proteômicas, identificou 21 proteínas, as quais foram classificadas em sete categorias funcionais, ou seja, desenvolvimento, transporte de elétrons e de açúcares, ciclo celular, ciclo de Krebs e estresse.

Para o desenvolvimento de tal análise é preciso seguir metodologias e utilizar ferramentas, entre elas, destacam-se a eletroforese bidimensional, a espectrometria de massas e ferramentas de bioinformática que, além de analisarem criam e gerenciam banco de dados (ALVES FILHO, 2013).

A eletroforese bidimensional (2DE) é uma técnica que resulta de uma associação entre a focalização isoeletrica e eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante, esta técnica apresenta uma maior capacidade para separar misturas complexas e consiste na separação das proteínas conforme o seu ponto isoeletrico pela focalização isoeletrica na primeira dimensão e na segunda dimensão, consiste na separação das proteínas conforme suas massas moleculares (BEZERRA JÚNIOR et al., 2013).

Já a espectrometria de massa (EM) é uma técnica que permite avaliar a massa molecular dos compostos e quantificá-los, identificando compostos desconhecidos, estrutura de moléculas e determinando as modificações pós-traducionais, desta forma, aplicada à análise de biomoléculas, esta técnica fornece informações precisas sobre a

massa molecular e sequenciamento de peptídeos, por meio dos quais possibilita a identificação de proteínas (CELEDÓN, 2006; BEZERRA JÚNIOR et al., 2013).

Com a sofisticação das técnicas de análise, a identificação de proteínas de forma visual tornou-se um tarefa pouco confiável e muito demorada, desta forma a bioinformática por meio de softwares oferece métodos automáticos, práticos e estatisticamente seguros para estudos proteômicos (ROCHA et al., 2005), podendo citar o *software Image Master 2d Platinum* (PAWLOWSKI et al. 2019), que permite a contagem do número de *spots* e caracterização automática da massa molecular, além de outros recursos (ROCHA et al., 2005).

## 2.6 METABOLÔMICA

Metabolômica é uma tecnologia utilizada para obter informações abrangentes sobre o metaboloma, o qual diz respeito a um conjunto diversificado de moléculas de baixo peso molecular (metabólitos), presentes em uma célula ou organismo em um determinado estágio fisiológico ou de desenvolvimento (OLIVER et al., 1998). É um marco entre o desenvolvimento das ciências “ômicas” e foi introduzido por Oliver Fiehn por volta de 2001 (FIEHN, 2001).

Nos últimos 20 anos, o número de estudos metabólicos baseados em espectrometria de massa (MS) em plantas cresceu exponencialmente e a metabolômica vegetal se estabeleceu como uma ferramenta poderosa para tratar de questões biológicas relacionadas ao crescimento e desenvolvimento da planta e as respectivas respostas da planta às perturbações ambientais (JORGE et al., 2016).

A técnica pode ser dividida em duas abordagens, metabolômica alvo (do inglês, *targeted metabolomics*), uma análise quantitativa de metabólitos pré-selecionados, podendo ser um ou mais, de classes químicas ou rotas metabólicas definidas e metabolômica global (do inglês, *untargeted metabolomics*), fundamentada na análise qualitativa de um número maior de metabólitos no sistema biológico em estudo, podendo eles ser de diferentes classes químicas (FIEHN, 2001; CANUTO et al., 2018).

Os metabólitos diferem em estrutura, tamanho e propriedades físico-químicas de acordo com o envolvimento em processos metabólicos, eles são categorizados em primários e secundários (TOUBIANA; FAIT, 2012). Segundo os autores, podem ocorrer alterações celulares causadas tanto por fatores endógenos (sinais de desenvolvimento) como por fatores exógenos (sinais ambientais) nos quais o sistema se reorganiza e

provavelmente inclui mudanças na expressão gênica, regulação pós-transcricional/pós-tradução e atividade enzimática, levando a um conjunto de mudanças no perfil metabólico para atingir um novo estado estacionário celular.

Devido a isto, os estudos metabolômicos são frequentemente considerados como a resposta final dos sistemas biológicos frente às alterações ambientais (RODRIGUES; BARROS; ANTÓNIO, 2019). Apesar da complexidade da regulação, o perfil metabólico representa uma ferramenta relativamente rápida e acessível para monitorar os efeitos das modificações genéticas, condições ambientais, respostas ao estresse e suas combinações no metabolismo de um órgão, tecido ou grupo de células (NELSON; GANDOTRA ; TAUSTA, 2008).

Podendo ser utilizados para detectar mudanças metabólicas em diferentes estágios de germinação de sementes e pós-germinação, identificando fatores de transcrição e as vias metabólicas que desempenham um papel importante nos estágios específicos de germinação (QU et al., 2019a). Também auxiliam na compreensão dos mecanismos que regulam as características de qualidade das sementes, como amido, óleo e teor de proteína (SEN, 2009).

As características da qualidade nutricional das sementes como tamanho, dormência, germinação e vigor da muda são claramente dependentes dos processos metabólicos durante o desenvolvimento da semente, portanto, marcadores metabólicos também podem ser úteis na melhoria da nutrição e valores industriais (TOUBIANA; FAIT, 2012), além de outras funções, podendo citar alguns fitohormônios como ácido abscísico (ABA), giberelina (GA), auxina e etileno como os principais metabolitos nas sementes, estando estes relacionados à germinação e dormência atrelados a percepção ambiental de condições adversas e os possíveis estresses tanto hídrico como salino (LATA; PRASAD, 2011; PARK et al., 2011; IQBAL et al., 2013).

A metabolômica também revela os produtos terminais presentes na via de sinalização, refletindo o estado fisiológico de um organismo em um dado momento, em comparação com outras ômicas, a metabolômica é a mais adequada para o isolamento e estudo de marcadores específicos em vários estágios de desenvolvimento biológico porque está mais próximo do fenótipo (QU et al., 2019b), além disso, os autores destacam que o desenvolvimento de novos marcadores por meio do estudo de metaboloma auxiliam na melhoria da qualidade e no aumento das adaptação ambiental de sementes florestais.

A maioria das pesquisas de metabolômica vegetal baseada em espectrometria de massa (MS) é realizada em espécies agrícolas e espécies modelo, nos últimos anos, estudos sobre espécies florestais geraram particular interesse, especialmente após grandes avanços genômicos na pesquisa de árvores florestais, nesta área a metabolômica baseada em MS representa uma oportunidade única de explorar a adaptação da árvore da floresta às flutuações ambientais também como outros processos de desenvolvimento relevantes econômicos e ecológicos (RODRIGUES; BARROS; ANTÓNIO, 2019).

Nenhuma tecnologia analítica pode cobrir todo o metaboloma da planta e diferentes técnicas de extração e combinações de tecnologias analíticas complementares são frequentemente empregadas (FERNIE; STITT, 2012). Mesmo após os avanços contínuos na tecnologia de MS, a cobertura do metaboloma da planta é um desafio devido à alta diversidade química, ampla faixa dinâmica de concentração e compartimentação celular específica de metabólitos (RODRIGUES; BARROS; ANTÓNIO, 2019).

## 2.7 LIPIDÔMICA

Lipidômica é o estudo do lipidoma, lipídeos de um sistema biológico, esta técnica permite o estudo do metabolismo celular através da quantificação das espécies de lipídeos alteradas após determinado estímulo (SILVA, 2020), permitindo observar as alterações fenotípicas que aquele sistema pode sofrer e as consequentes mudanças do conjunto lipídico, além disso, também permite identificar rotas de biossíntese e compartimentalização de lipídios (CORREIA, 2017).

Os experimentos bioquímicos envolvidos em estudos de lipídios em sistemas biológicos geralmente são realizados a partir de uma amostra de lipídios extraída de tecidos ou células com o objetivo isolar os lipídios ou a classe de lipídios de interesse (WENK, 2005). O autor destaca que diferentes fatores fisiológicos e ambientais podem influenciar os estados funcionais do material biológico de partida e resultar em diferentes perfis lipídicos, tornando importante a investigação destas diferenças, pois a partir delas é possível formular uma hipótese da rota biossintética que pode ter sido afetada pelo fator fisiológico ou ambiental. Cada classe de lipídio induzidas pelos fatores citados acima desempenha um papel específico para manter o crescimento e a função das plantas em condições de estresse (NARAYANAN et al., 2020).

Os lipídios são os principais constituintes de membranas biológicas, atuando como interface entre a célula e o meio externo, logo, a estrutura e função das células são



dependentes da fluidez e estabilidade das membranas, características determinadas pela composição lipídica e níveis de insaturação (ZHENG, et al., 2011; MAI et al., 2020). Possuem múltiplas funções importantes (LIU et al., 2020), entre elas: funções estruturais, metabólicas e regulatórias em vários aspectos do crescimento das plantas, além de desenvolvimento e respostas às pressões ambientais (WELTI ET AL., 2007; HOU; UFER; BARTELS, 2016).

Para o desenvolvimento dos estudos, as técnicas analíticas são variadas e incluem cromatografia, espectrometria de massas (EM), espectroscopia de ressonância magnética nuclear (RMN), ensaios bioquímicos e imageamento (CORREIA, 2017). As mais comumente aplicadas são a cromatografia, a EM e a RMN (WENK, 2005; CAJKA; FIEHN, 2014).

A cromatografia é um método físico-químico de separação, fundamentado na distinção da migração de componentes em uma mistura que apresenta duas fases que não se misturam, sendo elas, estacionária e móvel, as variadas combinações entre fases estacionárias e móveis torna esta técnica aplicável e bastante versátil, sendo empregada para a identificação de compostos por comparação com padrões já estabelecidos, para purificação de compostos por meio da separação de substâncias indesejáveis e também para a separação de uma mistura isolando componentes (DEGANI et al., 1998).

A espectrometria de massas (EM) tem como princípio a detecção da abundância de íons de compostos orgânicos, pela razão massa/carga, esses íons possibilitam obter informações referentes à natureza e estrutura de sua molécula precursora, já a espectroscopia de ressonância magnética nuclear (RMN) oferece informações sobre o número de átomos magneticamente distintos do isótopo estudado e determina a estrutura de uma molécula desconhecida (CORREIA, 2017).

A espectrometria de massas (EM) e a espectroscopia de ressonância magnética nuclear (RMN) são métodos de alta resolução para a identificação de lipídios, em geral, a cromatografia é associada com a espectrometria de massas, sendo o método preferido para estudos lipidômicos, pois permite a obtenção de informações amplas sobre a caracterização de compostos mesmo em amostras complexas (ROLIM et al., 2015). Os autores salientam que apesar da baixa sensibilidade da RMN quando comparada com a EM, esta técnica continua sendo uma técnica poderosa, capaz de facilitar a análise de amostras multicomponentes, com ou sem tratamento prévio.

As ciências ômicas caracterizam e monitoram inúmeros compostos dinâmicos, o desenvolvimento de estratégias de análises e adaptação de dados mínimos constitui um grande desafio devido à sua complexidade (THOMAS et al. 2011). A lipidômica integrada com as outras ômicas, por exemplo, genômica, proteômica e metabolômica, poderão contribuir para a compreensão de como os lipídios funcionam em um sistema biológico, fornecendo uma ferramenta poderosa para a elucidação do mecanismo nos de lipídios (KE et al., 2015).

### 3 METODOLOGIA

Para o desenvolvimento deste estudo realizou-se uma revisão de literatura por meio de buscas efetuadas exclusivamente no *Google* acadêmico, por ser a ferramenta de busca mais utilizada e conhecida. Utilizou-se para montagem do banco de dados termos de busca em português e em inglês para as análises transcriptômica, proteômicas, metabolômicas e lipidômicas. Os termos incluíram as palavras-chave: transcriptoma, proteoma, metaboloma, lipidoma para análise de sementes e para sementes florestais em português e *transcriptomic, proteomic, metabolomic, lipidomic for seeds, for forest seeds analysis, for seeds analysis* em inglês.

Os trabalhos foram checados e os que, de fato, tinham sido realizados com sementes foram selecionados e agrupados em tabelas de acordo com a respectiva análise, identificando a espécie e a finalidade do estudo, além disso, as espécies foram classificadas em classes de acordo com as informações encontradas após pesquisas via *Google*, podendo ser Agrícola (englobando espécies alimentícias, frutíferas e agrícolas), Florestal, Medicinal e outros.

A quantidade de estudos selecionados foi de 31 para transcriptômica, 29 para proteômicas, 29 para metabolômicas e 16 para lipidômicas. Totalizando 105 estudos, entre artigos, dissertações e teses, os quais estavam indexados em diferentes editoras e periódicos, entre elas, *American Society of Plant Biologists, ACS Publications, BMC Genomics, BMC Plant Biology, Elsevier, Frontiers in Plant Science, MDPI, Oxford academic, Plos One, Scielo, Springer, Wiley Online Library* e acervos das universidades para dissertações e teses.

Os trabalhos foram identificados para as diferentes “ômicas” quanto a origem dos autores em Nacional e Internacional e quanto ao ano de publicação dos estudos. Além

disso, fez-se a proporção dos que foram desenvolvidos com espécies florestais e também quanto tipo de uso.

## **4 RESULTADOS**

### **4.1 BANCO DE DADOS**

A partir da literatura existente sobre análise de sementes utilizando ferramentas ômicas, foi possível elaborar um banco de dados para análises transcriptômica (Tabela 1), proteômica (Tabela 2), metabolômica (Tabela 3) e lipidômica (Tabela 4).

**Tabela 1** - Banco de dados sobre análise Transcriptômica em sementes.

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Anacardium occidentale</i> L.	Agrícola	Alves Filho (2013)	Construir o genoma e identificação de genes funcionais
<i>Anacardium occidentale</i> var. <i>nanum</i>	Agrícola	Aragão (2015)	Identificar polimorfismos de nucleotídeo único
<i>Annona crassiflora</i> Mart.	Agrícola	Silveira (2014)	Estudar superação de dormência morfofisiológica natural em campo
<i>Brassica napus</i> L.	Agrícola	Hong et al. (2017)	Analisar o transcriptoma do tegumento de sementes amarela e marrom e a influência na biossíntese de Proantocianidina
		Jiang et al. (2019)	Diferenciar a expressão de genes em diferentes estágios de desenvolvimento
		Kubala et al. (2015)	Entender os efeitos benéficos do osmocondicionamento na germinação
		Liao et al. (2019)	Compreender a base molecular da diferente distribuição triacilglicerol e fosfatidilcolinas entre embriões e tegumentos
<i>Brassica carinata</i>			
<i>Brassica hexaploid</i>	Agrícola	Liu et al. (2020)	Estudar a diferença na expressão e função de genes em duas fases de maturação
<i>Brassica rapa</i>			

Continua...

Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Glycine max</i> (L.) Merr.	Agrícola	Teixeira (2014)	Estudar a influência do calor e estresse hídrico na expressão de genes
		Ducatti (2018)	Estudar o vigor em condições de déficit hídrico
		Gao et al. (2018)	Verificar diferenças na expressão de genes entre soja cultivada e selvagem
		Sharmin et al. (2020)	Identificar genes centrais associados à tolerância ao alagamento
		Leisner et al. (2017)	Estudar a resposta tegumento a estresses abióticos em campo
<i>Jatropha curcas</i> L.	Agrícola	Rocha (2012)	Analisar a estabilidade de genes de referencia em diferentes estágios de desenvolvimento e germinação
<i>Pisum sativum</i> L.	Agrícola	Malovichko et al. (2020)	Entender mecanismos de maturação precoce na linhagem Sprint-2 da ervilha
<i>Ricinus communis</i> L.	Agrícola	Wang et al. (2018)	Entender os mecanismos moleculares envolvidos no desenvolvimento de sementes
<i>Salvia hispânica</i> L.	Agrícola	Sreedhar et al. (2015)	Identificar os transcritos envolvidos na biossíntese de lipídeos e caracterizar o transcriptoma global do desenvolvimento de sementes
<i>Solanum lycocarpum</i> A. ST.-HIL.	Agrícola	Silva (2019)	Identificar mecanismos associados ao restabelecimento à tolerância à dessecação em sementes germinadas
<i>Zea mays</i> L.	Agrícola	Doll et al. (2020)	Caracterizar o perfil de expressão de genes em todo o genoma e nas interfaces embrião / endosperma
		Yi et al. (2019)	Identificar genes expressos durante o desenvolvimento inicial das sementes

Continua...

Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Araucaria angustifolia</i> (Bertol.) Kuntze	Florestal	Gasparin (2016)	Descrever aspectos moleculares de sementes submetidas à condição de desidratação, armazenamento tradicional e em banco de sementes do solo
<i>Astronium fraxinifolium</i> Schott	Florestal	Pereira Neto (2016)	Avaliar a longevidade de sementes
<i>Magnolia ovata</i> (A. St.-Hil.) Spreng.	Florestal	José et al. (2008)	Analisar a expressão de genes relacionados ao desenvolvimento
<i>Schinus terebinthifolius</i> Raddi	Florestal	Vasconcelos et al. (2010)	Identificar genes associados a tolerância ao déficit hídrico
<i>Tectona grandis</i> L.f.	Florestal	Vasconcelos (2015)	Construir o genoma e identificar genes funcionais
<i>Lupinus</i> spp.	Medicinal	Foley et al. (2015)	Analisar a expressão de genes, estoque de proteínas e comparar entre variedades do gênero <i>Lupinus</i>
<i>Nelumbo nucifera</i> Gaertn.	Medicinal	Li et al. (2018)	Explorar a rede regulatória que controla o tamanho da semente entre duas cultivares de lótus com contraste de tamanho e peso
<i>Populus euphratica</i> Oliv. <i>Populus pruinosa</i> Schrenk	Medicinal	Zhang et al. (2019)	Compreender o transcriptoma durante o processo de germinação sob estresse salino
<i>Solanum paniculatum</i> L.	Medicinal	Silva (2015)	Identificar genes associados a tolerância ao déficit hídrico
<i>Arabidopsis thaliana</i> (L.) Heynh	Outros	Narsai et al. (2017)	Estudar dinâmica do transcriptoma durante a germinação de sementes e interação entre genes
<i>Suaeda salsa</i> (Seepweed)	Outros	Xu et al. (2017)	Identificar genes relacionados ao desenvolvimento de sementes, dormência e germinação em condições salinas

**Tabela 2** - Banco de dados sobre análise Proteômica em sementes.

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Anacardium occidentale</i> L.	Agrícola	Alves Filho (2013)	Estudar e obter uma visão geral sobre os transcritos e as proteínas de castanhas de cajueiro
<i>Brassica napus</i> L.	Agrícola	Hajduch et al. (2006)	Caracterizar redes metabólicas
<i>Chenopodium quinoa</i> Willd	Agrícola	Burrieza et al. (2019)	Identificar todas as proteínas contendo alta proporção de lisina, em quatro genótipos de quinoa
<i>Coffea arabica</i> L.	Agrícola	Livramento et al. (2016)	Identificar proteínas diferentes em diferentes condições de secagem
<i>Glycine max</i> (L) Merr.	Agrícola	Murad; Rech (2012)	Comparar diferentes métodos de obtenção de proteoma
		Miernyk; Johnston (2013)	Entender o desenvolvimento das sementes
<i>Jatropha curcas</i> L.	Agrícola	Jereissati (2015)	Identificar enzimas envolvidas nas vias metabólicas que ocorrem nos plastídios
		Shah (2014)	Analisar proteínas do endosperma de sementes
		Farias (2019)	Estudar o proteoma do endosperma e identificar tecidos/órgãos no qual os ésteres de forbol são sintetizados
<i>Medicago sativa</i> L	Agrícola	Yacoubi et al. (2013)	Estudar o proteoma em resposta ao estresse salino
<i>Medicago truncatula</i>	Agrícola	Gallardo et al. (2003)	Catalogar proteínas e descrever padrões de acúmulo em diferentes estágios de desenvolvimento
<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	Agrícola	La Fuente et al. (2011)	Separar proteínas das sementes de genótipos diferentes
<i>Ricinus communis</i> L.	Agrícola	Wang et al. (2019)	Estudar o proteoma em resposta ao estresse por frio

Continua...

Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Triticum aestivum</i> L.	Agrícola	Dong et al. (2015)	Analisar proteínas envolvidas no processo de germinação das sementes
<i>Zea mays</i> L.	Agrícola	Wu et al. (2011)	Identificar proteínas associadas à viabilidade de sementes
<i>Araucaria angustifolia</i> (Bertol.) Kuntze	Florestal	Balbuena (2009)	Estudar alterações do proteoma durante o desenvolvimento da semente
<i>Cariniana legalis</i> (Mart.) O. Kuntze	Florestal	Aragão (2019)	Investigar os efeitos do tempo de armazenamento na germinação e identificar proteínas associadas à perda e / ou manutenção da viabilidade
<i>Ceiba pentandra</i> (Kapok)	Florestal	Kiran; Rao (2018)	Estudar a influência da germinação no perfil de proteínas
<i>Eucalyptus urophylla</i> S.T. Blake	Florestal	Martins et al. (2017)	Estudar resposta do proteoma ao estresse térmico
<i>Enterolobium contorsiliquum</i> (Vell.) Morong	Florestal	Araújo (2007)	Padronizar condições para separação de proteomas em sementes
<i>Magnolia ovata</i> (A. St.-Hil.) Spreng.	Florestal	José et al. (2011)	Identificar proteínas expressas durante dessecação e germinação
<i>Melanoxylon brauna</i> Schott	Florestal	Matos (2017)	Identificar proteínas que atuam na regulação das vias metabólicas durante a germinação sob estresse hídrico e salino
<i>Ocotea catharinensis</i> Mez.	Florestal	Dias (2009)	Identificar proteínas expressas durante a germinação
<i>Populus nigra</i> L.	Medicinal	Pawlowski et al. (2019)	Identificar alterações do proteoma sob diferentes condições de armazenamento, para revelar proteínas diferencialmente abundantes

Continua...



Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Arabidopsis thaliana</i> (L.) Heynh	Outros	Gallardo et al. (2002)	Estudar os mecanismos envolvidos na retomada de atividade metabólicas influenciada pela Giberelina
		Gallardo et al. (2001)	Identificar proteínas características das várias fases de desenvolvimento
		Higashi et al. (2006)	Verificar a mudança na composição do armazenamento de proteínas em sementes em resposta à deficiência de enxofre
		Chibani et al (2006)	Determinar mecanismos envolvidos em dormência de sementes
		Rajjou et al. (2006)	Estudar a síntese de proteína durante a germinação

**Tabela 3** - Banco de dados sobre análise Metabolômica em sementes.

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Brassica napus</i> L.	Agrícola	Smolikova et al. (2016)	Avaliar metabolitos envolvidos na germinação de sementes
<i>Carica papaya</i> L.	Agrícola	Gogna et al. (2015)	Investigar os metabólitos primários e secundários de diferentes partes da planta, para correlacionar sua presença, bioatividade e propriedades fitomedicinais
<i>Cichorium intybus</i> L.	Agrícola	Chandra et al (2018)	Verificar a toxicidade detalhada e investigar sua eficácia anti-hiperlipidêmica, antioxidante e antidiabética
<i>Lactuca sativa</i> L.	Agrícola	Wei et al. (2020)	Detectar diferenças de diferentes genótipos sob diferentes tratamentos e obter informações sobre o mecanismo metabólico de terminação de sementes
<i>Glycine max</i> L. Merr	Agrícola	Chebrolu et al. (2016)	Avaliar perfis de metabólitos relacionados aos mecanismos subjacentes à tolerância para altas temperaturas durante o desenvolvimento da semente
		Schmidt et al. (2011)	Estudar alteração da composição de proteínas e influencias colaterais no metaboloma
<i>Oryza sativa</i> L.	Agrícola	Lin et al. (2014)	Investigar as variações dos metabólitos identificados entre as cultivares de soja testadas e analisar a correlação entre metabólitos
		Li et al. (2019)	Comparar três diferentes estágios de desenvolvimento
<i>Pisum sativum</i> L.	Agrícola	Yan et al. (2018)	Comparar as diferenças metabólicas antes e depois do armazenamento de 24 meses em condições naturais, quantidade de açúcar solúvel entre dois híbridos
		Vigeolas et al.(2008)	Estudar a ligação entre a via de proteínas durante o desenvolvimento de sementes
		Hradilová et al. (2017)	Analisar diferenças de metabolitos do tegumento das sementes de dois genótipos

Continua...

Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Solanum</i> spp.	Agrícola	Kazmi et al. (2017)	Explorar a modulação genética do metabolismo em diferentes estágios de desenvolvimento e a ligação entre as características metabólicas e de germinação
<i>Theobroma</i> spp.	Agrícola	Moita (2019)	Estudar o metaboloma global dos extratos para descrever as similaridades entre as espécies e o perfil de composição química do gênero
<i>Triticum aestivum</i> L.	Agrícola	Han et al. (2017)	Analisar o embrião e o endosperma durante a germinação da semente para entender mecanismos bioquímicos ao nível metabolômico
		Das et al. (2017)	Comparar perfis metabolômicos de embriões e encontrar processos-chave contrastantes em duas cultivares
<i>Vigna radiata</i> L.	Agrícola	Wu et al. (2014)	Otimizar métodos para detectar metabólitos
		Chen et al. (2019)	Estudar mudanças do metabolismo geral durante a germinação sob diferentes estados de energia
		Tang et al. (2013)	Descrever o amplo espectro dos polifenóis alterados no processo de germinação
<i>Zea mays</i>	Agrícola	Lohn (2014)	Comparar o perfil metabólico parcial entre cultivares de milho
<i>Copaifera</i> spp.	Florestal	Oliveira (2019)	Descrever as características e obter os perfis metabólicos de diferentes órgãos vegetais
<i>Populus</i> sp.	Florestal	Qu et al. (2019b)	Investigar alterações durante a germinação com o objetivo de identificar vias biológicas associadas a alterações nos metabólitos primários
<i>Momordica charantia</i> L.	Medicinal	Mishra et al. (2020)	Identificar os metabólitos presentes nas sementes

Continua...

Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Nelumbo nucifera</i> Gaertn.	Medicinal	Wang et al. (2016)	Revelar a dinâmica metabólica durante o desenvolvimento da semente
<i>Nigella</i> spp.	Medicinal	Farag et al. (2014)	Investigar o metabolismo primário no contexto da diversidade ambiental e genética entre espécies de diferentes localidades
<i>Panax ginseng</i> C.A. Mey	Medicinal	Min et al. (2019)	Determinar as diferenças entre os metabolomas de sementes sob envelhecimento normal e acelerado para descobrir as vias relacionadas aos metabólitos expressos
<i>Salvia hispânica</i> L.	Medicinal	Falco et al. (2017)	Avaliar a composição química de diferentes genótipos e o efeito da fertilização mineral
		Falco et al. (2018)	Estudar a resposta das sementes à irrigação, analisando também o perfil de ácidos graxos e a produção de metabólitos secundários
<i>Arabidopsis thaliana</i> (L.) Heynh	Outros	Böttcher et al. (2008)	Identificar metabólitos e desvendar conexões metabólicas através de alterações nos perfis metabólicos entre diferentes genótipos
		Durand et al. (2019)	Investigar o impacto de mutação na perda da função retromérica

**Tabela 4** - Banco de dados sobre análise Lipidômica em sementes.

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
<i>Arachis hypogaea</i> L	Agrícola	Liu et al. (2019)	Caracterizar o perfil lipídico
<i>Brassica napus</i> L.	Agrícola	Woodfield et al. (2018)	Elucidar os detalhes da regulação do acúmulo de lipídios em sementes oleaginosas
<i>Camelina sativa</i> (L.) Crantz.	Agrícola	Marmon et al. (2017)	Examinar o acúmulo de ácidos graxos nas sementes em desenvolvimento e em diferentes partes do embrião
<i>Carya cathayensis</i> Sarg.	Agrícola	Huang et al. (2016)	Estudar o mecanismo de deposição de óleo e conversão da saturação de ácidos graxos no processo de desenvolvimento embrionário em sementes oleaginosas
<i>Glycine max</i> L. Merr	Agrícola	Narayanan et al. (2020)	Investigar se as alterações metabólicas lipídicas contribuem para diferenças nas respostas ao estresse por calor
<i>Persea americana</i> Hass	Agrícola	López et al. (2017)	Estudar mudanças nos perfis e concentrações de lipídeos e entender o efeitos da germinação das sementes nos perfis e concentrações
<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	Agrícola	Fernandes et al. (2018)	Explorar as alterações lipidômicas experimentadas por plantas de feijão verdes expostas a doses crescentes de inseticidas
<i>Prunus sibirica</i> L.	Agrícola	Mai et al. (2020)	Entender a síntese de lipídeos
<i>Triadica sebifera</i> L.	Agrícola	Zhi et al. (2017)	Localizar lipídeos e analisar sua composição
<i>Carapa</i> spp.	Florestal	Nascimento et al. (2019)	Caracterizar os perfis lipidômicos dos óleos obtidos a partir das sementes e suas implicações para a inibição de fungos fitopatogênicos
		Paixão et al. (2016)	Investigar os possíveis efeitos toxicológicos, mutagênicos e genotóxicos do óleo de sementes de Andiroba
<i>Madhuca elliptica</i> (Pierre ex Dubard) H.J.Lam	Florestal	Phuong et al. (2019)	Identificar a estrutura química e composição quantitativa de espécies moleculares de fosfolipídios em sementes

Continua...

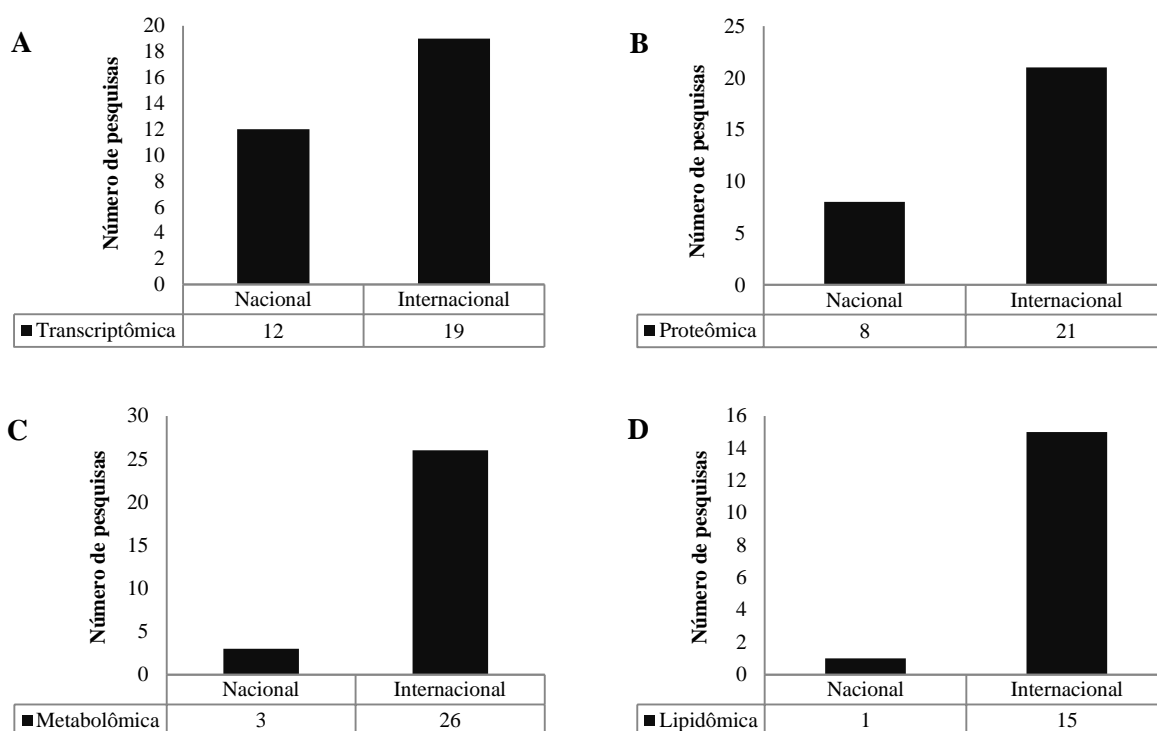
Continuação...

<b>Espécie</b>	<b>Classes</b>	<b>Fonte</b>	<b>Finalidade</b>
		Zhou et al. (2014)	Caracterizar os perfis lipídicos e confirmar as identidades de alguns lipídios importantes
<i>Arabidopsis thaliana</i> (L.) Heynh	Outros	Noguerol et al. (2019)	Investigar a influência de enzimas no metabolismo lipídico
		Wang et al. (2012)	Identificar alterações metabólicas da biossíntese de glicerolipídios
<i>Medicago truncatula</i> Gaertn.	Outros	Doria et al. (2019)	Explorar as mudanças no metabolismo lipídico durante embebição inicial de sementes

## 4.2 ANÁLISE DE DADOS

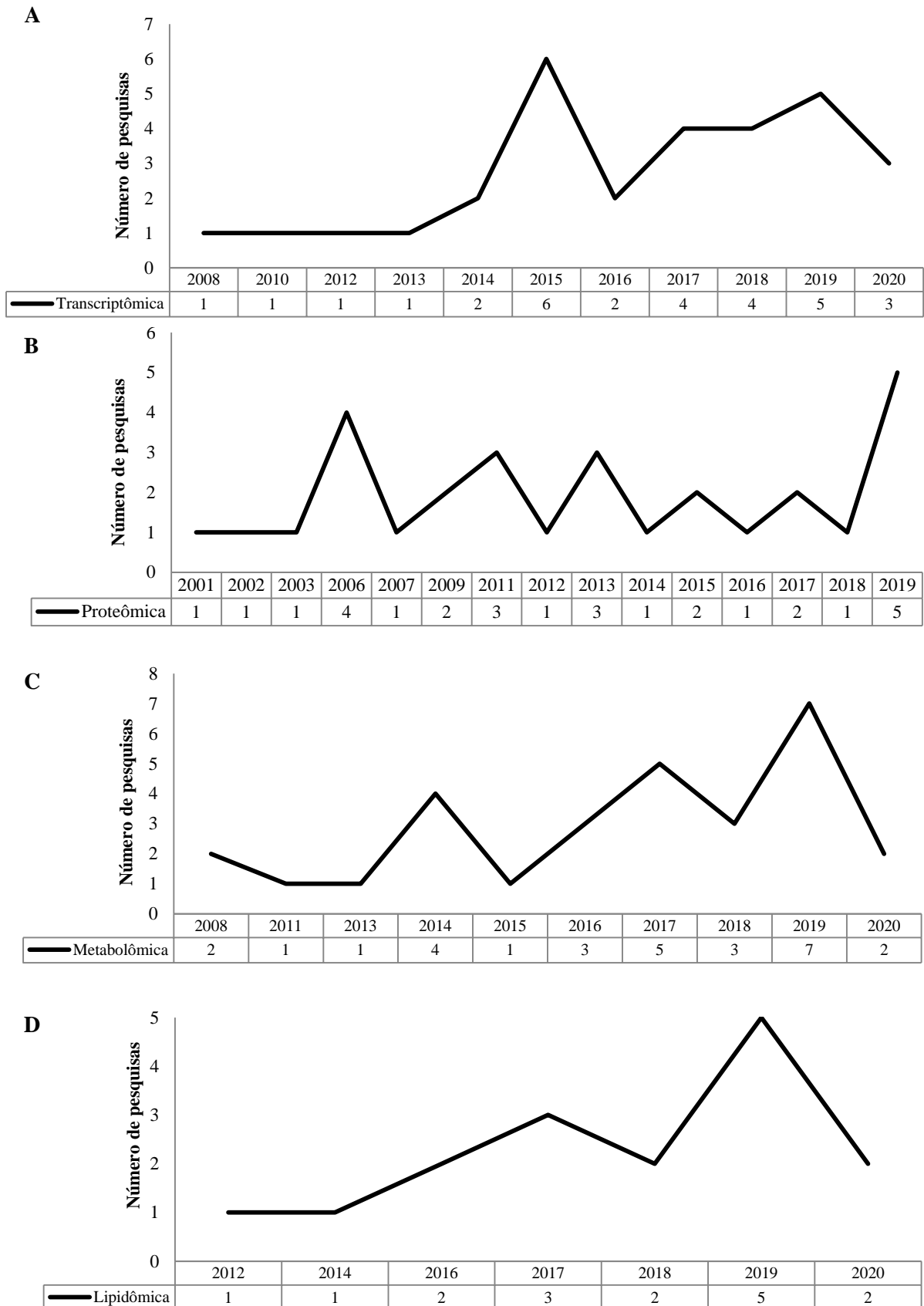
Dos 105 estudos analisados, aproximadamente 77% corresponderam a estudos internacionais. Dentre os estudos nacionais, as análises para Transcriptômica (Figura 1A) e Proteômica (Figura 1B), tiveram maior expressividade, sendo 38% e 28%, respectivamente. Para análises de Metabolômica (Figura 1C) e Lipidômica (Figura 1D), os trabalhos nacionais representaram respectivamente, 11% e 6,5%.

**Figura 1** - Quantidade de pesquisas de acordo com a origem para cada análise. Transcriptômica (A); Proteômica (B); Metabolômica (C); Lipidômica (D).



Com relação ao ano de publicação, a análise com publicação mais antiga foi a Proteômica, em 2001 (Figura 2B), Transcriptômica e Metabolômica, em 2008 (Figura 2A – C). Para Lipidômica, a publicação mais antiga foi de 2012 (Figura 2D).

**Figura 2-** Distribuição da quantidade de pesquisas de acordo com ano de publicação para cada análise. Transcriptômica (A); Proteômica (B); Metabolômica (C); Lipidômica (D).





Os estudos desenvolvidos com espécies florestais e suas respectivas quantidades foram 2008 (1), 2010 (1), 2016 (2), para transcriptômica; em 2007(1), 2009 (2), 2011(1), 2017(2), 2018 (1), 2019 (1), para proteômica; em 2019 (2), para metabolômica e em 2016 (1), 2019 (2), para lipidômica (Tabela 1, 2, 3 e 4).

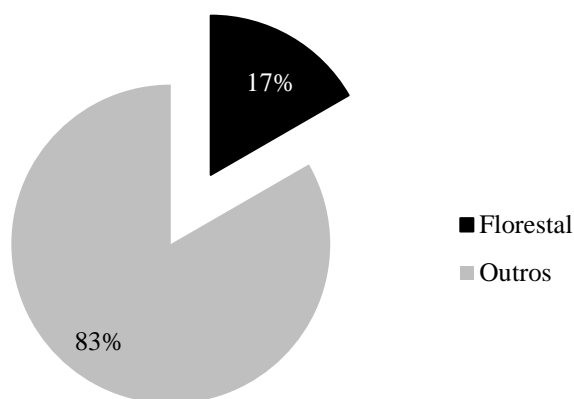
#### 4.3 TRANSCRIPTÔMICA

As análises de transcriptoma foram utilizadas para diversas finalidades, entre as principais estão: construção do genoma, identificação de genes funcionais, analisar a estabilidade de genes de referência em diferentes estágios de desenvolvimento e durante o processo de germinação, longevidade de sementes, diferença na expressão de genes entre diferentes cultivares da mesma espécie, expressão de genes relacionados à tolerância a déficit hídrico, alagamento, estresse salino, biossíntese e acumulação de óleo, identificar genes relacionados ao peso e produção final das sementes, acúmulo de compostos medicinais, dormência, maturação, tolerância a baixas temperaturas, desidratação, biossíntese de lipídeos, entre outros (Tabela 1).

As espécies mais analisadas foram *Glycine max*, *Brassica napus* e *Zea mays*, todas classificadas como espécies agrícolas. Os estudos desenvolvidos com estas espécies corresponderam a 37% de todos os trabalhos analisados para transcriptoma.

Estudos desenvolvidos com espécies florestais corresponderam a aproximadamente 17% do total (Figura 3), sendo encontrados estudos apenas com cinco espécies, entre elas, *Araucaria angustifolia*, *Astronium fraxinifolium*, *Magnolia ovata*, *Schinus terebinthifolius* e *Tectona grandis* (Tabela 1).

**Figura 3-** Porcentagem de estudos transcriptômicos desenvolvidos com espécies florestais.



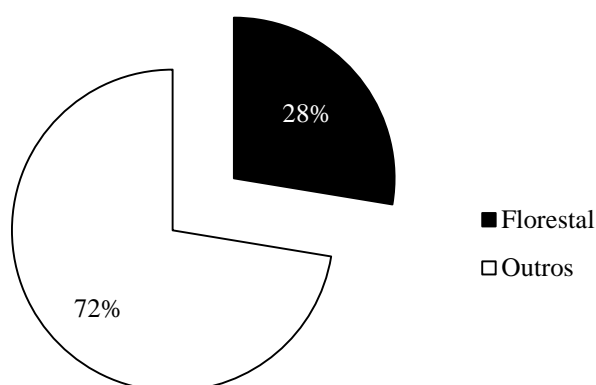
#### 4.4 PROTEÔMICA

Análises proteômicas foram utilizadas para identificação de: proteínas expressas durante dessecação, estresse salino, estresse a baixas e altas temperaturas, tecidos no qual os ésteres de forbol são sintetizados, proteínas em diferentes condições de secagem, proteínas relacionadas à qualidade fisiológica de sementes (Tabela 2). Além disso, também avaliou-se mecanismos envolvidos na retomada de atividade metabólicas influenciada pela Giberelina, proteínas características das várias fases de desenvolvimento, mudança na composição do armazenamento de proteínas em sementes em resposta à deficiência de enxofre, síntese de proteína durante a germinação, mecanismos envolvidos em dormência de sementes, caracterização de redes metabólicas, proteínas associadas a viabilidade de sementes, entre outras (Tabela 2).

Para proteoma, as espécies mais analisadas foram enquadradas como espécies agrícolas, *Jatropha curcas* e *Glycine max*, e outros, *Arabidopsis thaliana*, correspondendo a 33,5% dos trabalhos analisados para esta abordagem. No geral, 50% dos estudos para esta abordagem foram desenvolvidos com espécies agrícolas.

Para espécies florestais, os estudos corresponderam a aproximadamente 28% do total (Figura 4), sendo encontrados estudos apenas com oito espécies, entre elas, *Araucaria angustifolia*, *Cariniana legalis*, *Ceiba pentandra*, *Enterolobium contorsiliquum*, *Eucalyptus urophylla*, *Magnolia ovata*, *Melanoxylon brauna* e *Ocotea catharinensis* (Tabela 2).

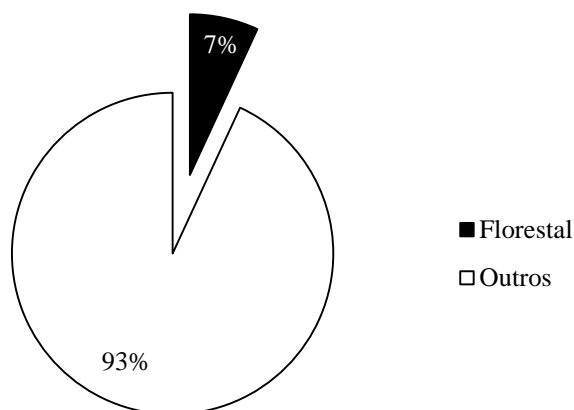
**Figura 4-** Porcentagem de estudos proteômicos desenvolvidos com espécies florestais.



#### 4.5 METABOLÔMICA

Estudos direcionados para metaboloma foi o que apresentou menor porcentagem para espécies florestais, com aproximadamente 7% do total para essa análise, os estudos foram desenvolvidos com espécies dos gêneros *Copaifera* spp. e *Populus* sp. (Figura 5). Assim como nas demais análises, as espécies mais estudadas, foram enquadradas como agrícola, sendo elas, *Glycine max*, *Vigna radiata*, *Salvia hispânica* e *Triticum aestivum*, correspondendo a 34,5%.

**Figura 5-** Porcentagem de estudos metabolômicos desenvolvidos com espécies florestais.



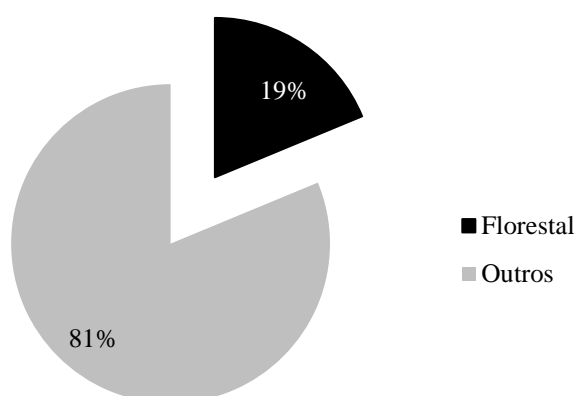
Os estudos tiveram a finalidade de: identificar os metabólitos presentes nas sementes, revelar a dinâmica metabólica durante o desenvolvimento, comparar o perfil metabólico parcial entre cultivares, investigar o metabolismo primário entre espécies de diferentes localidades, analisar metabólitos do tegumento das sementes, avaliar o efeito da fertilização mineral, estudar a resposta das sementes à irrigação e a produção de metabólitos secundários, avaliar perfis de metabólitos relacionados à tolerância para altas temperaturas, mudanças do metabolismo geral durante a germinação, propriedades fitomedicinais, determinar as diferenças entre os metabolomas de sementes sob envelhecimento normal e acelerado para descobrir as vias relacionadas aos metabólitos expressos (Tabela 3).

#### 4.6 LIPIDÔMICA

Os estudos para lipidômica tiveram a finalidade de: entender a síntese de lipídeos e realizar o perfil lipídico, caracterizar os perfis lipídicos e confirmar as identidades de alguns lipídios importantes, investigar a influência de enzimas no metabolismo lipídico, identificar alterações metabólicas da biossíntese de glicerolipídios, elucidar os detalhes da regulação do acúmulo de lipídios em sementes oleaginosas, localizar lipídeos e analisar sua composição, caracteriza as implicações dos perfis lipidômicos dos óleos obtidos a partir das sementes para inibição de fungos fitopatogênicos, entender o efeitos da germinação nas mudanças dos perfis e concentrações de lipídeos, explorar as mudanças no metabolismo lipídico durante embebição inicial de sementes, investigar se as alterações metabólicas lipídicas contribuem para diferenças nas respostas ao estresse por calor, explorar as alterações lipidômicas em sementes expostas a doses crescentes de inseticidas (Tabela 4).

Para lipidômica, as espécies mais estudadas foram *Arabidopsis thaliana*, enquadrada como outros e o gênero *Carapa* spp., classificado como florestal, juntos corresponderam a 25% dos estudos. Para florestal, além do gênero *Carapa* spp., também estudou-se a espécie *Madhuca elliptica*, sendo assim 19 % dos estudo para lipidoma foram desenvolvidos para espécies florestais, contudo, no geral, o maior número de estudos foi desenvolvido para espécies agrícola, 56,25 % (Figura 6).

**Figura 6-** Porcentagem de estudos lipidômicos desenvolvidos com espécies florestais.

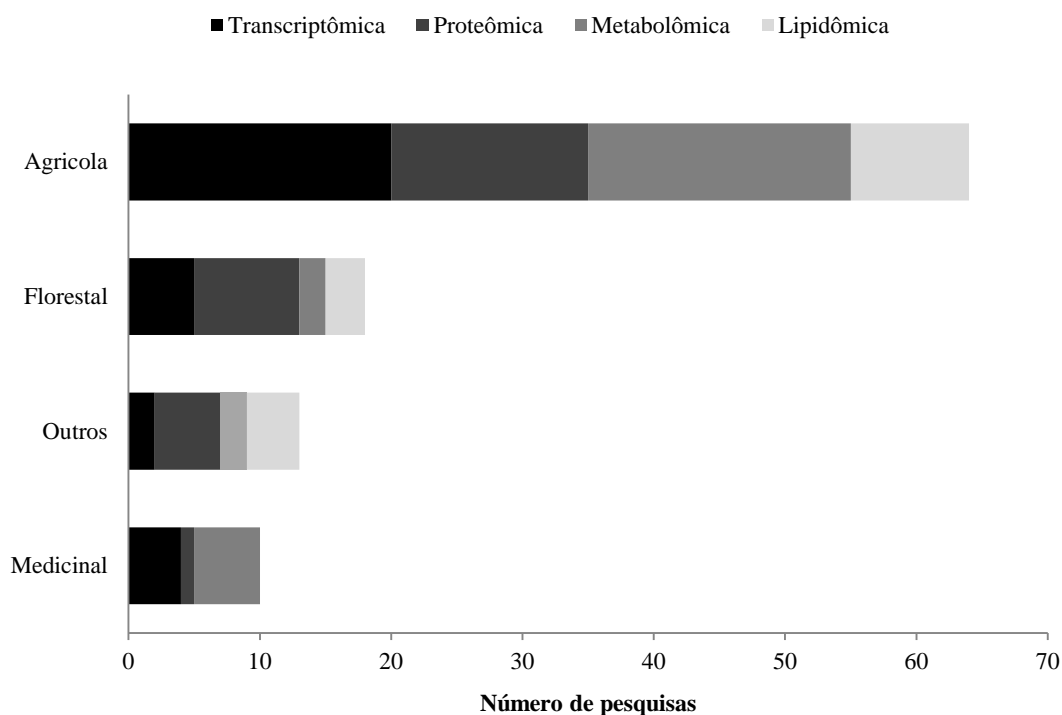


#### 4.7 ANÁLISE GERAL

No geral foram avaliados 105 trabalhos, dos quais 64 corresponderam a espécies agrícolas, 18 florestais, 10 medicinal e 13 outros (Figura 7).

Para todas as análises, transcriptoma, proteoma, metaboloma e lipidoma, o maior número de estudos foi desenvolvido com espécies agrícolas, seguido por espécies florestais para transcriptoma e proteoma. Já para metaboloma foi seguido pela categoria de uso medicinal e lipidoma seguido da categoria outros (Figura 7).

**Figura 7-** Distribuição proporcional das pesquisas realizadas de acordo com o tipo de espécies e as respectivas análises de Transcriptoma, Proteoma, Metaboloma e Lipidoma.



## 5 DISCUSSÃO

Como observado no banco de dados para Transcriptômica (Tabela 1), Proteômica (Tabela 2), Metabolômica (Tabela 3) e Lipidômica (Tabela 4), os estudos utilizando as ciências ômicas foram mais empregados para espécies agrícolas e seguidos em número por espécies florestais. O foco no setor agrícola está intimamente relacionado à sua maior contribuição para a economia do Brasil. Tendo as ômicas contribuído para a consistência e previsibilidade no melhoramento de plantas, que foi aperfeiçoado visando: reduzir o tempo e despesas de produção das safras; tolerância a estresses ambientais; melhoria da qualidade de produtos, melhoria do sabor e composição nutricional de produtos alimentícios, maior resistência a pragas e doenças, auxiliando assim na proteção e produtividade das culturas (EMON, 2015).

Outro fator importante a ser considerado é o custo de realização das análises por abordagens ômicas, pois, mesmo diante da maior acessibilidade as técnicas, essas são consideradas efetivamente caras (HORNER et al., 2010). Portanto, esse tem sido o fator decisivo para o uso direcionado das técnicas para espécies agrícolas, visto que as empresas e instituições do setor tem maior disponibilidade de capital para pesquisa e tecnologia.

Para espécies florestais as tecnologias “ômicas” têm sido pouco empregadas para análise de sementes, entretanto, a diferença entre os setores é mais acentuada principalmente se tratando de espécies nativas, para tal, a quantidade de estudos utilizando as ciências ômicas é bem inferior ao que foi observado para o setor agrícola. Um dos principais motivos para tal fato, é que no Brasil, é evidente a desorganização e informalidade do setor de sementes florestais nativas. Portanto, esse ainda necessita de estruturação, organização da cadeia produtiva e regularização dos produtores perante a legislação específica para a atividade, principalmente a Lei nº 10.711/2003, Instrução Normativa (IN) nº 56 de 2011 (SILVA et al., 2015) e a IN nº 17 de 2017 (BRASIL, 2017).

Desta forma, os dois setores estão em momentos diferentes e apresentam escalas também diferentes (Figura 7). Para as sementes florestais nativas, a produção é uma atividade de menor escala, de base familiar e comunitária, que ainda apresenta gargalos tecnológicos básicos (FREIRE; URZEDO; PIÑA-RODRIGUES, 2017). A falta de tecnologia, pesquisas, investimentos e registro perante a legislação, são os principais entraves para a produção e análises dessas sementes (SILVA et al., 2015). Tais fatos, explicam o menor uso de ciências ômicas voltado para espécies florestais nativas no cenário atual.

Mesmo diante da incipiência, das pesquisas e avanço das técnicas no setor, a produção de sementes florestais nativas se caracteriza como uma atividade de relevante importância, principalmente para restauração florestal de ambientes degradados. Ainda assim, é perceptível a articulação das Redes de Sementes visando maior desenvolvimento do setor (FREIRE; URZEDO; PIÑA-RODRIGUES, 2017).

A produção de sementes está inserida diretamente na cadeia da restauração florestal, e assim, se torna primordial para que o Brasil atinja as metas conservacionistas firmadas perante os acordos internacionais, como: Conferência sobre diversidade Biológica (CDB), Acordo de Paris e o Desafio de Bonn (*Bonn Challenge*), nos quais o Brasil se comprometeu com a meta de restaurar 12 milhões de hectares até 2030 (IPEA, 2017; FREIRE; URZEDO; PIÑA-RODRIGUES, 2017).

Além do Brasil, se extrapolarmos para um cenário mundial, esses acordos internacionais, principalmente o Desafio de Bonn (*Bonn Challenge*), tem como objetivo restaurar 350 milhões de hectares em todo o mundo até 2030 (IUCN, 2020). Uma das problemáticas, é que diante das mudanças climáticas, os ambientes vêm sofrendo constantes alterações ambientais, ocasionando estresses abióticos nas espécies com potencial para restauração.

Diante desse cenário, surgem questionamentos sobre mecanismos de adaptação e desenvolvimento das espécies florestais nesses ambientes (HODGINS; MOORE, 2016). Portanto, estudos que compreendem os mecanismos fisiológicos, bioquímicos e moleculares relacionados à ecofisiologia da germinação, podem ser a base para responder alguns desses questionamentos. Nesse sentido, as ciências ômicas se tornam importantes aliadas no processo de análise de sementes de espécies florestais.

Estudos trazendo as abordagens ômicas vêm sendo desenvolvidos associados com a temática da restauração, podendo citar Breed et al. (2019), que estudaram o potencial da genômica para restauração de ecossistemas e biodiversidade. Os autores destacam que a abordagem poderia acelerar a geração de genótipos para restaurar ambientes desafiadores, auxiliando assim no cumprimento da retomada da biodiversidade e serviços ecossistêmicos em diversos ambientes. Além do mais, tais técnicas aliadas no melhoramento genético das plantas, permitem identificar potenciais espécies e genótipos mais resilientes aos ambientes.

Mesmo observando que estudos com espécies florestais vêm sendo desenvolvidos utilizando as abordagens ômicas (Figura 3, 4, 5 e 6), estas ainda são práticas recentes (PLOMION et al., 2015) justificando sua baixa utilização em comparação a outros setores. De

acordo com o banco de dados desse estudo, para transcriptoma (Tabela 1) e proteoma (Tabela 2), os estudos mais antigos dataram de 2008 e 2007 (Figura 2 A-B), respectivamente e para metaboloma (Tabela 3) e lipidoma (Tabela 4), 2019 e 2016, respectivamente (Figura 2 C-D).

Entretanto, para espécies florestais, nativas e exóticas, as finalidades dos estudos foram bastante variadas, podendo citar estudos desenvolvidos com diversos objetivos, os quais foram: descrever aspectos moleculares de sementes submetidas à condição de desidratação, armazenamento e alterações do proteoma durante o desenvolvimento das sementes (BALBUENA, 2009; GASPARIN, 2016; PEREIRA NETO, 2016; ARAGÃO, 2019); expressão de genes relacionados ao desenvolvimento das sementes (JOSÉ et al., 2008); verificar a tolerância ao déficit hídrico (VASCONCELOS et al., 2010); construir o genoma e identificar genes funcionais (VASCONCELOS, 2015); influência da germinação no perfil de proteínas (KIRAN; RAO, 2018); estudar resposta do proteoma ao estresse térmico (MARTINS et al., 2017); identificar proteínas que atuam na regulação das vias metabólicas durante a germinação sob estresse hídrico (MATOS, 2017); descrever as características e obter os perfis metabólicos de diferentes órgãos vegetais (OLIVEIRA, 2019); investigar os possíveis efeitos toxicológicos e mutagênicos do óleo de sementes (PAIXÃO et al., 2016); identificar a estrutura química e composição quantitativa de fosfolípidios em sementes (PHUONG et al., 2019); entre outras finalidades.

Sendo assim, as ciências ômicas tem uma atuação considerável também para análise de sementes florestais. As respostas obtidas por estes estudos citados acima trazem perspectivas interessantes sobre os mecanismos utilizados para tolerar os estresses, doenças, aumentar longevidade, identificar genes de interesse para o melhoramento genético e assim, consequentemente, ter um aumento da produção e/ou outras melhorias de interesse.

Isto é possível devido a um melhor entendimento dos processos moleculares, podendo citar os estudos utilizando transcriptômica, os quais normalmente estão relacionados ao estresse por déficit hídrico, auxiliando na identificação e seleção de genes a partir das sequências identificadas nos mapas metabólicos (VASCONCELOS, 2015), além disso, estes estudos são desenvolvidos em diferentes tecidos e partes das sementes para entender os respectivos comportamentos sob diferentes estresses abióticos (WANG et al., 2016). A investigação das respostas positivas aos estresses pode estar associada às proteínas expressas durante tais condições, o que por meio da análise proteômica poderá fornecer a identificação destas proteínas e também uma melhor base para interpretação dos resultados (MARTINS et al., 2017), auxiliando na compreensão dos mecanismos envolvidos na melhora de



desempenho das sementes (YACOUBI et al., 2013).

Desta forma, as ômicas têm um papel importante para auxiliar na melhoria das sementes de espécies florestais, contribuindo principalmente na compreensão dos mecanismos que regulam as características de qualidade das sementes (SEN, 2009), tendo desta forma, um papel importante para espécies exóticas de interesse silvicultural e para espécies florestais nativas.

Além disso, ressalta-se que as espécies florestais nativas apresentam diversas potencialidades para fins econômicos, logo, as ômicas também poderão ser utilizadas como suporte, pois, as sementes de boa qualidade podem não ser só uma fonte de propagação como também ser a fonte principal de substâncias para exploração com fins econômicos, podendo citar extratos alcoólicos extraídos de sementes (GOUVEIA, 2020) e demais usos, sejam eles medicinais, energéticos, entre outros.

São, de fato, técnicas promissoras e o indicativo é de que nos próximos anos, com os avanços tecnológicos, estatísticos, matemáticos e computacionais (PLOMION et al., 2015) elas possam fornecer uma detalhada compreensão dos processos que moldam a diversidade genética e funcional de populações de espécies florestais nativas, podendo auxiliar tanto nas escolhas de espécies para implantação de projetos de restauração, objetivando identificar genótipos adaptados as prováveis condições ambientais futuras (BREED et al., 2019) como também fornecer suporte no uso voltado para outras finalidades.

Para tal, serão necessários grupos multidisciplinares para fazer uso da grande quantidade de recursos disponíveis para obter informações fundamentais sobre a biologia de espécies nativas por meio da integração de tecnologias ômicas em atividades de pesquisa. Desta forma, será possível descobrir os mecanismos moleculares, suas redes complexas de interação e centros que sustentam os processos de desenvolvimento e as respostas a distúrbios externos (PLOMION et al., 2015).

Como é possível observar, alguns estudos já vêm sendo desenvolvidos com diversas espécies florestais, entretanto, ainda será necessário expandir a aplicação das ciências ômicas para o setor florestal. Principalmente, devido à grande diversidade de espécies nos ecossistemas, fazendo com que o número de espécies com pouca ou nenhuma informação científica ainda seja elevado (FARIA et al., 2019).

Isto representa um desafio ainda maior para as ômicas, pois é fundamental que haja padronizações, adequação das metodologias para as diferentes espécies e tecidos (CASTELL; ERNST, 2012), além da validação destas metodologias (OBUDULU et al.,

2018). É necessário ressaltar a importância das adequações, pois nenhum protocolo de extração, independente da ômica em questão, poderia ser capaz de fornecer informações para todos os tipos de plantas e tecidos, pois requerem diferentes métodos (ZHEN; SHI, 2011).

Por mais que a utilização das ômicas seja uma tendência, vários desafios que vão além do campo das tecnologias ômicas precisam ser superados, podendo ser questões sociais e/ou econômicas, pois antes da implementação propriamente dita será necessário demonstrar a viabilidade econômica destas metodologias (PLOMION et al., 2015). Além disso, existem algumas barreiras mais gerais, como acesso a laboratórios moleculares, instalações de sequenciamento, recursos de bioinformática e treinamento dos profissionais das mais diversas áreas (BREED et al., 2019), podendo citar como exemplo os profissionais que trabalham com a restauração florestal.

## **6 CONSIDERAÇÕES FINAIS**

Estudos utilizando as ciências ômicas para análise de sementes foram desenvolvidos com diferentes objetivos, tanto para sementes de espécies agrícolas quanto para espécies florestais. O número de estudos desenvolvidos para espécies agrícolas foi superior, este fato é justificado por o setor agrícola ser um setor estratégico e de já estabelecido destaque na economia do Brasil e do mundo, logo, tendo uma maior organização e recursos para o investimento em tecnologias mais avançadas.

Mesmo o número de estudos sendo menor para espécies florestais, observa-se que o campo das ômicas é uma área promissora e em desenvolvimento, podendo ter diversas aplicações no futuro. Ressalta-se a importância de ampliar os estudos voltados para sementes de espécies florestais, sobretudo de espécies nativas, a fim de estudar não somente o comportamento voltado para um entendimento ecológico dos processos inerentes as sementes, como também investigar o potencial econômico e de melhoramento dessas espécies.

## 7 REFERÊNCIAS

- ALVES FILHO, J. G. **Análise transcriptômica e proteômica de sementes de cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) visando aplicações biotecnológicas.** 2013. 171 f. Tese (Doutorado em Bioquímica) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/21744>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- ARAGÃO, J. A. S. **Análise e aplicações biotecnologias de proteínas ligantes à quitina de sementes de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* var. *nanum*).** 2015. 79 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade Federal do Ceará, Sobral. Disponível em: <http://www.repositorio.ufc.br/handle/riufc/18413>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- ARAGÃO, V. P. M; TRINDADE, B. M. C; REIS, R. S; SILVEIRA, V; SANTA-CATARINA, C. Storage time affects the germination and proteomic profile of seeds of *Cariniana legalis* (Mart.) O. Kuntze (Lecythidaceae), an endangered tree species native to the Brazilian Atlantic Forest. **Brazilian Journal of Botany**, v. 42, n. 3, p. 407-419, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s40415-019-00551-0>
- ARAÚJO, A. C. M. **Análise da expressão de enterolobina em sementes e calos vegetais de *Enterolobium contortisiliquum*.** 2007. 60 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Molecular)- Universidade de Brasília, Brasília. Disponível em: <https://repositorio.unb.br/handle/10482/2330>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- AZERÊDO, G. A; PAULA, R. C; VALERI, S. V. Germinação de sementes de *Piptadenia moniliformis* Benth. sob estresse hídrico. **Ciência Florestal**, v. 26, n. 1, p. 193-202, 2016. DOI: <https://doi.org/10.5902/1980509821112>
- BALBUENA, T. S. **Proteômica do desenvolvimento da semente de *Araucaria angustifolia*.** 2009. 102 p. Tese (Doutorado em Ciências) - Universidade de São Paulo, São Paulo. Disponível em: [https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41132/tde-13072009-115553/publico/tiago\\_balbuena.pdf](https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41132/tde-13072009-115553/publico/tiago_balbuena.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- BASKIN, J. M.; BASKIN, C. C. A classification system for seed dormancy. **Seed science research**, v. 14, n. 1, p. 1-16, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1079/SSR2003150>
- BEZERRA JÚNIOR, R. Q; MARTINS, G. R; BARROSO, I. C; MARINHO, R. C; AGUIAR, T. D. Á. F, TEIXEIRA, M. F. S. Eletroforese bidimensional associada à espectrometria de massa como ferramenta proteômica. **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 7, n. 2, p. 100-112, 2013. DOI: <https://doi.org/10.21708/avb.2013.7.2.3005>
- BIANCHETTI, A. Tecnologia de sementes de essências florestais. **Revista Brasileira de Sementes**, v.3, n.3, p.27-46, 1981. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/285497/1/Tecnologiadeseementesdeessenci asflorestais.pdf>. Acesso em: 15 de outubro, 2020.
- BINO, R. J; JALINK, H; OLUOCH, M. O; GROOT, S. P. C. Seed research for improved technologies. **Scientia agricola**, v. 55, p. 19-26, 1998. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90161998000500004>
- BOTERO, K; ARIAS, T. USO de las ciencias ómicas para el mejoramiento genético de cultivos. **Revista de Ciencias Agrícolas**, v. 35, n. 2, p. 64-78, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.22267/rcia.183502.92>

BÖTTCHER, C; VON ROEPENACK-LAHAYE, E; SCHMIDT, J; SCHMOTZ, C; NEUMANN, S; SCHEEL, D; CLEMENS, S. Metabolome analysis of biosynthetic mutants reveals a diversity of metabolic changes and allows identification of a large number of new compounds in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 147, n. 4, p. 2107-2120, 2008. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.108.117754>

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução Normativa nº 17, de 26 de abril de 2017**. Diário Oficial da União, Brasília, 2017. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/publicacoes-sementes-e-mudas/INN17de28042017comanexos.pdf>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução para análise de sementes de espécies florestais**. 98 p. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília: Mapa/ACS, 2013. Disponível em: [https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/laboratorios/arquivos-publicacoes-laboratorio/florestal\\_documento\\_pdf-ilovepdf-compressed.pdf](https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/laboratorios/arquivos-publicacoes-laboratorio/florestal_documento_pdf-ilovepdf-compressed.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para Análise de Sementes**. 399 f. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília: Mapa/ACS, 2009. Disponível em: [https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/arquivos-publicacoes-insumos/2946\\_regras\\_analise\\_sementes.pdf](https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/arquivos-publicacoes-insumos/2946_regras_analise_sementes.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

BREED, M. F; HARRISON, P. A; BLYTH, C; BYRNE, M; GAGET, V; GELLIE, N. J; GROOM, S. V. C; HODGSON, R; MILLS, J. G; PROWSE, T. A. A; STEANE, D. A; JAKKI J. MOHR, J. J. The potential of genomics for restoring ecosystems and biodiversity. **Nature Reviews Genetics**, v. 20, n. 10, p. 615-628, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41576-019-0152-0>

BURRIEZA, H. P; RIZZO, A. J; VALE, E. M; SILVEIRA, V; MALDONADO, S. Shotgun proteomic analysis of quinoa seeds reveals novel lysine-rich seed storage globulins. **Food Chemistry**, v. 293, p. 299-306, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.04.098>

CAJKA, T; FIEHN, O. Comprehensive analysis of lipids in biological systems by liquid chromatography-mass spectrometry. **Trends in Analytical Chemistry**, v. 61, p. 192-206, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.trac.2014.04.017>

CANUTO, G. A; COSTA, J. L; CRUZ, P. L; SOUZA, A. R. L; FACCIO, A. T; KLASSEN, A; KARINA T; RODRIGUES, K. T; TAVARES, M. F. Metabolômica: definições, estado-da-arte e aplicações representativas. **Química Nova**, v. 41, n. 1, p. 75-91, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.21577/0100-4042.20170134>

CARRER, H; BARBOSA, A. L; RAMIRO, D. A. Biotecnologia na agricultura. **Estudos avançados**, v. 24, n. 70, p. 149-164, 2010. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-40142010000300010>

CARTEA, M. E. La era de las ‘ciencias ómicas’ en la mejora genética vegetal. **Sociedad de Ciencias de Galicia**, Nº 17, p. 66 - 73, 2017. Disponível em: <http://mol-en.scg.org.es/wp-content/uploads/2018/01/MOL-17.pdf#page=66> . Acesso em: 13 de outubro, 2020.

CASTELL, W. Z; ERNST, D. Experimental ‘omics’ data in tree research: facing complexity. **Trees**, v. 26, n. 6, p. 1723-1735, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00468-012-0777-5>

CELEDON, P. A. F. **Identificação de proteínas da região cambial de *Eucalyptus grandis* por eletroforese bidimensional e espectrometria de massas.** 2006. 112p. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade de São Paulo, Piracicaba. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-06072006-163915/publico/PaolaCeledon.pdf>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

CHANDRA, K; KHAN, W; JETLEY, S; AHMAD, S; JAIN, S. Antidiabetic, toxicological, and metabolomic profiling of aqueous extract of *Cichorium intybus* seeds. **Pharmacognosy Magazine**, v. 14, n. 57, p. 377-383, 2018. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/327518977\\_Antidiabetic\\_toxicological\\_and\\_metabolo\\_mic\\_profiling\\_of\\_aqueous\\_extract\\_of\\_Cichorium\\_intybus\\_seeds](https://www.researchgate.net/publication/327518977_Antidiabetic_toxicological_and_metabolo_mic_profiling_of_aqueous_extract_of_Cichorium_intybus_seeds). Acesso em: 18 de outubro, 2020.

CHEBROLU, K. K; FRITSCHI, F. B; YE, S; KRISHNAN, H. B; SMITH, J. R; GILLMAN, J. D. Impact of heat stress during seed development on soybean seed metabolome. **Metabolomics**, v. 12, n. 28, p. 1 -14, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11306-015-0941-1>

CHEN, L; WU, J; LI, Z; LIU, Q; ZHAO, X; YANG, H. Metabolomic analysis of energy regulated germination and sprouting of organic mung bean (*Vigna radiata*) using NMR spectroscopy. **Food Chemistry**, v. 286, p. 87-97, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.01.183>

CHIBANI, K; ALI-RACHEDI, S; JOB, C; JOB, D; JULLIEN, M; GRAPPIN, P. Proteomic Analysis of Seed Dormancy in Arabidopsis. **Plant Physiology**, v. 142, n. 4, p. 1493-1510, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.106.087452>

CIESLA, L. Biological fingerprinting of herbal samples by means of liquid chromatography. **Chromatography Research International**, v. 2012, 2011. Disponível em: <http://downloads.hindawi.com/archive/2012/532418.pdf>. Acesso em: 15 de outubro, 2020.

CORREIA, B. S. B. **Análise lipidômica de alguns peixes amazônicos.** 2017. 185 p. Tese (Doutorado em Ciências) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas. Disponível em: <http://repositorio.unicamp.br/jspui/handle/REPOSIP/325370>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

DALCHIAVON, F. C; NEVES, G; HAGA, K. I. Efeito de stresse salino em sementes de *Phaseolus vulgaris*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 3, p. 404-412, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.19084/RCA15161>

DAS, A; KIM, D-W; KHADKA, P; RAKWAL, R; ROHILA, J. S. Unraveling key metabolomic alterations in wheat embryos derived from freshly harvested and water-imbibed seeds of two wheat cultivars with contrasting dormancy status. **Frontiers In Plant Science**, v. 8, p. 1-16, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2017.01203>

DEGANI, A. L. G; CASS, Q. B; VIEIRA, P. C. Cromatografia: um breve ensaio. **Química Nova**, Nº 7, 1998. Disponível em: <http://qnesc.sbq.org.br/online/qnesc07/atal.pdf>. Acesso em: 13 de outubro, 2020.

DIAS, L. L. C. **Aspectos fisiológicos, bioquímicos e análise proteômica comparativa durante a maturação, germinação e conversão em plantas de embriões de *Ocotea catharinensis* Mez. (Lauraceae).** 2009. 124 f. Tese (Doutorado em Biotecnologia) - Universidade de São Paulo, São Paulo. Disponível em:

<https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/87/87131/tde-10082009-172459/en.php>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

DOLL, N. M; JUST, J; BRUNAUD, V; CAÏUS, J; GRIMAUULT, A; DEPÈGE-FARGEIX, N; ESTEBAN, E; PASHA, A; PROVART, N. J; INGRAM, G. C; ROGOWSKY, P.M; WIDIEZ, T. Transcriptomics at Maize Embryo/Endosperm Interfaces Identifies a Transcriptionally Distinct Endosperm Subdomain Adjacent to the Embryo Scutellum. **The Plant Cell**, v. 32, n. 4, p. 833-852, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.19.00756>

DOMON, B; AEBERSOLD, R. Mass spectrometry and protein analysis. *Science*, v. 312, p. 212-217, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1124619>

DONG, K; ZHEN, S; CHENG, Z; CAO, H; GE, P; YAN, Y. Proteomic Analysis Reveals Key Proteins and Phosphoproteins upon Seed Germination of Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Frontiers In Plant Science**, v. 6, p. 1-14, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2015.01017>

DORIA, E; PAGANO, A; FERRERI, C; LAROCCA, A. V; MACOVEI, A; ARAÚJO, S. S; BALESTRAZZI, A. How does the seed pre-germinative metabolism fight against imbibition damage? Emerging roles of fatty acid cohort and antioxidant defence. **Frontiers In Plant Science**, v. 10, 13 p., 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2019.01505>

DUCATTI, K. R. **Vigor de sementes de soja: estudos fisiológicos e moleculares relacionados ao déficit hídrico**. 2018. 147 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu. Disponível em: [https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/180667/ducatti\\_kr\\_dr\\_botfca.pdf?sequence=3&isAllowed=y](https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/180667/ducatti_kr_dr_botfca.pdf?sequence=3&isAllowed=y). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

DURAND, T; CUEFF, G; GODIN, B; VALOT, B; CLÉMENT, G; GAUDE, T; RAJJOU, L. Combined proteomic and metabolomic profiling of the *Arabidopsis thaliana* vps29 mutant reveals pleiotropic functions of the retromer in seed development. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 2, p. 362-384, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/ijms20020362>

EBEED, H. T. Bioinformatics Studies on the Identification of New Players and Candidate Genes to Improve Brassica Response to Abiotic Stress. In: **The Plant Family Brassicaceae**. Springer, Singapore, 2020. p. 483-496. DOI: [https://doi.org/10.1007/978-981-15-6345-4\\_18](https://doi.org/10.1007/978-981-15-6345-4_18)

ESPINDOLA, F. S; CALÁBRIA, L. K; REZENDE, A. A. A; PEREIRA, B. B; SANTANA, F. A; AMARAL, I. M. R; LOBATO, J; FRANÇA, J. L; MARIO, J. L; FIGUEIREDO, L. B; LOPES, L. P. S; GOUVEIA, N. M; NASCIMENTO, R; TEIXEIRA, R. R; REIS, T. A; ARAÚJO, T. G. Recursos de bioinformática aplicados às ciências ômicas como genômica, transcriptômica, proteômica, interatômica e metabolômica. **Bioscience Journal**, v. 26, n. 3, p. 463-477, 2010. Disponível em: <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7146/4861>. Acesso em: 13 de outubro, 2020.

FALCO, B; FIORE, A; BOCHICCHIO, R; AMATO, M; LANZOTTI, V. Metabolomic analysis by UAE-GC MS and antioxidant activity of *Salvia hispanica* (L.) seeds grown under different irrigation regimes. **Industrial Crops and Products**, v. 112, p. 584-592, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.indcrop.2017.12.030>

FALCO, B; INCERTI, G; BOCHICCHIO, R; PHILLIPS, T. D; AMATO, M; LANZOTTI, V. Metabolomic analysis of *Salvia hispanica* seeds using NMR spectroscopy and multivariate data analysis. **Industrial Crops And Products**, v. 99, p. 86-96, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.indcrop.2017.01.019>

FARAG, M. A; GAD, H. A; HEISS, A. G; WESSJOHANN, L. A. Metabolomics driven analysis of six *Nigella* species seeds via UPLC-qTOF-MS and GC-MS coupled to chemometrics. **Food Chemistry**, v. 151, p. 333-342, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2013.11.032>

FARIA, J. C. T; MELO, L. A; ASSUMPÇÃO, C. R. M; BRONDANI, G. E; BREIER, T. B; FARIA, J. M. R. Physical quality of seeds of *Moquiniastrum polymorphum*. **Brazilian Journal of Biology**, v. 79, n. 1, p. 63-69, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1519-6984.175407>

FARIAS, A. R. B. **Análise proteômica quantitativa de folhas, raízes e sementes de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) com teores contrastantes de ésteres de forbol**. 2019. 120 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/46998>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

FERNANDES, C; FIGUEIRA, E; TAULER, R; BEDIA, C. Exposure to chlorpyrifos induces morphometric, biochemical and lipidomic alterations in green beans (*Phaseolus vulgaris*). **Ecotoxicology And Environmental Safety**, v. 156, p. 25-33, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ecoenv.2018.03.005>

FERNIE, A. R; STITT, M. On the discordance of metabolomics with proteomics and transcriptomics: coping with increasing complexity in logic, chemistry, and network interactions scientific correspondence. **Plant Physiology**, v. 158, n. 3, p. 1139-1145, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.112.193235>

FIEHN, O. Combining genomics, metabolome analysis, and biochemical modelling to understand metabolic networks. **Comparative and functional genomics**, v. 2, n. 3, p. 155-168, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1002/cfg.82>

FOLEY, R. C; JIMENEZ-LOPEZ, J. C; KAMPHUIS, L. G; HANE, J. K; MELSER, S; SINGH, K. B. Analysis of conglutin seed storage proteins across lupin species using transcriptomic, protein and comparative genomic approaches. **BMC Plant Biology**, v. 15, n. 1, p. 1-12, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s12870-015-0485-6>

FORTI, V. A; CICERO, S. M; PINTO, T. L. F. Análise de imagens na avaliação de danos mecânicos e causados por percevejos em sementes de feijão. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 30, n. 1, p. 121-130, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222008000100016>

FRANCISCO, M; SOENGAS, P; VELASCO, P; BHADAURIA, V; CARTEA, M. E; RODRIGUEZ, V. M. Omics approach to identify factors involved in Brassica disease resistance. **Curr. Issues Mol. Biol**, v. 19, p. 31-42, 2015. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26363709/>. Acesso em: 13 de outubro, 2020.

FREIRE, J. M; URZEDO, D. I; PIÑA-RODRIGUES, F. C. A realidade das sementes nativas no Brasil: desafios e oportunidades para a produção em larga escala. **Seed News**, v. 21, n. 5, p. 24-28, 2017. Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/Danilo\\_Ignacio\\_De\\_Urzedo/publication/322581933\\_A](https://www.researchgate.net/profile/Danilo_Ignacio_De_Urzedo/publication/322581933_A)



realidade das sementes nativas no Brasil Desafios e oportunidades para a producao em larga escala/links/5a611f95a6fdccb61c50224f/A-realidade-das-sementes-nativas-no-Brasil-Desafios-e-oportunidades-para-a-producao-em-larga-escala. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

FUNARI, C. S; CASTRO-GAMBOA, I; CAVALHEIRO, A. J; BOLZANI, V. D. S. Metabolômica, uma abordagem otimizada para exploração da biodiversidade brasileira: estado da arte, perspectivas e desafios. **Química Nova**, p. 1605-1609, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-40422013001000019>

GALLARDO, K; JOB, C; GROOT, S. P. C; PUYPE, M; DEMOL, H; VANDEKERCKHOVE, J; JOB, D. Proteomic Analysis of Arabidopsis Seed Germination and Priming. **Plant Physiology**, v. 126, n. 2, p. 835-848, 2001. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.126.2.835>

GALLARDO, K; JOB, C; GROOT, S. P. C; PUYPE, M; DEMOL, H; VANDEKERCKHOVE, J; JOB, D. Proteomics of Arabidopsis Seed Germination. A Comparative Study of Wild-Type and Gibberellin-Deficient Seeds. **Plant Physiology**, v. 129, n. 2, p. 823-837, 2002. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.002816>

GALLARDO, K; SIGNOR, C. L; VANDEKERCKHOVE, J; THOMPSON, R. D; BURSTIN, J. Proteomics of Medicago truncatula Seed Development Establishes the Time Frame of Diverse Metabolic Processes Related to Reserve Accumulation. **Plant Physiology**, v. 133, n. 2, p. 664-682, 2003. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.103.025254>

GAO, H; WANG, Y; LI, W; GU, Y; LAI, Y; BI, Y; HE, C. Transcriptomic comparison reveals genetic variation potentially underlying seed developmental evolution of soybeans. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 21, p. 5089-5104, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1093/jxb/ery291>

GASPARIN, E. **Aspectos fisiológicos, celulares e moleculares da dessecação e armazenamento de sementes de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze**. 2016. 145 p. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras. Disponível em: <http://177.105.2.222/handle/1/11396>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

GOGNA, N; HAMID, N; DORAI, K. Metabolomic profiling of the phytomedicinal constituents of *Carica papaya* L. leaves and seeds by 1H NMR spectroscopy and multivariate statistical analysis. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v. 115, p. 74-85, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.jpba.2015.06.035>

GOUVEIA, M. C. P. **Avaliação do extrato alcoólico da casca e da semente da *Dipteryx alata* Vogel na cicatrização da pele de camundongos (linhagem C57BL6)**. 2020. 49 p. Dissertação (Mestrado em Cirurgia Veterinária) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/193289>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

GUEDES, J. A. C. **Estudo do perfil metabolômico de folhas de cajazeira, umbuzeiro e abacaxizeiro e sua correlação com potencial atividade anticâncer por meio de análise multivariada**. 2019. 160 f. Tese (Doutorado em Química) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <http://www.repositorio.ufc.br/handle/riufc/40003>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

HAJDUCH, M; CASTEEL, J. E; HURRELMAYER, K. E; SONG, Z; AGRAWAL, G. K; THELEN, J. J. Proteomic Analysis of Seed Filling in *Brassica napus*. Developmental

Characterization of Metabolic Isozymes Using High-Resolution Two-Dimensional Gel Electrophoresis. **Plant Physiology**, v. 141, n. 1, p. 32-46, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.105.075390>

HAN, C; ZHEN, S; ZHU, G; BIAN, Y; YAN, Y. Comparative metabolome analysis of wheat embryo and endosperm reveals the dynamic changes of metabolites during seed germination. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 115, p. 320-327, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plaphy.2017.04.013>

HIGASHI, Y; HIRAI, M. Y; FUJIWARA, T; NAITO, S; NOJI, M; SAITO, K. Proteomic and transcriptomic analysis of Arabidopsis seeds: molecular evidence for successive processing of seed proteins and its implication in the stress response to sulfur nutrition. **The Plant Journal**, v. 48, n. 4, p. 557-571, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-313x.2006.02900.x>

HODGINS, K. A.; MOORE, J. L. Adapting to a warming world: Ecological restoration, climate change, and genomics. **American Journal of Botany**, v. 103, n. 4, p. 590-592, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3732/ajb.1600049>

HONG, M; HU, K; TIAN, T; LI, X; CHEN, L; ZHANG, Y; YI, B; WEN, J; MA, C; SHEN, J; FU, T; TU, J. Transcriptomic Analysis of Seed Coats in Yellow-Seeded *Brassica napus* Reveals Novel Genes That Influence Proanthocyanidin Biosynthesis. **Frontiers In Plant Science**, v. 8, p. 1-14, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2017.01674>

HORNER, D. S; PAVESI, G; CASTRIGNANO, T; DE MEO, P. D. O; LIUNI, S; SAMMETH, M; PICARDI, E; PESOLE, G. Bioinformatics approaches for genomics and post genomics applications of next-generation sequencing. **Briefings in bioinformatics**, v. 11, n. 2, p. 181-197, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1093/bib/bbp046>

HOU, Q; UFER, G; BARTELS, D. Lipid signalling in plant responses to abiotic stress. **Plant, cell & environment**, v. 39, n. 5, p. 1029-1048, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/pce.12666>

HRADILOVÁ, I; TRNENY, O; VÁLKOVÁ, M; CECHOVÁ, M; JANSKÁ, A; PROKELOVÁ, L; AAMIR, K; KREZDORN, N; ROTTER, B; WINTER, P. A. combined comparative transcriptomic, metabolomic, and anatomical analyses of two key domestication traits: pod dehiscence and seed dormancy in pea (*Pisum* sp.). **Frontiers In Plant Science**, v. 8, p. 1-25, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2017.00542>

HRDLICKOVA, R; TOLOUE, M; TIAN, B. RNA-Seq methods for transcriptome analysis. **Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA**, v. 8, n. 1, p. 1 - 17, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1002/wrna.1364>

HUANG, J; ZHANG, T; ZHANG, Q; CHEN, M; WANG, Z; ZHENG, B; XIA, G; YANG, X; HUANG, C; HUANG, Y. The mechanism of high contents of oil and oleic acid revealed by transcriptomic and lipidomic analysis during embryogenesis in *Carya cathayensis* Sarg. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, p. 1 - 18, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s12864-016-2434-7>

IUCN. International Union for Conservation of Nature. Disponível em: < <https://www.iucn.org/theme/forests/our-work/forest-landscape-restoration/bonn-challenge> >. Acesso em: 13 de outubro, 2013.

IPEA. Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada. **Programa de aquisição de sementes e mudas nativas (PASEM): uma proposta de política pública para fins de regularização**

**ambiental no Brasil.** Texto para Discussão. Rio de Janeiro, 2017. Disponível em: [http://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/7431/1/td\\_2272.pdf](http://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/7431/1/td_2272.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

IQBAL, N; MASOOD, A; KHAN, N. A. Phytohormones in Salinity Tolerance: Ethylene and Gibberellins Cross Talk. In: **Phytohormones and Abiotic Stress Tolerance in Plants**. Berlim, Springer-Verlag, 2013. 306p. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-642-25829-9>. Acesso em: 13 de outubro, 2020.

JEREISSATI, C. B. P. **Análise proteômica de plastídeos do endosperma de sementes em desenvolvimento de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)**. 2015. 127 f. Tese (Doutorado em Bioquímica) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/19405>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

JIANG, J; ZHU, S; YUAN, Y; WANG, Y; ZENG, L; BATLEY, J; WANG, Y. P. Transcriptomic comparison between developing seeds of yellow- and black-seeded *Brassica napus* reveals that genes influence seed quality. **BMC Plant Biology**, v. 19, n. 1, p. 1-14, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s12870-019-1821-z>

JIANG, Y; DAVID, B; TU, P; BARBIN, Y. Recent analytical approaches in quality control of traditional Chinese medicines - a review. **Analytica chimica acta**, v. 657, n. 1, p. 9-18, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.aca.2009.10.024>

JORGE, T. F; RODRIGUES, J. A; CALDANA, C; SCHMIDT, R; VAN DONGEN, J. T; THOMAS-OATES, J; ANTÓNIO, C. Mass spectrometry-based plant metabolomics: Metabolite responses to abiotic stress. **Mass Spectrometry Reviews**, v. 35, n. 5, p. 620-649, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1002/mas.21449>

JOSÉ, A. C; LIGTERINK, W; DAVIDE, A. C; SILVA, E. A; HILHORST, H. W. CHANGES in gene expression during drying and imbibition of desiccation sensitive *Magnolia ovata* (A. St.-Hil.) spreng. seeds. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 31, n. 1, p. 270-280, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222009000100030>

JOSÉ, A. C; SILVA, E. A. A; DAVIDE, A. C; MELO, A. J. S; TOOROP, P. E. Effects of drying rate and storage time on *Magnolia ovata* Spreng. seed viability. **Seed Science And Technology**, v. 39, n. 2, p. 425-434, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.15258/sst.2011.39.2.14>

KAZMI, R.H; WILLEMS, L. A. J; JOOSEN, R. V. L; NOORULLAH, K; LIGTERINK. W; HILHORST, H. W. M. Metabolomic analysis of tomato seed germination. **Metabolomics**, v. 13, p 1-17, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11306-017-1284-x>

KE, C; HOU, Y; ZHANG, H; YANG, K; WANG, J; GUO, B; ZHANG, F; HAILONG LI, H; XIAOHUA ZHOU, X; LI, Y; LI, K. Plasma metabolic profiles in women are menopause dependent. **PloS one**, v. 10, n. 11, p. e0141743, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141743>

KIRAN, R; RAO, R. Proteomic Analysis in response to germination in *Ceiba pentandra* (Kapok) seeds. **Journal of Biochemical and Biophysical**, v. 2, n. 1, p. 1 - 7, 2018. Disponível em: <http://www.annepublishers.com/articles/JBB/2101-Proteomic-Analysis-in-Response-to-Germination-in-Ceiba-pentandra-Kapok-Seeds.pdf>. Acesso em: 18 de outubro, 2020.

KUBALA, S; GARNCZARSKA, M; WOJTYLA, L; CLIPPE, A; KOSMALA, A; ZMIENKO, A; LUTTS, S; QUINET, M. Deciphering priming-induced improvement of rapeseed (*Brassica napus* L.) germination through an integrated transcriptomic and proteomic approach. **Plant Science**, v. 231, p. 94-113, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plantsci.2014.11.008>

LA FUENTE, M; BORRAJO, A; BERMÚDEZ, J; LORES, M; ALONSO, J; LÓPEZ, M; SANTALLA, M; RON, A. M; ZAPATA, C; ALVAREZ, G. 2-DE-based proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. **Journal of Proteomics**, v. 74, n. 2, p. 262-267, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.jprot.2010.10.004>

LATA, C; PRASAD, M. Role of DREBs in regulation of abiotic stress responses in plants. **Journal of experimental botany**, v. 62, n. 14, p. 4731-4748, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/err210>

LEISNER, C. P; YENDREK, C. R; AINSWORTH, E. A. Physiological and transcriptomic responses in the seed coat of field-grown soybean (*Glycine max* L. Merr.) to abiotic stress. **BMC Plant Biology**, v. 17, n. 1, p. 1-11, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1188-y>

LEMOS, V. N. S. **Exploração in silico de dados de RNA-Seq de sementes de *Elaeis guineensis*, *Jatropha curcas* e *Ricinus communis* para a reconstrução de vias metabólicas de ácidos graxos e anotação de genes de interesse biotecnológico**. 2019. 140 f. Dissertação (Mestrado em Tecnologias Química e Biológica) - Universidade de Brasília, Brasília. Disponível em: <https://repositorio.unb.br/handle/10482/37020>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

LI, J; SHI, T; HUANG, L; HE, D; NYONG'A, T. M; YANG, P. Systematic transcriptomic analysis provides insights into lotus (*Nelumbo nucifera*) seed development. **Plant Growth Regulation**, v. 86, n. 3, p. 339-350, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s10725-018-0433-1>

LI, K; WANG, D; GONG, L; LYU, Y; GUO, H; CHEN, W; JIN, C; LIU, X; FANG, C; LUO, J. Comparative analysis of metabolome of rice seeds at three developmental stages using a recombinant inbred line population. **The Plant Journal**, v. 100, n. 5, p. 908-922, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/tbj.14482>

LIAO, P; WOODFIELD, H. K; HARWOOD, J. L; CHYE, M. L; SCOFIELD, S. Comparative transcriptomics analysis of *Brassica napus* L. during seed maturation reveals dynamic changes in gene expression between embryos and seed coats and distinct expression profiles of acyl-coa-binding proteins for lipid accumulation. **Plant and Cell Physiology**, v. 60, n. 12, p. 2812-2825, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/pcp/pcz169>

LIN, H; RAO, J; SHI, J; HU, C; CHENG, F; WILSON, Z. A; ZHANG, D; QUAN, S. Seed metabolomic study reveals significant metabolite variations and correlations among different soybean cultivars. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 56, n. 9, p. 826-836, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1111/jipb.12228>

LITTLE, S. A; BOYES, I. G; DONALESSEN, K; VON ADERKAS, P; EHLTING, J. A transcriptomic resource for Douglas-fir seed development and analysis of transcription during late megagametophyte development. **Plant Reproduction**, v. 29, n. 4, p. 273-286, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00497-016-0291-9>

LIU, H; HONG, Y; LU, Q; LI, H; GU, J; REN, L; DENG, L; ZHOU, B; CHEN, X; LIANG, X. Integrated analysis of comparative lipidomics and proteomics reveals the dynamic changes of lipid molecular species in high-oleic acid peanut seed. **Journal of Agricultural And Food Chemistry**, v. 68, n. 1, p. 426-438, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1021/acs.jafc.9b04179>

LIU, Z; WANG, R; WANG, J. Comprehensive Transcriptomic Analysis for Developing Seeds of a Synthetic Brassica Hexaploid. **Plants**, v. 9, n. 9, p. 1 - 18, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants9091141>

LIVRAMENTO, K. G; BORÉM, F. M; JOSÉ, A. C; SANTOS, A. V; LIVRAMENTO, D. E; ALVES, J. D; PAIVA, L. V. Proteomic analysis of coffee grains exposed to different drying process. **Food Chemistry**, v. 221, p. 1874-1882, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2016.10.069>

LOHN, A. F. **Metaboloma parcial de milho crioulo submetido a diferentes graus de fluxo gênico por cultivares geneticamente modificadas**. 2014. 191 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis. Disponível em: <https://repositorio.ufsc.br/xmlui/bitstream/handle/123456789/135094/334808.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

LÓPEZ, C.E. R; BRENES, C. H; TREVINO, V. Avocado fruit maturation and ripening: dynamics of aliphatic acetogenins and lipidomic profiles from mesocarp, idioblasts and seed. **BMC Plant Biology**, v. 17, n. 159, p. 1 - 23, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1103-6>

MAI, Y; HUO, K; YU, H; ZHOU, N; SHUI, L; LIU, Y; ZHANG, C; NIU, J; WANG, L. Using lipidomics to reveal details of lipid accumulation in developing Siberian apricot (*Prunus sibirica* L.) seed kernels. **GCB Bioenergy**, v. 12, n. 7, p. 539-552, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/gcbb.12693>

MALOVICHKO, Y. V; SHTARK, O. Y; VASILEVA, E. N; NIZHNIKOV, A. A; ANTONETS, K. S. Transcriptomic Insights into Mechanisms of Early Seed Maturation in the Garden Pea (*Pisum sativum* L.). **Cells**, v. 9, n. 3, p. 1-32, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/cells9030779>

MARMON, S; STURTEVANT, D; HERRFURTH, C; CHAPMAN, K; STYMNE, S; FEUSSNER, I. Two acyltransferases contribute differently to linolenic Acid Levels in Seed Oil. **Plant Physiology**, v. 173, n. 4, p. 2081-2095, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.16.01865>

MARTINS, R. S; JOSÉ, A. C; FARIA, J. M. R; OLIVEIRA, L. C. Proteomic analysis of osmoprimed and heat-shock-treated *Eucalyptus urophylla* seeds. **Trees**, v. 31, n. 1, p. 313-324, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00468-016-1485-3>

NOGUEROL, R. M; MORENO-PÉREZ, A. J; ACKET, S; MAKNI, S; GARCÉS, R; TRONCOSO-PONCE, A; SALAS, J. J; THOMASSET, B; MARTÍNEZ-FORCE, E. Lipidomic analysis of plastidial octanoyltransferase mutants of *Arabidopsis thaliana*. **Metabolites**, v. 9, n. 10, p. 209-225, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/metabo9100209>

MATOS, A. C. B. **Análise fisiológica e molecular da germinação de sementes de brauna (*Melanoxylon brauna* Schott) sob estresses hídrico e salino**. 2017. 84 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. Disponível em: <https://www.locus.ufv.br/handle/123456789/21940>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

- MIERNYK, J. A; JOHNSTON, M. L. Proteomic analysis of the testa from developing soybean seeds. **Journal of proteomics**, v. 89, p. 265-272, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2013.05.013>
- MIN, J. E; HONG, J. Y; KWON, S. W; PARK, J. H. Integrated metabolomics signature for assessing the longevity of *Panax ginseng* seeds. **Journal of The Science of Food And Agriculture**, v. 99, n. 13, p. 6089-6096, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1002/jsfa.9887>
- MINUZZI, A; BRACCINI, A. D. L; RANGEL, M. A. S; SCAPIM, C. A; BARBOSA, M. C; ALBRECHT, L. P. Qualidade de sementes de quatro cultivares de soja, colhidas em dois locais no estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 32, n. 1, p. 176-185, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222010000100020>
- MISHRA, S; ANKIT, R. S; GOGNA, N; DORAI, K. NMR-based metabolomic profiling of the differential concentration of phytochemical compounds in pericarp, skin and seeds of *Momordica charantia* (bitter melon). **Natural Product Research**, p. 1-6, 2020. Disponível em: [https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14786419.2020.1762190?casa\\_token=FjhmD5D7c8wAAAAA%3ALjAowI1UIZAHkL\\_b1LxBRlXrLMMCMKK596AmLbFeclvEakX49z iqptEa0I7\\_8LPjw4Zo20AihVYYJ7](https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14786419.2020.1762190?casa_token=FjhmD5D7c8wAAAAA%3ALjAowI1UIZAHkL_b1LxBRlXrLMMCMKK596AmLbFeclvEakX49z iqptEa0I7_8LPjw4Zo20AihVYYJ7). Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- MOITA, I. S. **Caracterização química das cascas das sementes de espécies do gênero *Theobroma***. 2019. 153 p. Dissertação (Mestrado em Química) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus. Disponível em: <https://tede.ufam.edu.br/handle/tede/7444>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- MURAD, A. M; RECH, E. L. NanoUPLC-MS E proteomic data assessment of soybean seeds using the Uniprot database. **BMC Biotechnology**, v. 12, n. 1, p. 1 - 17, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1186/1472-6750-12-82>
- NAGALAKSHMI, U; WAERN, K; SNYDER, M. RNA-Seq: a method for comprehensive transcriptome analysis. **Current protocols in molecular biology**, v. 89, n. 1, p. 1- 13, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1002/0471142727.mb0411s89>
- NARAYANAN, S; ZOONG-LWE, Z. S; GANDHI, N; WELTI, R.; FALLEN, B; SMITH, J. R; RUSTGI, S. Comparative lipidomic analysis reveals heat stress responses of two soybean genotypes differing in temperature sensitivity. **Plants**, v. 9, n. 4, p. 457-474, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/plants9040457>
- NARSAI, R; GOUIL, Q; SECCO, D; SRIVASTAVA, A; KARPIEVITCH, Y. V; LIEW, L. C; LISTER, R; LEWSEY, M. G; WHELAN, J. Extensive transcriptomic and epigenomic remodelling occurs during *Arabidopsis thaliana* germination. **Genome Biology**, v. 18, n. 1, p. 1-18, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s13059-017-1302-3>
- NASCIMENTO, G. O; SOUZA, D. P; SANTOS, A. S; BATISTA, J. F; RATHINASABAPATHI, B; GAGLIARDI, P. R; GONÇALVES, J. F. C. Lipidomic profiles from seed oil of *Carapa guianensis* Aubl. and *Carapa vasquezii* Kenfack and implications for the control of phytopathogenic fungi. **Industrial Crops And Products**, v. 129, p. 67-73, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.11.069>
- NELSON, T; GANDOTRA, N; TAUSTA, S. L. Plant cell types: reporting and sampling with new technologies. **Current opinion in plant biology**, v. 11, n. 5, p. 567-573, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2008.06.006>

OBUDULU, O; MÄHLER, N; SKOTARE, T; BYGDELL, J; ABREU, I. N; AHNLUND, M; GANDLA, M. L; PETTERLE, A; MORITZ, T; HVIDSTEN, T. R; JÖNSSON, L. J; WINGSLE, G; TRYGG, J; TUOMINEN, H. A multi-omics approach reveals function of Secretory Carrier-Associated Membrane Proteins in wood formation of *Populus* trees. **BMC Genomics**, v. 19, n. 1, p. 11, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4411-1>

OLIVEIRA, D. S. **Estudo metabolômico do gênero *Copaifera* - Fabaceae**. 2019. 130 p. Dissertação (Mestrado em Química) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus. Disponível em: <https://tede.ufam.edu.br/handle/tede/7460>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

OLIVEIRA, L. M; CARVALHO, M. L. M; DAVIDE, A. C. Utilização do teste de raios-X na avaliação da qualidade de sementes de canafístula (*Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert). **Revista Brasileira de Sementes**, v. 25, n. 1, p. 116-120, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222003000100018>

OLIVER, S. G; WINSON, M. K; KELL, D. B; BAGANZ, F. Systematic functional analysis of the yeast genome. **Trends in Biotechnology**, v. 16, n. 9, p. 373-378, 1998. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0167-7799\(98\)01214-1](https://doi.org/10.1016/S0167-7799(98)01214-1)

PAIS, M. S. Somatic embryogenesis induction in woody species: The future after OMICs data assessment. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 240, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00240>

PAIXÃO, S. S. R. M; FASCINELI, M. L; ROLL, M. M; LONGO, J. P. F; AZEVEDO, R. B; PIECZARKA, J. C; SALGADO, H. L. C; SANTOS, A. S; GRISOLIA, C. K. The lipidome, genotoxicity, hematotoxicity and antioxidant properties of andiroba oil from the Brazilian Amazon. **Genetics and Molecular Biology**, v. 39, n. 2, p. 248-256, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2015-0098>

PARK, J, KIM, Y. S, KIM, S. G, JUNG, J. H, WOO, J. C, PARK, C. M. Integration of auxin and salt signals by the NAC transcription factor NTM2 during seed germination in *Arabidopsis*. **Plant physiology**, v. 156, n. 2, p. 537-549, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.111.177071>

PAWIOWSKI, T. A; KLUPCZYŃSKA, E. A; STASZAK, A. M; SUSZKA, J. Proteomic analysis of black poplar (*Populus nigra* L.) seed storability. **Annals of Forest Science**, v. 76, n. 4, p. 104-117, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s13595-019-0887-y>

PEREIRA NETO, L. G. **Longevidade de sementes de *Astronium fraxinifolium* Schott: estudos fisiológicos, bioquímicos e moleculares**. 2016. 136 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu. Disponível em: [https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/148714/pereiraneto\\_lg\\_dr\\_bot\\_sub.pdf?sequence=6&isAllowed=y](https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/148714/pereiraneto_lg_dr_bot_sub.pdf?sequence=6&isAllowed=y). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

PHUONG, D. L; TOAN, T. Q; DANG, L. P. T; IMBS, A. B; LONG, P. Q; THANG, T. D; MATTHAEUS, B; BACH, L. G; BUI, L. M. Lipid isolation process and study on some molecular species of polar lipid isolated from seed of *Madhuca elliptica*. **Processes**, v. 7, n. 6, p. 375-395, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/pr7060375>

PIÑA-RODRIGUES, F. C. M; NOGUEIRA, E. S; PEIXOTO, M. C. Estado da arte da pesquisa em tecnologia de sementes de espécies florestais da Mata Atlântica. In: **Parâmetros técnicos para produção de Sementes Florestais**. 1ªed. .Seropédica: EDUR, 2007. 186 f.

Disponível em:

[https://www.researchgate.net/profile/Fatima\\_Pina\\_Rodrigues/publication/232768854\\_Parametros\\_tecnicos\\_para\\_a\\_producao\\_de\\_sementes\\_florestais/links/0fcfd50954abb9ff5e000000/Parametros-tecnicos-para-a-producao-de-sementes-florestais.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Fatima_Pina_Rodrigues/publication/232768854_Parametros_tecnicos_para_a_producao_de_sementes_florestais/links/0fcfd50954abb9ff5e000000/Parametros-tecnicos-para-a-producao-de-sementes-florestais.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

PLOMION, C; BASTIEN, C; BOGEAT-TRIBOULOT, M. B; BOUFFIER, L; DÉJARDIN, A; DUPLESSIS, S; FADY, B; HEUERTZ, M; LE GAC, A. L; LE PROVOST, G; LEGUÉ, V; WALTER, M. A. L; LEPLÉ, J. C; MAURY, S; MOREL, A; MURATORIO, S. O; PILATE, G; SANCHEZ, L; SCOTTI, I; SAINTAGNE, C. S; SEGURA, V; TRONTIN, J. F; VACHER, C. Forest tree genomics: 10 achievements from the past 10 years and future prospects. **Annals of Forest Science**, v. 73, n. 1, p. 77-103, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13595-015-0488-3>

QU, C; CHEN, J; CAO, L; TENG, X; LI, J; YANG, C; ZHANG, X; ZHANG, Y; LIU, G; XU, Z. Non-targeted metabolomics reveals patterns of metabolic changes during poplar seed germination. **Forests**, v. 10, n. 8, p. 659-671, 2019b. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/f10080659>

QU, C; ZUO, Z; CAO, L; HUANG, J; SUN, X; ZHANG, P; YANG, C; LI, L; XU, Z; LIU, G. Comprehensive dissection of transcript and metabolite shifts during seed germination and post-germination stages in poplar. **BMC plant biology**, v. 19, n. 1, p. 279, 2019a. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1862-3>

RAJJOU, L; BELGHAZI, M; HUGUET, R; ROBIN, C; MOREAU, A; JOB, C; JOB, D. Proteomic Investigation of the Effect of Salicylic Acid on Arabidopsis Seed Germination and Establishment of Early Defense Mechanisms. **Plant Physiology**, v. 141, n. 3, p. 910-923, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.106.082057>

RICROCH, A. E; BERGÉ, J. B; KUNTZ, M. Evaluation of genetically engineered crops using transcriptomic, proteomic, and metabolomic profiling techniques. **Plant physiology**, v. 155, n. 4, p. 1752-1761, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.111.173609>

ROCHA, A. J. **Análise da expressão gênica de proteinases cisteínicas relacionadas à morte celular programada e à maturação de proteínas de reservas em sementes de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)**. 2012. 82 f. Dissertação (Mestrado em Bioquímica) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/9731>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

ROCHA, T. L; COSTA, P. H. A; MAGALHÃES, J. C. C; EVARISTO, R. G. S; VASCONCELOS, E. A. R; COUTINHO, M. V; PAES, N. S; SILVA, M; C. M; GROSSI-DE-SÁ, M. D. F. **Eletroforese bidimensional e análise de proteomas**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-Comunicado Técnico (INFOTECA-E), 2005. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/187102/1/cot136.pdf>. Acesso em: 15 de outubro, 2020.

RODRIGUES, A. M; BARROS, A. I. R; ANTÔNIO, C. Experimental design and sample preparation in forest tree metabolomics. **Metabolites**, v. 9, n. 12, p. 1 - 16, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/metabo9120285>



ROLIM, A. E. H; ARAÚJO, R. H; FERRAZ, E. G; DULTRA, F. K. D. A. A; FERNANDEZ, L. G. Lipidomics in the study of lipid metabolism: Current perspectives in the omic sciences. **Gene**, v. 554, n. 2, p. 131-139, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2014.10.039>

RUEBELT, M. C; LEIMGRUBER, N. K; LIPP, M; REYNOLDS, T. L; NEMETH, M. A; ASTWOOD, J. D; ENGEL, K. H; JANY, K. D. Application of two-dimensional gel electrophoresis to interrogate alterations in the proteome of genetically modified crops. Assessing analytical validation. **Journal of agricultural and food chemistry**, v. 54, n. 6, p. 2154-2161, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1021/jf0523566>

SANTOS, M. M; DORIGUETTO, I. R; BORGES, E. E; ATAÍDE, G. M. Germinação e alteração de reservas em sementes de amendoim-bravo (*Pterogyne nitens*) sob estresse térmico. **Revista Brasileira de Biociências**, v. 17, n. 1, 2019. Disponível em: <http://www.ufrgs.br/seerbio/ojs/index.php/rbb/article/view/4151/1394>. Acesso em: 15 de outubro, 2020.

PEREIRA, P. S.. As Culturas hortícolas e a era das ômicas. **Revista da APH**, Nº 115, p. 24 - 26, 2014. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/266616167\\_AS\\_CULTURAS\\_HORTICOLAS\\_E\\_A\\_ERA\\_DAS\\_OMICAS\\_Paula\\_Sa-Pereira](https://www.researchgate.net/publication/266616167_AS_CULTURAS_HORTICOLAS_E_A_ERA_DAS_OMICAS_Paula_Sa-Pereira). Acesso em: 13 de outubro, 2020.

SCHMIDT, M. A; BARBAZUK, W. B; SANDFORD, M; MAY, G; SONG, Z; ZHOU, W; NIKOLAU, B. J; HERMAN, E. M. Silencing of soybean seed storage proteins results in a rebalanced protein composition preserving seed protein content without major collateral changes in the metabolome and transcriptome. **Plant Physiology**, v. 156, n. 1, p. 330-345, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.111.173807>

SCHNEIDER, C. R; ALVES, R. C; MASTELLA, A. D. F; GABIRA, M. M; WALTER, L. S; NOGUEIRA, A. C. Morphological, biometric and germinating potential of *Mollinedia clavigera* Tul. **FLORESTA**, v. 50, n. 2, p. 1363-1372, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.5380/ufv.v50i2.63861>

SEN, Z. Global warming threat on water resources and environment: a review. **Environmental geology**, v. 57, n. 2, p. 321-329, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00254-008-1569-5>

SHAH, M. **Análise proteômica de desenvolvimento de sementes *Jatropha curcas* L.** 2014. 169 f. Tese (Doutorado em Bioquímica) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/14935>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

SHARMIN, R. A; BHUIYAN, M. R; LV, W; YU, Z; CHANG, F; KONG, J; BHAT, J. A; ZHAO, T. RNA-Seq based transcriptomic analysis revealed genes associated with seed-flooding tolerance in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.). **Environmental And Experimental Botany**, v. 171, p. 1-45, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.envexpbot.2019.103906>

SILVA, A. P. M. D; MARQUES, H. R; LUCIANO, M. S. F; SANTOS, T. V. M. N. D; TEIXEIRA, A. M. C; SAMBUICHI, R. H. R. Gargalos da regulamentação da produção e comercialização de sementes e mudas florestais nativas no Brasil: contribuições para revisão da normativa. **Boletim Regional, Urbano e Ambiental**, v. 12, p. 72 - 80, 2015. Disponível em: [http://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/6494/1/BRU\\_n12\\_Gargalos.pdf](http://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/6494/1/BRU_n12_Gargalos.pdf). Acesso em: 13 de outubro, 2020.

- SILVA, F. N. **Aplicações da proteômica e lipidômica por espectrometria de massas na busca de alterações moleculares em hospedeiro infectado por "*Leishmania spp.*".** 2020. 103 p. Tese (Doutorado em Ciências) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas. Disponível em: [http://repositorio.unicamp.br/bitstream/REPOSIP/336864/1/Negrao\\_Fernanda\\_D.pdf](http://repositorio.unicamp.br/bitstream/REPOSIP/336864/1/Negrao_Fernanda_D.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- SILVA, G. H. **Restabelecimento da tolerância à dessecação de sementes germinadas de *Solanum lycocarpum* A. St.-Hil.** 2019. 63 p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/182550>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- SILVA, P. B. **Estudos do transcriptoma de sementes de *Solanum paniculatum* L. submetidas ao déficit hídrico durante a germinação.** 2015. 53 f. Tese (Doutorado Agronomia) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/190887>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- SILVEIRA, J. M. F. J; BORGES, I. C; BUAINAIN, A. M. Biotecnologia e agricultura: da ciência e tecnologia aos impactos da inovação. **São Paulo em perspectiva**, v. 19, n. 2, p. 101-114, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-88392005000200009>
- SILVEIRA, P. S. **Estudos fisiológicos e moleculares durante a superação da dormência morfológica de sementes de *Annona crassiflora*.** 2014. 131 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/100018/000755167.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.
- SMOLIKOVA, G. N; SHAVARDA, A. L; ALEKSEICHUK, I. V; CHANTSEVA, V. V; MEDVEDEV, S. S. The metabolomic approach to the assessment of cultivar specificity of *Brassica napus* L. seeds. **Russian Journal of Genetics: Applied Research**, v. 6, p. 78–83, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1134/S2079059716010147>
- SREEDHAR, R. V; KUMARI, P; SUNNY D. R; RAJASEKHARAN, R; SRINIVASAN, M. Exploring Triacylglycerol Biosynthetic Pathway in Developing Seeds of Chia (*Salvia hispanica* L.): a transcriptomic approach. **Plos One**, v. 10, n. 4, p. 1-18, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0123580>
- SUN, C; WANG, L; HU, D; RIQUICHO, A; R. M; LIU, T; HOU, X; LI, Y. Proteomic analysis of non-heading Chinese cabbage infected with *Hyaloperonospora parasitica*. **Journal of proteomics**, v. 98, p. 15-30, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2013.11.028>
- TANG, D; DONG, Y; GUO, N; Li, L; REN, H. Metabolomic analysis of the polyphenols in germinating mung beans (*Vigna radiata*) seeds and sprouts. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 94, p. 1639-1647, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1002/jsfa.6471>
- TEIXEIRA, R. N. **Retenção de clorofila em sementes de soja (*Glycine max* (L.) Merr.): estudos fisiológicos, bioquímicos e moleculares.** 2014. 84 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências

Agronômicas, Botucatu. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/132235>. Acesso em: 19 de outubro, 2020.

THOMAS, A; LENGLET, S; CHAURAND, P; DÉGLON, J; MANGIN, P; MACH, F; STEFFENS, S; WOLFENDER, J. L; STAUB, C. Mass spectrometry for the evaluation of cardiovascular diseases based on proteomics and lipidomics. **Thrombosis and haemostasis**, v. 106, n. 07, p. 20-33, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1160/TH10-12-0812>

TONETTI, O. A. O; DAVIDE, A. C; SILVA, E. A. A. Qualidade física e fisiológica de sementes de *Eremanthus erythropappus* (DC.) Mac. Leish. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 28, n. 1, p. 114-121, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222006000100016>

TOUBIANA, D; FAIT, A. Metabolomics-assisted crop breeding towards improvement in seed quality and yield. In: **Seed Development: OMICS Technologies toward Improvement of Seed Quality and Crop Yield**. Springer, Dordrecht, 2012. p. 453-475. DOI: [https://doi.org/10.1007/978-94-007-4749-4\\_22](https://doi.org/10.1007/978-94-007-4749-4_22)

TYERS, M; MANN, M. From genomics to proteomics. **Nature**, v. 422, p. 193-197, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature01510>

EMON, J. M. V. The omics revolution in agricultural research. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 64, n. 1, p. 36-44, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b04515>

VASCONCELOS, M. C; GONDIM, D. C; GOMES, L. J; SILVA-MANN, R. Expressão gênica diferencial de sementes de *Schinus terebinthifolius* Raddi. submetidas ao estresse combinado de temperatura e restrição hídrica. **Scientia Plena**, v. 6, n. 12, 2010. Disponível em: <https://www.scienciaplena.org.br/sp/article/view/319/88>. Acesso em: 18 de outubro, 2020.

VASCONCELOS, T. S. **Montagem de novo do transcriptoma de teca (*Tectona grandis* L. f.) e busca por genes relacionados ao estresse hídrico**. 2015. Dissertação (Mestrado em Fisiologia e Bioquímica de Plantas) - Universidade de São Paulo, Piracicaba. Disponível em: [https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11144/tde-23062015-153917/publico/Tarcisio\\_Sales\\_Vasconcelos.pdf](https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11144/tde-23062015-153917/publico/Tarcisio_Sales_Vasconcelos.pdf). Acesso em: 19 de outubro, 2020.

VIGEOLAS, H; CHINOY, C; ZUTHER, E; BLESSINGTON, B; GEIGENBERGER, P; DOMONEY, C. Combined metabolomic and genetic approaches reveal a link between the polyamine pathway and albumin 2 in developing pea seeds. **Plant Physiology**, v. 146, n. 1, p. 74-82, 2008. DOI: <http://dx.doi.org/10.1104/pp.107.111369>

WANG, L; FU, J; LI, M; FRAGNER, L; WECKWERTH, W; YANG, P. Metabolomic and proteomic profiles reveal the dynamics of primary metabolism during seed development of lotus (*Nelumbo nucifera*). **Frontiers In Plant Science**, v. 7, p 1 - 12, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2016.00750>

WANG, L; SHEN, W; KAZACHKOV, M; CHEN, G; CHEN, Q; CARLSSON, A. S; STYMNE, S; WESELAKE, R. J; ZOU, J. Metabolic interactions between the lands cycle and the Kennedy pathway of glycerolipid synthesis in Arabidopsis developing seeds. **The Plant Cell**, v. 24, n. 11, p. 4652-4669, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.112.104604>

WANG, X; LI, M; LIU, X; ZHANG, L; DUAN, Q; ZHANG, J. Quantitative Proteomic Analysis of Castor (*Ricinus communis* L.) Seeds During Early Imbibition Provided Novel Insights into Cold Stress Response. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 2, p. 355-373, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/ijms20020355>

WANG, Y; XU, W; CHEN, Z; HAN, B; HAQUE, M. E; LIU, A. Gene structure, expression pattern and interaction of Nuclear Factor-Y family in castor bean (*Ricinus communis*). **Planta**, v. 247, n. 3, p. 559-572, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00425-017-2809-2>

WANG, Z; GERSTEIN, M; SNYDER, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. **Nature Reviews Genetics**, v. 10, n. 1, p. 57-63, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrg2484>

WAY, J. C; COLLINS, J. J; KEASLING, J. D; SILVER, P. A. Integrating biological redesign: where synthetic biology came from and where it needs to go. **Cell**, v. 157, n. 1, p. 151-161, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.02.039>

WEI, S; YANG, X; HUO, G; GE, G; LIU, H; LUO, L; HU, J; HUANG, D; LONG, P. Distinct metabolome changes during seed germination of lettuce (*Lactuca sativa* L.) in response to thermal stress as revealed by untargeted metabolomics analysis. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 4, p. 1481-1498, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/ijms21041481>

WELTI, R; SHAH, J; LI, W. Q; LI, M. Y; CHEN, J. P; BURKE, J. J; FAUCONNIER M. L; CHAPMAN K; CHYE M. L; WANG, X. M. Plant lipidomics: discerning biological function by profiling plant complex lipids using mass spectrometry. **Frontiers in Bioscience**, v. 12, 2007. DOI: <https://doi.org/10.2741/2250>

WENK, M. R. Lipidomics: new tools and applications. **Cell**, v. 143, n. 6, p. 888-895, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2010.11.033>

WIELEWICKI, A. P; LEONHARDT, C; SCHLINDWEIN, G; MEDEIROS, A. C. D. S. Proposal for germination and water content standards for seeds of some southern Brazilian native tree species. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 28, n. 3, p. 191-197, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222006000300027>

WOODFIELD, H. K; CAZENAVE-GASSIOT, A; HASLAM, R. P; GUSCHINA, I. A; WENK, M. R; HARWOOD, J. L. Using lipidomics to reveal details of lipid accumulation in developing seeds from oilseed rape (*Brassica napus* L.). **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1863, n. 3, p. 339-348, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bbalip.2017.12.010>

WU, X; LI, N; LIA, H; TANG, H. An optimized method for NMR-based plant seed metabolomic analysis with maximized polar metabolite extraction efficiency, signal-to-noise ratio, and chemical shift consistency. **Analyst**, v. 137, n. 7, p. 1769-1778, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1039/C3AN02100A>

WU, X; LIU, H; WANG, W; CHEN, S; HU, X; LI, C. Proteomic analysis of seed viability in maize. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 33, n. 1, p. 181-191, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s11738-010-0536-4>

XU, Y; ZHAO, Y; DUAN, H; SUI, N; YUAN, F; SONG, J. Transcriptomic profiling of genes in matured dimorphic seeds of euhalophyte *Suaeda salsa*. **BMC Genomics**, v. 18, n. 1, p. 1-14, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s12864-017-4104-9>

YACOUBI, R; JOB, C; BELGHAZI, M; CHAIBI, W; JOB, D. Proteomic analysis of the enhancement of seed vigour in osmoprimed alfalfa seeds germinated under salinity stress. **Seed Science Research**, v. 23, n. 2, p. 99-110, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0960258513000093>

YAN, S; HUANG, W; GAO, J; FU, H; LIU, J. Comparative metabolomic analysis of seed metabolites associated with seed storability in rice (*Oryza sativa* L.) during natural aging. **Plant Physiology And Biochemistry**, v. 127, p. 590-598, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plaphy.2018.04.020>

YI, Q; LIU, Y; HOU, X; ZHANG, X; LI, H; ZHANG, J; LIU, H; HU, Y; YU, G; LI, Y; WANG, Y; HUANG, Y. Genetic dissection of yield-related traits and mid-parent heterosis for those traits in maize (*Zea mays* L.). **BMC Plant Biology**, v. 19, n. 1, p. 1-20, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s12870-019-2009-2>

ZAYNAB, M; PAN, D; NOMAN, A; FATIMA, M; ABBAS, S; UMAIR, M; SHARIF, Y; CHEN, S; CHEN, W. Transcriptome approach to address low seed germination in *Cyclobalanopsis gilva* to save forest ecology. **Biochemical Systematics And Ecology**, v. 81, p. 62-69, dez. 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bse.2018.09.009>

ZHANG, C; LUO, W; LI, Y; ZHANG, X; BAI, X; NIU, Z; ZHANG, X; LI, Z; WAN, D. Transcriptomic Analysis of Seed Germination Under Salt Stress in Two Desert Sister Species (*Populus euphratica* and *P. pruinosa*). **Frontiers In Genetics**, v. 10, p. 1-16, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fgene.2019.00231>

ZHEN, Y; SHI, J. Evaluation of sample extraction methods for proteomic analysis of coniferous seeds. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 33, n. 5, p. 1623-1630, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s11738-010-0697-1>

ZHENG, G; TIAN, B. O; ZHANG, F; TAO, F; LI, W. Plant adaptation to frequent alterations between high and low temperatures: remodelling of membrane lipids and maintenance of unsaturation levels. **Plant, cell & environment**, v. 34, n. 9, p. 1431-1442, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2011.02341.x>

ZHI, Y; TAYLOR, M. C; CAMPBELL, P. M; WARDEN, A. C; SHRESTHA, P; TAHCHY, A. E; ROLLAND, V; VANHERCKE, T; PETRIE, J. R; WHITE, R. G. Comparative lipidomics and proteomics of lipid droplets in the mesocarp and seed tissues of chinese tallow (*Triadica sebifera*). **Frontiers In Plant Science**, v. 8, p. 1 - 20, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2017.01339>

ZHOU, X. R; CALLAHAN, D. L; SHRESTHA, P; LIU, Q; PETRIE, J. R; SINGH, S. P. Lipidomic analysis of Arabidopsis seed genetically engineered to contain DHA. **Frontiers In Plant Science**, v. 5, p. 1 - 12, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2014.00419>

ZHU, M; LIU, T; GUO, M. Current advances in the metabolomics study on lotus seeds. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 1 - 9, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00891>

ZLOTORYNSKI, E. Intron definition, exon definition and back-splicing revisited. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 20, n. 11, p. 661-661, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41580-019-0178-3>