



UNIVERSITÀ DELLA  
CALABRIA

**UNIVERSITA' DELLA CALABRIA**

Dipartimento di Chimica e tecnologie chimiche

Dottorato di Ricerca in LIFE SCIENCE AND TECHNOLOGY

**CICLO**

**XXXIII**

**Dinamiche fisiologiche e molecolari in *Arthrospira maxima* durante il  
trattamento con glifosato e microplastiche**

**Settore Scientifico Disciplinare BIO/01**

**Coordinatore:** Ch.mo Prof. Tommaso Angelone

Firma \_\_\_\_\_

**Supervisore/Tutor:** Ch.mo Prof. Silvia Mazzuca

Firma \_\_\_\_\_

Ch.mo Prof. Vincenza Calabrò

Firma \_\_\_\_\_

**Dottorando:** Dott. Dante Nisticò

Firma \_\_\_\_\_

## INDICE

<b>INTRODUZIONE .....</b>	<b>4</b>
<b>CAPITOLO I: I PESTICIDI.....</b>	<b>7</b>
1.1 Classificazione dei pesticidi .....	8
1.2 Tossicità dei pesticidi.....	8
1.3 Gli erbicidi.....	10
1.4 Il glifosato .....	11
1.5 Storia ed ecologia.....	12
1.6 Meccanismo di azione.....	14
<b>CAPITOLO II: INQUINANTI EMERGENTI.....</b>	<b>17</b>
2.1 Composizione chimica.....	18
2.2 Microplastiche primarie e secondarie.....	18
2.3 Marine Litter .....	19
2.4 Processo di degradazione .....	20
2.5 Tossicità.....	21
2.6 Distribuzione delle microplastiche .....	22
<b>CAPITOLO III: MORFOLOGIA E TASSONOMIA DI ARTHROSPIRA .....</b>	<b>24</b>
3.1 Morfologia.....	25
3.2 Tassonomia.....	26
3.3 Ciclo cellulare .....	28
3.4 Fasi della crescita.....	28
3.5 Meccanismi fotoprotettivi .....	29
3.6 Composizione Chimica.....	31
3.7 Pigmenti fotosintetici.....	31
3.7.1 La clorofilla.....	31
3.7.2 I carotenoidi .....	32
3.7.3 Le ficobiliproteine.....	32
3.8 Metodi di coltivazione (parametri della coltura e contaminazioni) .....	33

---

3.9 Applicazioni ambientali .....	35
<b>CAPITOLO IV: MATERIALI E METODI .....</b>	<b>37</b>
4.1 Allestimento delle colture di <i>Arthrospira maxima</i> .....	37
* modificato.....	37
4.2 Valutazione della biomassa delle colture.....	37
4.3 Analisi della concentrazione della clorofilla a e dei carotenoidi.....	38
4.4 Estrazione delle ficocianine da colture di <i>Arthrospira maxima</i> * .....	38
4.5 Estrazione delle proteine da coltura di <i>A. maxima</i> .....	39
4.6 Determinazione proteica con il metodo di Bradford .....	40
4.7 Separazione elettroforetica delle proteine di <i>A. maxima</i> mediante SDS-PAGE.....	41
4.8 Preparazione del campione per l'analisi di massa. Riduzione, alchilazione e digestione in gel delle proteine.....	41
4.9 Analisi in spettrometria di massa.....	42
4.10 Trattamento delle colture di <i>A. maxima</i> con glifosato (Gly) .....	43
4.11 Trattamento delle colture di <i>A. maxima</i> con glifosato e microplastiche (MPs) .....	43
4.12 Separazione e concentrazione della ficocianina estratta da <i>A. maxima</i> con tecnologia a membrana* .....	44
4.12.1 Valutazione della concentrazione di ficocianina, del feed, retentato e permeato dopo UF .....	47
4.12.2 Analisi elettroforetica su gel di agarosio del feed, retentato e permeato dopo UF .....	47
4.12.3 Analisi elettroforetica su gel di poliacrilamide, del feed, retentato e permeato dopo UF .....	47
<b>CAPITOLO V: RISULTATI.....</b>	<b>48</b>
5.1 Dinamica delle colture di <i>Arthrospira maxima</i> e parametri biochimici.....	48
5.2 Dinamica delle colture di <i>Arthrospira maxima</i> e parametri biochimici durante il trattamento con glifosato .....	52
5.3 Dinamica delle colture di <i>Arthrospira maxima</i> e parametri biochimici durante il trattamento con glifosato associato a microplastiche .....	55
5.4 Proteine differenzialmente espresse in colture di <i>Arthrospira maxima</i> in seguito a trattamento con glifosato. ....	59
5.5 Proteine differenzialmente espresse in colture di <i>Arthrospira maxima</i> in seguito a trattamento con glifosato e microplastiche.....	65
5.6 Analisi dell'espressione dell'enzima 5-enolpiruvyl-shikimate-3-fosfato sintasi (EPSPS).....	70
5.7 Separazione e concentrazione della ficocianina estratta da <i>A. maxima</i> con tecnologia a membrana .....	75
5.7.1 Time –course dell'estrazione della ficocianina con ultrasuoni .....	75
5.7.2 Ultrafiltrazione su membrana della ficocianina .....	77
5.7.3 Concentrazione Ficocianina con metodo spettrofotometrico dopo l'utilizzo della tecnologia a	

membrana.....	81
5.7.4 Analisi elettroforetica delle proteine su gel di poliacrilamide dopo l'utilizzo della tecnologia a membrana.....	82
5.7.5 Analisi elettroforetica per verificare la purezza dell'estratto su gel di agarosio dopo l'utilizzo della tecnologia a membrana (assenza di DNA).....	83
 <b>CAPITOLO VI: DISCUSSIONI E CONCLUSIONI.....</b>	 <b>86</b>
<b>6.1 Influenza del trattamento con glifosato e microplastiche sulla dinamica delle colture di <i>Arthrospira maxima</i> e sui parametri biochimici.....</b>	<b>86</b>
<b>6.2. Analisi del proteoma di <i>Arthrospira maxima</i> e le sue variazioni durante il trattamento con inquinanti .....</b>	<b>89</b>
<b>6.3 Meccanismi di resistenza ai pesticidi di <i>A. maxima</i> e il ruolo dell'enzima EPSPS .....</b>	<b>91</b>
<b>6.4 Separazione e purificazione della ficocianina da <i>A. maxima</i> attraverso processi a membrana .....</b>	<b>93</b>
 <b>CONCLUSIONI .....</b>	 <b>95</b>
 <b>BIBLIOGRAFIA .....</b>	 <b>97</b>

## Introduzione

Il progetto di ricerca di dottorato nasce dalla collaborazione sinergica tra le *expertise* dei ricercatori del Laboratorio di Biologia e Proteomica Vegetale dell'Università della Calabria, le *facilities* messe a disposizione dall'azienda BIORISI S.r.l di Lamezia Terme titolare del brevetto internazionale "Oil Fox" per la tecnologia della produzione di *Arthrospira maxima* e il *know-how* dell'Istituto per la Tecnologia delle Membrane del CNR.

Questo lavoro ha realizzato una connessione diretta tra l'azienda e il mondo della ricerca e ha consentito di rispondere sia alle esigenze di implementazione tecnologica e di verifica della qualità del prodotto che di valorizzazione delle finalità della ricerca attraverso la continua condivisione dei risultati.

L'azienda BIORISI srl, una realtà economica che punta alla qualità dei prodotti derivati da ceppi del cianobatterio *A. maxima* (Setchell & Gardner), è, infatti, la *start up* innovativa italiana dell'azienda "Oil Fox" con casa madre a Buenos Aires e leader mondiale nella produzione e commercializzazione di *spirulina*, un organismo fotosintetico procariote che si è valso dell'appellativo di *superfood* per il suo alto contenuto di proteine e di molecole antiossidanti. L'attività di ricerca di questo progetto e la diffusione dei risultati sono stati regolamentati da un Accordo di Riservatezza (Allegato 1) che ne protegge la proprietà intellettuale; in virtù del quale alcune specifiche metodologiche e alcuni risultati sono stati riportati in parte per prevenirne la riproducibilità.

BIORISI ha, infatti, sollecitato un preciso ambito della ricerca per testare la capacità fitodepurativa con l'obiettivo di diversificare le applicazioni commerciali dei ceppi di *A. maxima* da essa selezionati, la stessa ha fornito gli inoculi dalle colture di *A. maxima* mantenute in vasche *open-door* in condizioni di crescita ottimali (Figura 1).



Figura 1. Coltura *Arthrospira maxima* Bio-Risi

Gli inoculi, acclimatati in acquari in laboratorio, sono stati coltivati seguendo i

protocolli dell'azienda e utilizzati nei test di suscettibilità/resistenza a inquinanti quali microplastiche e pesticidi che, benché siano presenti in ambiente già dagli anni '50, oggi sono considerati emergenti.

La letteratura degli ultimi dieci anni ha, infatti, puntato i riflettori sugli effetti a medio e lungo termine della persistenza di questi inquinanti rivelandone la tossicità e il grave impatto sugli ecosistemi di tutte le matrici ambientali (aria, suolo, fiumi, mare) e di riflesso sulla salute dell'uomo. Essi sono presenti anche nelle acque potabili e nella quasi totalità dei corpi idrici di tutto il pianeta all'interno dei quali interagiscono e, in molti casi, magnificano gli effetti dannosi e letali. Si può ben comprendere, quindi, che individuare metodologie per alleviare queste forme di inquinamento siano di largo interesse sia a livello scientifico che applicativo.

Abbiamo selezionato i pesticidi organofosfati, di cui il glifosato è quello ampiamente utilizzato in Europa e America con svariati impieghi della sua doppia natura tossica di pesticida/erbicida. Al pari del glifosato, le microplastiche sono ormai presenti in tutti gli ambienti, compreso gli organi degli animali che le introducono con l'alimentazione; le microplastiche, infatti, interagiscono con la componente biotica ambientale la quale crea *biofilm* sulla superficie delle particelle plastiche diventando altamente impattanti ed entrando nella catena alimentare di ecosistemi acquatici e terrestri; inoltre le microplastiche interagiscono anche con farmaci e pesticidi producendo formulazioni che ne modificano la loro reattività, l'emivita e la veicolazione. In questo progetto le microplastiche *secondarie* utilizzate sono state fornite dall' ARPA Calabria recuperate durante i campionamenti in mare seguendo i protocolli della Marine Strategy.

I risultati, basati sull'analisi biochimica e biomolecolare delle colture, hanno evidenziato gradi di resistenza del cianobatterio, soprattutto quando sottoposti a trattamento combinato con glifosato/microplastiche.

Un secondo ambito di ricerca ha riguardato l'estrazione e la purificazione della ficocianina, un pigmento fotosintetico dal tipico colore blu intenso presente in elevate concentrazioni in *A. maxima* e che viene utilizzato sia dall'industria alimentare che da quella farmaceutica; la ficocianina, in particolare la C-ficonianina, ha comprovate proprietà antitumorali, immunoprotettive, immunostimolanti e agisce come antinfiammatorio. In linea con le richieste e le aspettative dell'azienda, è stato elaborato un metodo semplice, rapido, a basso impatto ambientale e che evita l'uso di solventi organici o inorganici per l'estrazione della C-ficocianina dalla biomassa e per la sua contemporanea purificazione attraverso tecnologia a membrana con una resa e purezza del 98%.

Ciò costituisce un grado di novità apportata dalla ricerca, in quanto attualmente l'estrazione della ficocianina comporta una combinazione di diverse tecniche tra cui sonicazione, estrazione con utilizzo di solventi e sali, cromatografia a scambio ionico e, infine, dialisi per allontanare i reagenti utilizzati nell'estrazione. Queste tecniche, se efficienti in scala laboratorio, diventano economicamente molto dispendiose se implementate in scala semindustriale e, quindi, di fatto, di difficile attuazione. Le uniche formulazioni, attualmente in commercio, sono prodotte maggiormente da *The Main Ingredient Company* (PHYCOCYANINE ωX12 e ωX35, liquido), *Laboratoire Gilbert (BluDose, liquido)* e *Phyco-Biotech* (solo su richiesta, in polvere) con costi al cliente abbastanza sostenuti, e che promettono una purezza al massimo dell'89%.

Questa porzione di mercato appare molto promettente e l'ingresso di un prodotto di elevata purezza e concentrazione potrebbe apportare enormi benefici ai consumatori ed a realtà economiche emergenti.

Il presente lavoro di ricerca è strutturato in cinque capitoli: i primi due introducono e descrivono i contaminanti presi in considerazione e i loro effetti sull'ambiente, nonché una approfondita descrizione del sistema biologico oggetto di studio, *Arthrospira maxima*. Nei successivi tre capitoli vengono illustrati e descritti i diversi metodi impiegati durante l'attività di ricerca nonché la presentazione dei risultati ottenuti. Nell'ultimo capitolo è riportata la discussione dei risultati alla luce della più attuale bibliografia di riferimento.

---

## Capitolo I: I pesticidi

Si definisce pesticida una sostanza atta alla riduzione o alla distruzione di organismi che possono portare danni mediante attacchi diretti o indiretti sulle colture. I pesticidi si possono distinguere in due grandi macroaree: fitofarmaci e biocidi.

I primi servono a regolare la crescita delle piante, i secondi invece, sono antiparassitari di vario genere, atti ad impedire ai microrganismi considerati nocivi, di danneggiare e quindi preservare la conservazione di molti prodotti. L'utilizzo di quest'ultimi serve per salvaguardare le coltivazioni e la qualità del cibo, nonché la salute dell'uomo dall'azione deleteria di agenti patogeni.

Il primo pesticida su scala industriale si ha nel 1874 con la sintesi del DDT (paradichlorodifeniltricloroetano). Da quel momento in poi, la produzione dei pesticidi ha visto una costante crescita e varietà di impiego nei settori agricoli e in contesti urbani per il contenimento di insetti molesti. Con i progressi della ricerca in campo chimico-biologico, sono entrati nella vasta gamma dei pesticidi anche composti di origine naturale. Il loro impiego è spiegato dai vantaggi dell'utilizzo e della loro versatilità nonché sulla vasta gamma di formulazioni e modalità di applicazione disponibili sul mercato. L'85% dei pesticidi immessi nell'ambiente su scala mondiale è legato al loro impiego in agricoltura. Il fattore incisivo che ha portato l'uomo ad un utilizzo smisurato dei pesticidi, consiste infatti, nella loro rapidità ad esplicare la propria funzione, anche nel giro di poche ore; inoltre, risultano esser economici su larga scala in quanto la lotta chimica è il sistema che presenta il miglior rapporto costi/benefici. Questi aspetti permettono di migliorare la resa dei raccolti, di ridurre le aree di terreno destinate alle coltivazioni, ridurre la manodopera necessaria e di garantire una notevole riduzione dei costi sul mercato di prodotti ortofrutticoli avendo prodotti di apparente buona qualità.

I vantaggi della lotta chimica possono essere riassunti in: efficacia e rapidità nel controllo di migliaia di insetti nocivi consentendo una protezione pressoché immediata, inoltre, la loro versatilità di uso e di applicazione a diverse situazioni e tipi di infestazioni dona semplicità dal punto di vista operativo. Ma se da un lato i pesticidi hanno dato una grossa mano all'uomo, dall'altro lato continuano a provocare danni consistenti alla biodiversità e alle catene trofiche nelle quali vengono impiegati. L'insorgenza di specie resistenti ai pesticidi, inoltre, vanifica l'utilizzo primario di questi composti e distrugge i nemici naturali degli infestanti come api e altri insetti impollinatori. Inoltre, i residui di pesticidi



negli alimenti comportano seri rischi per la salute dell'ambiente e dell'uomo. Un ulteriore problema determinato dall'impiego indiscriminato di codeste sostanze è dato dall'accumularsi delle stesse nei suoli e dalla conseguente contaminazione delle acque superficiali, sotterranee e di falda: ciò comporta la crescita di infestazioni secondarie e di specie resistenti ai vari principi attivi, con la probabilità di trovare residui negli alimenti destinati all'alimentazione umana ed animale.

### *1.1 Classificazione dei pesticidi*

I pesticidi possono essere classificati secondo la loro struttura chimica, per la finalità del loro o in base alla loro tossicità. Si dividono principalmente in due classi di composti:

- fitosanitari e biocidi
- pesticidi

In base alla natura chimica i pesticidi sono classificati in organofosforati, carbammati, organoclorurati, fenoli, organometallici, esteri fosforici, ureici; in base alla modalità d'azione sono classificati come agenti inibitori della sintesi proteica o della respirazione mitocondriale, anticoagulanti, inibitori della RNA-polimerasi (Yadav and Devi, 2017). Nonostante i pesticidi sono molto numerosi, essi hanno tutti un fattore in comune, la presenza di un principio attivo e di sostanze coformulanti. Il principio attivo, sia chimico o biologico, è quello che effettua l'azione desiderata nei confronti dell'organismo bersaglio, e infatti, esso rappresenta la frazione prevalente; la sua concentrazione viene successivamente ridotta mediante l'uso di coformulanti inerti e diluenti. E' possibile avere anche coadiuvanti nelle formulazioni, che servono per incrementare l'efficacia della sostanza attiva e migliorarne la distribuzione. Ogni sostanza aggiunta all'interno del prodotto finito ha un proprio tasso di tossicità e, se dosata in maniera non adeguata, potrebbe addirittura interferire con il principio attivo vero e proprio del pesticida.

### *1.2 Tossicità dei pesticidi*

I pesticidi, che come abbiamo visto esistono in commercio sotto diverse formulazioni, vengono immessi nell'ambiente, quindi a contatto con matrici acquose, aria, suolo e con tutti i microorganismi che vivono in tali matrici; qui, i pesticidi acquisiscono la capacità di interferire con gli equilibri presenti in quell'ecosistema; il loro meccanismo di azione,

infatti, oltre a colpire l'organismo target, danneggia anche quelli no-target, causando una grave perdita di biodiversità ed un conseguente impoverimento della componente biotica dei suoli. Tali interazioni, però, sono alquanto complesse e presentano diversi gradi di effetti indotti; ad esempio alcuni fitosanitari, risultano tossici per alcuni microrganismi mentre, per altri, possono essere utilizzati addirittura come fonte di nutrimento.

La ricerca, negli ultimi anni, si è focalizzata sull'alterazione biologica subita dalla fauna terrestre ed ittica a causa del contatto con pesticidi; uno degli effetti diretti, di cui è ben documentata la connessione, è la riduzione di alcune popolazioni microbiche ad opera del diserbante glifosato, presente in moltissimi terreni in cui crescono colture. Ciò è attualmente possibile perché nonostante la legislazione nazionale ed europea vigenti vietino l'uso del glifosato come pesticida, il suo utilizzo come diserbante sfugge alle maglie della normativa. Le aree soggette a un'azione di forte azione dei pesticidi sono soprattutto quelle dedicate alle monoculture; infatti l'impiego ripetuto di un pesticida verso un unico organismo bersaglio produce una tolleranza nei confronti della molecola stessa, diventando sempre più resistente e richiedendo dosi sempre più massicce (Marrs and Ballantyne, 2004).

Tra altri effetti indesiderati c'è la deriva del pesticida verso altre coltivazioni vicine, magari coltivate a regime biologico, che possono avvenire attraverso l'acqua di irrigazione o attraverso le precipitazioni che dilavano in superficie i suoli, e dopo percolazione trascinano i pesticidi in profondità nel terreno con conseguente contaminazione delle falde acquifere (Kjaer et al., 2005; Candela et al., 2010).

Anche se esistono evidenze contrastanti sulla tossicità per i vertebrati (Newton et al., 1984), il suo ampio uso in tutto il mondo in aree urbane naturali, pascoli, foreste e acque, potrebbe imputare al glifosato conseguenti impatti sulla salute. Le potenziali vie di esposizione all'ambiente, nonché le conseguenti implicazioni sugli animali e sull'uomo, devono essere ancora esplorate più accuratamente. È stato ampiamente dimostrato che in topo e ratto, oltre al rischio cancerogeno i pesticidi interferiscono, anche a bassissime dosi, con il sistema endocrino fino ad indurre la cancerogenesi a carico delle ghiandole endocrine; essi possono provocare effetti nocivi anche sul sistema nervoso centrale, sul sistema riproduttivo e causano un generale disequilibrio omeostatico cellulare per gli effetti negativi sulla sintesi proteica (Berry, 2020; le referenze citate all'interno). Per queste evidenze, sono allo studio gli effetti diretti che il glifosato potrebbe avere sullo sviluppo dei tumori nell'uomo in quanto consumatore di prodotti agroalimentari contaminati (Davoren et al, 2018).

### 1.3 Gli erbicidi

Gli erbicidi sono pesticidi il cui fine d'uso consiste nella disinfestazione di campi coltivati e di giardini da erbe infestanti e da piante che crescono spontaneamente e che spesso provocano la disidratazione e la morte anche dei vegetali adiacenti. Sono utilizzati maggiormente nei paesi industrializzati per favorire le coltivazioni di cotone, soia, grano e frumento.

Gli erbicidi fanno ormai parte dei moderni sistemi di produzione agricola e, quindi, contribuiscono in modo significativo all'economia della filiera agricola. Allo stesso tempo, essi sono potenti e specifici inibitori del metabolismo delle piante e possono essere potenzialmente utili come validi strumenti nella ricerca di base della loro fisiologia. Purtroppo, si conoscono pochi erbicidi in grado di inibire la crescita delle piante mediante l'impedimento diretto degli enzimi coinvolti nelle vie metaboliche; pertanto, la maggior parte degli erbicidi usati sulle piante, hanno anche effetti erbicidi secondari e terziari come la clorosi (ingiallimento delle parti verdi di una pianta per graduale scomparsa della clorofilla) (Duke, 1985).

I pesticidi organofosfati (OP) sono costituiti da una frazione di fosfato (o tio- o ditio-fosfato) e una frazione organica. Nella maggior parte dei casi, la frazione fosfata è *O,O*-dialchil sostituita. Questi pesticidi se usati come diserbanti inibiscono la via biosintetica dell'acido skichimico e da questo la biosintesi degli aminoacidi aromatici. I pesticidi organofosfati prendono anche il nome generico di esteri dell'acido fosforico, sono composti ad ampio spettro, caratterizzati dalla loro elevata solubilità in acqua. Per questo motivo, vengono facilmente idrolizzati e si disperdono nel terreno entro due/tre settimane dalla loro applicazione. Questo gruppo di erbicidi è ampiamente utilizzato in tutto il mondo, in quanto si ritiene che essi abbiano una bassa persistenza nel suolo associata ad una elevata efficacia.

Gli organofosfati, infatti, sono generalmente considerati sicuri per l'uso su colture ed animali, proprio grazie al loro grado di degradazione relativamente rapido.

Sebbene gli organofosfati si degradino più rapidamente degli organoclorurati, alcuni di questi pesticidi hanno una maggiore tossicità acuta LD<sub>50</sub>, ponendo rischi per le persone esposte a grandi quantità. Infatti, negli animali essi inibiscono la funzione dell'enzima acetilcolinesterasi che risulta essere essenziale per le funzioni nervose di diversi organismi, come le api, i ratti e anche l'uomo (Karasali and Maragou, 2016).

## 1.4 Il glifosato

Il termine glifosato è il nome comune per indicare l'N-(phosphonometil) glycine, (Figura 1), è un erbicida non selettivo con proprietà ad ampio spettro appartenente alla classe degli organofosfati. Uccide le erbacce infestanti e altre piante in competizione con le colture (Lu et al., 2020).

Questo composto è un acido fosfonico dal peso molecolare di  $169,07 \text{ g}\cdot\text{mol}^{-1}$ , formato dal coupling ossidativo del gruppo metilico dell'acido metilfosfonico con il gruppo amminico della glicina. All'aspetto si presenta come una polvere cristallina bianca, privo di un odore peculiare. Il suo pH in soluzione acquosa all'1% è di 2,5.

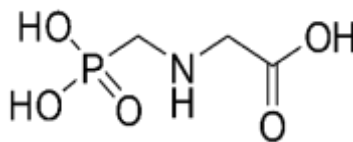


Figura 2. Formula glifosato

Il glifosato è stata la prima molecola sintetizzata da Henri Martin nel 1950, in una piccola casa farmaceutica svizzera "Cilag", ma non era stata né pensata né testata per i suoi effetti erbicidi. I chimici John e Franz della Monsanto furono i primi, circa vent'anni dopo nel 1970, a brevettarlo come pesticida, dopo aver osservato il suo effetto letale sulle piante (Duke and Powles, 2008).

Questo composto ha un peso molecolare relativamente basso e un'elevata solubilità in acqua, fattori che favoriscono il suo rapido assorbimento nei vari tessuti della pianta, pertanto, nella sua forma pura, il glifosato ha poca efficacia, poiché viene respinto dalla cuticola della maggior parte delle piante, che invece è idrofoba. Per questo motivo l'erbicida è formulato con sostanze tensioattive per facilitarne l'assorbimento e, quindi, l'efficacia.

Una volta che la pianta ha assorbito il glifosato, l'erbicida viene trasportato attraverso il floema al bersaglio in vari tessuti vegetali. All'interno della pianta, il glifosato non si decompone; nel suolo, tuttavia, il composto è fortemente assorbito e rapidamente degradato da microrganismi a prodotti organici non tossici (Figura 3) che vengono poi scomposti in ammoniaca, acqua e  $\text{CO}_2$ . Il legame C-N del glifosato viene scisso dall'azione

dell'enzima glifosato ossidoreduttasi (GOX) per produrre acido aminometilfosfonico (AMPA) e gliossilato. Grazie all'azione dell'enzima C-P liasi, l'AMPA viene degradato a metilammina, che alla fine genera formaldeide, grazie all'azione dell'enzima metilammina-deidrogenasi. La  $\text{CH}_2\text{O}$ , quindi, reagisce rapidamente con acqua e radicali idrossilici per formare metanolo. Il rendimento finale della degradazione del glifosato può contenere  $\text{CO}_2$ , fosfato, ammoniaca e  $\text{CH}_3\text{OH}$ . Nella seconda via di degradazione del glifosato viene prodotta la sarcosina (N-metil-glicina) dall'azione dell'enzima C-P liasi. La sarcosina può essere ulteriormente degradata in aminoacidi come la glicina, serina, cisteina, metionina e istidina. La presenza del legame C-P chimicamente e termicamente stabile, rende questo composto fortemente resistente alla degradazione non biologica nell'ambiente. Oltre a questi percorsi metabolici menzionati, è riportato in letteratura che gli enzimi ligninolitici della microflora del suolo hanno la capacità di scindere il legame C-P del glifosato. In presenza di ossido di manganese, viene infatti osservata la scissione del legame C-P del glifosato anche in modo non enzimatico.

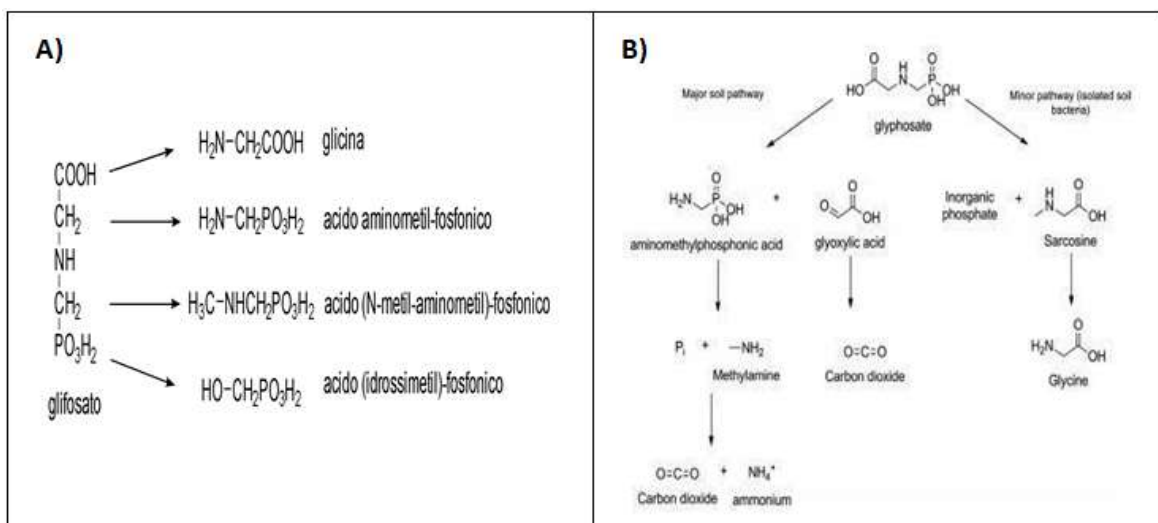


Figura 3. A) Prodotti di biodegradazione del glifosato; B) Vie di degradazione del glifosato (Giesy et al., 2000).

### 1.5 Storia ed ecologia

Il glifosato è il principio attivo del Roundup, di proprietà della Monsanto, nella sua forma salificata in soluzione acquosa e in presenza di tensioattivi. Dalla sua introduzione in commercio, nel 1971, è divenuto l'erbicida più utilizzato a livello globale (Dabrowska, 1988).

Poiché considerato non tossico per animali ed esseri umani, il glifosato divenne nel

tempo il più importante erbicida usato in agricoltura. Infatti, dalla metà degli anni '90, si sono verificati cambiamenti significativi su quando e come vengono utilizzati gli erbicidi a base di glifosato e questo ha portato a un drammatico aumento della quantità totale utilizzata di questo pesticida. A livello globale, l'uso di glifosato è aumentato di quasi 15 volte tanto che nel 1996 sono state introdotte le colture geneticamente modificate tolleranti al glifosato (Benbrook, 2016). Il fatto che si continui a usare il glifosato deriva dalla sua azione erbicida molto efficace e a basso costo per la gestione delle infestanti nelle piantagioni perenni.

La letteratura scientifica esistente, però, riporta risultati contrastanti sul ruolo del glifosato nel perturbare gli equilibri ecologici dell'agrosistema, modificando l'attività microbica e la composizione nel suolo (Barriuso et al., 2011). Per contrasto, un recente studio ha rivelato che la composizione del microbiota intestinale delle api è alterato a causa dell'esposizione al glifosato presente negli erbicidi; è riportato che il glifosato, inoltre, aumenta anche la suscettibilità delle api a infezioni da patogeni opportunisti come *Serratia marcescens* (Motta et al., 2018). Sembra così essere documentato che il massiccio uso globale del glifosato in agricoltura potrebbe essere la ragione del calo delle popolazioni di api e di altri insetti.

Per quanto riguarda l'inquinamento delle acque, le formulazioni a base di glifosato che contengono tensioattivi, sono quelle che hanno dimostrato una maggiore tossicità verso gli organismi non-bersaglio; questa tossicità è attribuibile al "MON 0818", un tensioattivo poliossietilenico (Folmar et al., 1979). Esistono formulazioni prive della parte tensioattiva, ad esempio l'erbicida Rodeo® di Monsanto, sebbene l'aggiunta di un tensioattivo sia spesso ancora necessaria per migliorarne l'efficacia. L'applicazione diretta di glifosato nell'acqua è di beneficio limitato in quanto il glifosato non è efficace contro la vegetazione acquatica, sebbene sia uso consolidato trattare stagni e zone umide. Ciò ha fatto aumentare la concentrazione dei suoi metaboliti anche nelle acque superficiali. Altro tensioattivo incriminato è il POEA che si lega invece ai sedimenti, ma con una diminuzione dell'emivita inversamente proporzionale al carbonio organico totale (Fan et al., 2013).

Da un punto di vista globale, negli ultimi anni c'è stata una crescente preoccupazione per la perdita di coralli e alghe e questo è stato particolarmente ben documentato per la Grande Barriera Corallina (GBR) dichiarata Patrimonio dell'Umanità. La gestione di questa vasta risorsa richiede una regolamentazione delle politiche costiere, dallo sviluppo portuale e urbano, all'industria agricola estensiva nei bacini della GBR,

oltre a considerare i potenziali impatti sulla qualità dell'acqua derivanti da queste attività in prossimità della costa. Infatti, le barriere coralline e i letti di alghe sono maggiormente colpiti nel periodo che va da novembre a marzo, quando le forti piogge portano il deflusso dei fiumi contenente sedimenti in eccesso, sostanze nutritive e pesticidi verso il mare (Lee et al., 2003). Le immagini satellitari catturano efficacemente questi eventi e un ampio spettro di pesticidi è stato rilevato nelle acque della GBR; gli erbicidi, infatti, sono spesso più solubili in acqua rispetto a insetticidi e fungicidi, e, di conseguenza, questi sono più frequentemente rilevati nelle foci dei fiumi e nella laguna della GBR.

### *1.6 Meccanismo di azione*

Il meccanismo d'azione del glifosato, come accennato in precedenza, consiste nell'inibizione selettiva dell'enzima 5-enolpiruvil-shikimate-3-fosfato sintasi (EPSP) sulla via dello shikimato, una delle due vie metaboliche di formazione di amminoacidi aromatici nelle piante e nei batteri (pathway assente negli animali). L'EPSP catalizza la reazione di conversione dello shikimate-3-fosfato (S3P) e l'intermedio glicolitico fosfoenolpiruvato per formare il 5-enolpiruvil-shikimate-3-fosfato (ESP) (Figura 4). L'inibizione di EPSP impedisce la biosintesi *de novo* degli amminoacidi aromatici: fenilalanina, tirosina e triptofano nonché delle vitamine acido folico e menachinone, risultando quindi altamente letale per le piante sensibili e impoverendo così la cellula di EPSP (Duke et al., 2003). Di conseguenza, la biosintesi degli amminoacidi aromatici viene inibita, riducendo la sintesi proteica, inibendo la divisione cellulare e provocando la morte cellulare. La crescita viene bloccata immediatamente dopo l'applicazione, seguita da clorosi fogliare e necrosi entro 4-7 giorni nelle specie altamente sensibili. Tuttavia, potrebbero essere necessarie da 2 a 3 settimane per manifestare tutti i sintomi. Come riportato in letteratura, l'emivita media del glifosato nel suolo varia tra 2 a 197 giorni (Giesey et al., 2000; WHO et al., 1994).

Questo erbicida è molto solubile, non è volatile, viene assorbito dal fogliame e veicolato in tutta la pianta, risultando un erbicida sistemico. Se la dose assorbita è subletale provocherà delle deformazioni caratteristiche del lembo fogliare, per alterazione dei tessuti meristemati, ma se la quantità assorbita è importante può provocare la morte dei germogli. Un'applicazione accidentale di glifosato su qualche foglia si rileva con delle deformazioni che non hanno, generalmente, conseguenze gravi. Invece, un errore nel trattamento in età più tardiva, permetterà al prodotto di migrare verso la base della pianta e sarà causa di danni gravi nell'anno successivo di coltivazione.

Pochi anni dopo la scoperta del meccanismo d'azione del glifosato, è stato osservato che alcuni batteri (tra cui cianobatteri) erano in grado di sviluppare resistenza acquisendo mutazioni nel gene della 3-fosfoshikimate 1-carbossiviniltransferasi (o EPSPS); tale mutazione al sito attivo ha reso l'enzima codificato meno sensibile all'erbicida. L'identificazione di varianti della EPSP-sintasi resistenti al glifosato ha spianato nel tempo la strada all'ingegneria genetica con i costrutti dell'enzima mutato di colture che diventavano così in grado di tollerare una maggiore quantità di erbicida. In alcuni casi l'inibizione della crescita dei batteri può essere alleviata se gli amminoacidi aromatici vengono forniti alle colture (Gresshoff, 1979).

I batteri possono sviluppare una resistenza al glifosato con una varietà di meccanismi mostrando l'adattabilità attraverso molte alterazioni genomiche che a concentrazioni sub-letali di glifosato riducono la suscettibilità anche agli antibiotici (Pöppe et al., 2020); questo comporta un adattamento indiretto delle popolazioni nei microbiomi del suolo che esprimono una prevalenza di geni resistenti agli antibiotici (Liao et al., 2021). A dimostrare quanto detto, un'analisi del trascrittoma di *Escherichia coli* esposto al glifosato ha identificato l'espressione differenziale di più di 1000 geni, che rappresentano circa il 23% del genoma (Lu et al., 2013).

Pertanto, le possibili vie che portano ai meccanismi di resistenza degli organismi vegetali al glifosato coinvolgono certamente la via dell'acido shikimico di cui EPSPS e la Corismato sintasi rappresentano gli enzimi chiave (Pollegioni et al., 2011; Lu et al., 2013; Pöppe et al., 2020).



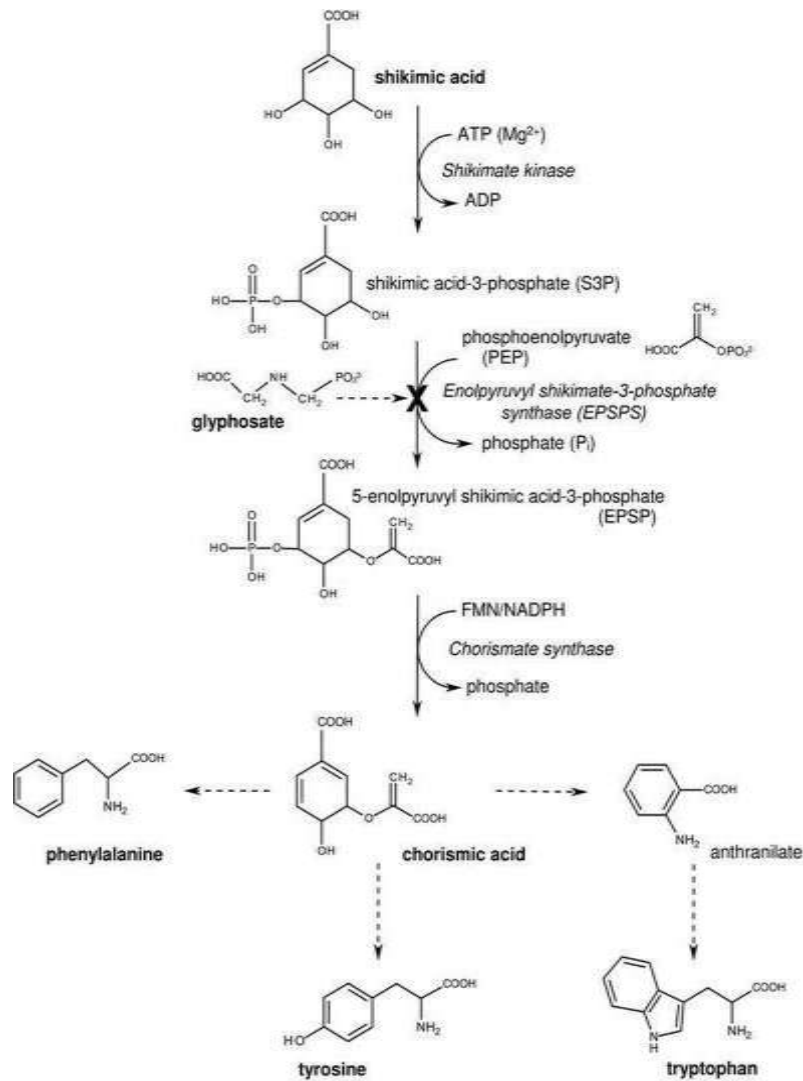


Figura 4. Via dello Shikimato che porta alla formazione degli aminoacidi aromatici e inibizione dell'EPSPS da parte del glifosato. (Pollegioni et al., 2011).

## Capitolo II: Inquinanti emergenti

Nel 1860 Alexander Panker brevetta il primo materiale plastico a base di cellulosa. L'evoluzione di questo materiale si ha per tutto il '900 fino alla scoperta di altri materiali plastici più duttili e di ampio utilizzo quotidiano come PVC, nylon e polipropilene. Nata come materiale che "dura per sempre" e impiegata per sostituire attrezzi e macchinari in legno, facilmente degradabili nel tempo, la plastica divenne in breve tempo un materiale insostituibile (<https://www.corepla.it/la-storia-della-plastica>). Essa è costituita da polimeri organici sintetici, tipicamente con una lunga struttura molecolare concatenata e pesi molecolari molto elevati, derivati dalla polimerizzazione di materie prime organiche ed inorganiche. I polimeri in base al loro utilizzo vengono miscelati con altri additivi per dare loro determinate proprietà, quali pigmenti e coloranti, ritardanti di fiamma, sostanze rinforzanti, plastificanti e lubrificanti. I polimeri di plastica possono essere modellati con il calore. Essendo un materiale versatile, leggero, forte e potenzialmente trasparente, le plastiche sono ideali per una varietà di applicazioni. Il loro basso costo, le loro eccellenti proprietà di isolamento termico ed elettrico, di barriera all'ossigeno e all'umidità, la bioinerzia e il loro basso peso fanno di esse eccellenti materiali per l'imballaggio. Inoltre, a causa della loro galleggiabilità e resistenza, gli oggetti di plastica possono viaggiare ed essere trasportati in mare per distanze considerevoli.

Negli ultimi venti anni la plastica è stata prodotta ed utilizzata dall'uomo con una crescente frequenza, tanto che, ad oggi, è diventata il maggior detrito antropogenico inquinante presente nel mare e nel suolo (Bergmann et al., 2015).

La richiesta di questo materiale è passata da circa un milione e mezzo di tonnellate negli anni 40 a oltre 280 milioni di tonnellate agli inizi del 2000 (Auta et al., 2017).

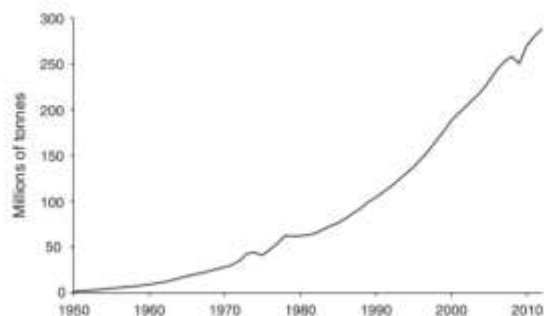


Figura 5. Grafico della richiesta di plastica dal 1950 al 2010 (Bergmann et al., 2015).

## 2.1 *Composizione chimica*

In commercio esistono varie tipologie di plastica; in base all' utilizzo si ha un diverso tipo di polimerizzazione a cui vengono associati altri solventi, additivi e miglioratori di processo. È importante studiare LCA dei prodotti per capire la pericolosità nel fine vita (Halden, 2010; Saling et al., 2020). Per questo è importante studiare la pericolosità di alcuni elementi quali:

1. **Monomeri:** sono prodotti finali formati da polimeri che a loro volta sono formati da diversi monomeri, elementi chimicamente stabili. Molti di questi composti possono essere tossici come il bisfenolo A (BPA), che viene utilizzato sia come monomero di base nel policarbonato sia come additivo nella produzione del polistirene (PS) e polivinilcloruro (PVC), troviamo lo stirene e il polivinile, sostanze elencate come tossiche da USEPA, ATSDR e OSPAR (Rochman et al., 2019).
2. **Additivi plastici:** sono sostanze chimiche utilizzate per dare le proprietà di utilizzo al polimero, si riscontrano principalmente nelle campagne di monitoraggio in ambiente naturale:
  - 2.1. **Ritardatori di fiamma:** questi sono utilizzati per ridurre l'infiammabilità dei polimeri, quelli maggiormente usati sono i polibromodifenileteri (PBDE) che risultano essere idrofobe, sono tossiche e si accumulano nell'ambiente nei vari comparti, provocando notevoli rischi.
  - 2.2. **Plasticizzanti:** utilizzati per migliorare le proprietà plastiche dei polimeri, tali sostanze non sono legate alla struttura polimerica, perciò hanno una maggiore facilità ad andare a finire in ambiente e a creare effetti, anche a basse concentrazioni. Un esempio di sostanze utilizzate come plasticizzante sono i ftalati presenti nel PVC e nonilfenolo impiegato in diversi usi quotidiani.

## 2.2 *Microplastiche primarie e secondarie*

Le microplastiche si possono dividere in due grandi tipologie: primarie e secondarie.

Le microplastiche primarie sono materiali con applicazioni nelle industrie o uso domestico. Analizzando quelle di uso domestico troviamo numerosi prodotti di abbigliamento (con polimeri sintetici), pulizia del corpo e della casa e della cosmesi, attraverso l'uso dei prodotti con i lavaggi, esse raggiungono i corpi idrici (Barnes et al., 2009; Castañeda et al., 2014). Una volta che questi granuli (polietilene, polipropilene) sono presenti nei corpi



I materiali naturali possono decomporsi in tempi lunghi, invece i materiali sintetici sono soggetti alla fotodecomposizione e ad agenti fisici che provocano la creazione di particelle sempre più piccole. Il costante aumento di degradazione dei rifiuti in mare ha spinto a porre l'attenzione su una serie di aspetti sulla quantità, la distribuzione, il destino dei rifiuti marini e gli effetti sulla fauna marina. Tale constatazione ha portato ad avviare delle azioni per l'ambiente marino, è stato elaborato il programma "Marine Strategy Framework Directive" dell'Unione Europea nel 2008, con l'obiettivo principale di individuare le cause d'inquinamento, definire lo stato ecologico e, attraverso una serie di indicatori, arrivare a un buon stato ecologico dei mari nel 2020; il programma è stato prorogato di altri due anni e sono stati definiti undici descrittori qualitativi, compresi i rifiuti marini.

L'effetto inquinante è dovuto al cattivo smaltimento della plastica che arriva in mare in diverse forme e dimensioni. La maggior parte del materiale plastico, circa l'80% dei detriti plastici che si trovano nell'ambiente marino, arriva dalle attività antropiche costiere o attraverso fiumi e sistemi di acque reflue.

Gli impianti di trattamento delle acque sono in grado di intrappolare macroplastiche e frammenti di varie dimensioni mediante vasche di ossidazione o fanghi di depurazione, tuttavia, una larga porzione di microplastiche riesce a bypassare questo sistema di filtraggio, giungendo in mare (Galgani et al., 2000; Barnes et al., 2009; Fendal and Sewell, 2009; Andrady, 2011; Browne et al., 2011; JRC, 2011; Galgani et al., 2013).

### *2.4 Processo di degradazione*

La persistenza delle plastiche nell'ambiente marino sono una grave minaccia per gli ecosistemi marini e non solo. Il tempo di degradazione in ambiente naturale richiede tempi molto lunghi, infatti esse subiscono processi di frammentazione, di degradazione chimica; tali processi riducono la resistenza meccanica che dipende dal loro peso molecolare. Le plastiche che subiscono questi processi, con il passare del tempo diventano sempre più fragili, riducendo sempre di più la loro dimensione fino ad arrivare a polveri. Il processo di degradazione può essere diviso in:

- Biodegradazione: dovuta all'azione combinata degli organismi viventi;
- Fotodegradazione: dovuta all'azione della luce del sole;
- Degradazione termo-ossidativa: processi ossidativi dovuti a temperature non molto elevate;
- Degradazione termica: processo dovuto all'azione di temperature molto elevate;

- L'idrolisi: dovuta alle reazioni con l'acqua.

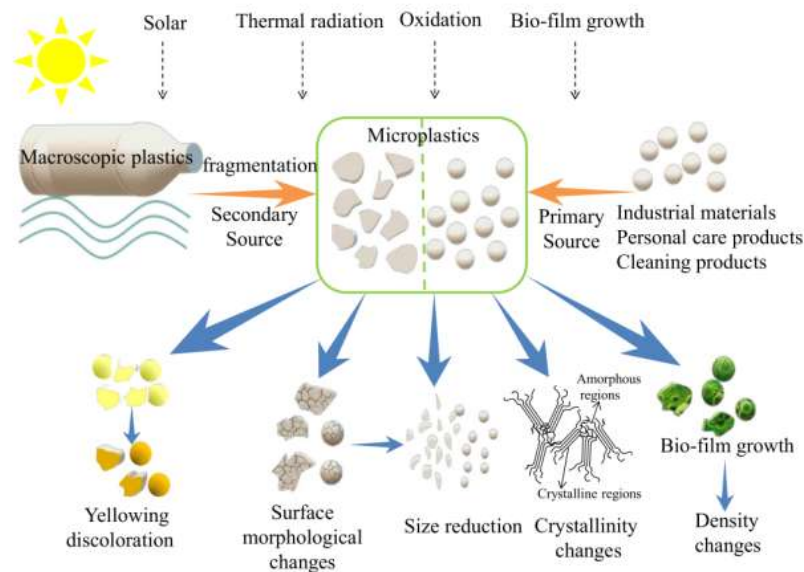


Figura 7 Schema riassuntivo dei processi di degradazione della plastica (Guo and Wang, 2019).

Il processo di degradazione delle plastiche dipende dal luogo dove avviene la degradazione, ad esempio il processo di degradazione ossidativo e termico e la foto-ossidazione avvengono soprattutto sulla plastica galleggiante in acqua o sulle spiagge. Infatti, la foto-ossidazione è una reazione a radicali liberi che è stata avviata dalla radiazione solare a raggi UV ed è particolarmente efficiente nel facilitare la foto-degradazione dei polimeri. Le plastiche sulla sabbia calda estiva subiscono una foto-ossidazione più veloce rispetto a quelle che galleggiano sull'acqua, mantenute ad una temperatura inferiore. Sulla superficie dei detriti di plastica si accumula generalmente il biofilm, dovuto ad alghe ed altri microrganismi (Guo and Wang, 2019).

## 2.5 Tossicità

Le microplastiche unite alla presenza di altre sostanze chimiche, diventano un ottimo trasportatore di inquinanti tossici nell'ambiente. La plastica è un materiale inerte, la sua struttura, oltre ad essere formata da monomeri, contiene, in base al loro utilizzo, additivi specifici, come ad esempio i plastificanti, che alterano il materiale facendolo diventare un materiale gommoso e i coloranti che servono a dare un colore specifico al prodotto finale. Questo aspetto è importante per comprendere come i contaminanti organici idrofobi hanno grossa affinità con le materie plastiche maggiormente utilizzate. I policlorobifenili sono

utilizzati come fluidi isolanti e additivi in PVC, composti antifiama e componenti elettronici. Gli effetti tossicologici più diretti delle microplastiche sono legati alla lisciviazione di additivi maggiormente presenti nelle plastiche: tipo bisfenolo A, ritardanti di fiamma bromurati<sup>2</sup>.

### 2.6 Distribuzione delle microplastiche

La distribuzione delle materie plastiche nelle acque ha un valore complessivo che va da 10.000 a 100.000 tonnellate (Law, 2017), se si analizza il grafico si evidenzia l'immissione di rifiuti plastici nel mondo.

In questo grafico si nota la produzione di rifiuti dei vari paesi, notando che in molti

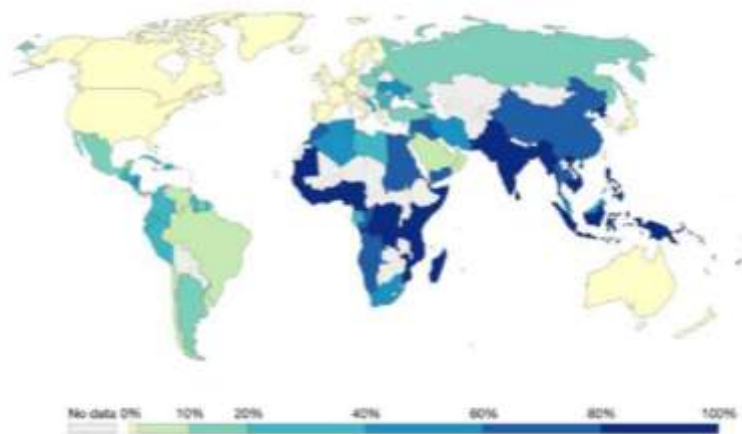


Figura 8. Distribuzione dei rifiuti plastici nel mondo

(Jambeck et al., 2015).

paesi dell'Asia e dell'Africa dove l'attenzione all'ambiente è minore si ha una grossa produzione di rifiuti plastici smaltiti in maniera non corretta con un forte rischio di inquinare fiumi e oceani. Questo provocherà un forte arrivo di rifiuti plastici nei fiumi che a loro volta raggiungeranno mari e oceani (Jambeck et al., 2015). La distribuzione spaziale nell'oceano è influenzata dalle correnti oceaniche. In base alla struttura chimica delle plastiche queste possono galleggiare sulla superficie o possono accumularsi nei fondali, come mostra la figura sottostante.

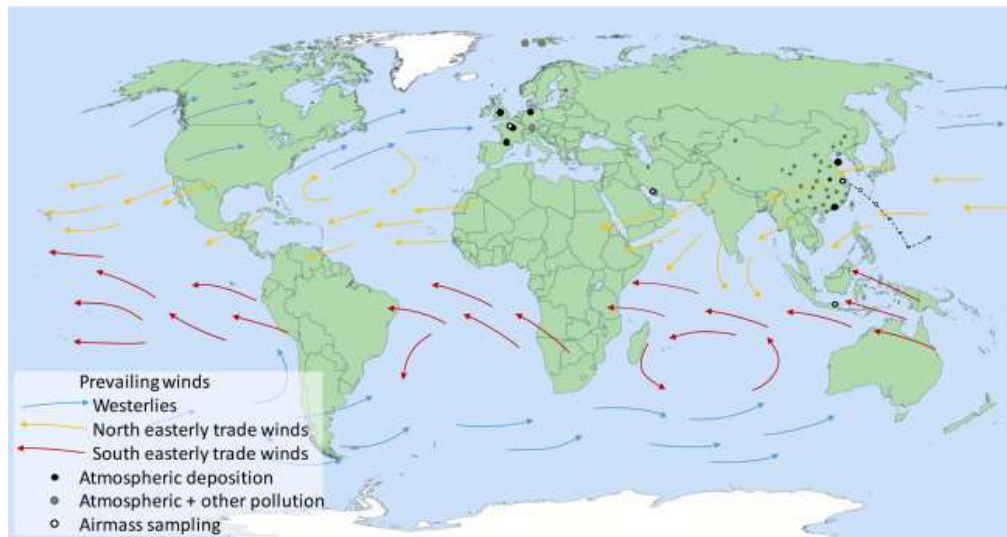


Figura 9. Principali zone di accumulo negli oceani (Zhang et al., 2020).

La nostra attenzione si sofferma sulla presenza dei detriti nel Mar Mediterraneo, che con lo scambio di acque in entrata e in uscita dall'Atlantico vengono trasportati all'interno del bacino attraverso il punto di accumulo mostrato in Figura 9. Associato a questo trasporto c'è l'abbandono sulle spiagge di materiale plastico (Zhang et al., 2020), addizionato alle attività antropiche come la pesca.



---

## Capitolo III: Morfologia e Tassonomiadi *Arthrospira*

I cianobatteri (phylum Cyanophyta) sono un gruppo di microrganismi procarioti, comprendenti forme unicellulari e specie filamentose pluricellulari, in grado di effettuare la fotosintesi ossigenica analogamente ad alghe e piante (Deshnium et al., 2000).

Insieme alle microalghe, i cianobatteri rappresentano organismi fotosintetici unicellulari che utilizzano CO<sub>2</sub> ed energia solare per la produzione di zuccheri per il proprio metabolismo biosintetico, l'ossigeno viene utilizzato in parte per la respirazione e in parte emesso nell'ambiente.

Negli ambienti acquatici sono i principali produttori primari e sono un anello importante nella catena alimentare degli ecosistemi marini, garantendo flusso di materia ed energia necessario per il mantenimento degli organismi eterotrofi.

Il genere *Arthrospira* (commercialmente nota come Spirulina) è composto da varie specie di cianobatterio filamentoso (Cyanoprokaryota) appartenente all'ordine delle Oscillatoriales, Famiglia Microcoleaceae, Cyanophyceae, Cyanophyta (Kadlubowska, J. Z., 1984), con una lunga storia di utilizzo come integratore nell'alimentazione umana. Alcune popolazioni vicine al lago Ciad si nutrono di *Arthrospira platensis* fin dai tempi antichi. Da quando il genere *Arthrospira* è stato scoperto per la prima volta nel 1852 da Stizenberger, sono state descritte e isolate diverse specie di questo genere di cianobatteri a spirale elicoidale. Tuttavia, la classificazione è stata a lungo fonte di confusione. Nonostante il riconoscimento ufficiale nel 1989 dei cianobatteri *Arthrospira* e Spirulina come generi distinti, il termine "Spirulina" è stato utilizzato per indicare indifferentemente le specie di entrambi i generi. Nel 1925 Geitler inserì il genere *Arthrospira* nella classe Cyanophyceae la quale comprende anche alghe a struttura elicoidale.

Anche se la tassonomia confusa di *Arthrospira* e la sua relazione con la *Spirulina* sono state risolte dall'analisi della sequenza di rRNA 16S, il problema, a lungo dibattuto della definizione delle specie, è ancora in corso. Uno studio effettuato su dieci ceppi ha suggerito che i criteri morfologici utilizzati per identificare le specie (*A. maxima*, *A. platensis*) corrispondessero ai dati molecolari ottenuti dalle analisi del profilo di restrizione totale del DNA. Tuttavia, un altro studio basato su una gamma più ampia di specie classiche e su quaranta diversi ceppi non è riuscito a mostrare una chiara corrispondenza con i dati molecolari ottenuti per una parte del genoma. La conoscenza dell'ecofisiologia di

*Arthrospira*, essenziale per comprendere le esigenze di crescita di questo organismo alcalifilo nell'ambiente naturale, è stata utilizzata nello sviluppo di tecnologie idonee per la coltivazione di massa. La plasticità metabolica della risposta di questo cianobatterio a stimoli ambientali disparati è dimostrata nell'ambiente naturale, ma è anche ben espressa nel mantenimento di monoculture altamente produttive in sistemi di coltivazione intensivi all'aperto (Konshak and Tomaselli, 2000).

### 3.1 Morfologia

La tipica morfologia di *Arthrospira* è caratterizzata dai suoi "tricomi", circondati da una guaina che costituisce il filamento a spirale che li contraddistingue. Le caratteristiche morfologiche, quali il grado di spirale e la presenza o no di setti tra le cellule, sono importanti criteri tassonomici per l'identificazione delle specie *Arthrospira* che è un cianobatterio che forma filamenti blu-verdi composti da cellule cilindriche disposte in una forma non ramificata, in tricomi elicoidali. I tricomi sono, in generale, lunghi pochi millimetri, sebbene in certe condizioni possono arrivare fino a 20 mm (Van Eykelenburg, 1978). La superficie del tricoma di *Arthrospira* è liscia e non ha rivestimento, quindi è facilmente digeribile da semplici sistemi enzimatici.

*Arthrospira* si trova in ambienti variabili in potere osmotico, temperatura e concentrazione salina, per lo più ad alta alcalinità (Iltis, 1969).

La principale caratteristica morfologica di *Arthrospira* è la tipica disposizione dei suoi tricomi cilindrici pluricellulari in un'elica aperta solitamente di diametro relativamente grande, a volte attenuato alle estremità, e con evidenti pareti trasversali (Figura 10).

La specie *A. platensis* presenta una forma tricomica a vite, generalmente di diametro di 0,5-3  $\mu\text{m}$ , cellule con pareti trasversali solitamente invisibili al microscopio ottico, senza vacuoli gassosi e con granuli prominenti.

L'ampiezza dei tricomi delle popolazioni di *A. platensis* campionate in natura varia da circa 2,5 a 16  $\mu\text{m}$ , mentre il passo dell'elica varia tipicamente da 0 a 80  $\mu\text{m}$  e il suo diametro da 15 a 60  $\mu\text{m}$ . Le dimensioni e le altre caratteristiche morfologiche di *A. fusiformis* (o la meglio conosciuta *Spirulina platensis*) non solo variano notevolmente tra le popolazioni, ma anche all'interno di una popolazione, entrambi sotto condizioni di laboratorio e di coltivazione di massa: l'architettura dell'elica (passo e diametro) è fortemente dipendente dalla crescita e condizioni ambientali.

Studi su *Arthrospira* hanno dimostrato che la variabilità morfologica e la motilità dei tricomi sono particolarmente evidenti durante le prime settimane dopo il loro isolamento. La guaina di *Arthrospira* è solitamente assente nelle popolazioni planctoniche. Dove è presente una guaina, è tubolare, adiacente al tricoma, aperta alle estremità e contiene solo un tricoma.

Le cellule di *Arthrospira* hanno un numero di inclusioni, come membrane tilacoidi con ficobilisomi, carbossisomi, ribosomi, fibrille di DNA e vacuoli gassosi, nonché granuli di poliglicani, polifosfati e cianoficine.

### 3.2 *Tassonomia*

La questione della tassonomia e della nomenclatura di *Arthrospira* spp. fu discussa per quasi tutto il Novecento. Parecchie questioni sono state risolte solo negli ultimi decenni con l'aiuto della microscopia elettronica, delle analisi biochimiche e, recentemente, grazie al supporto delle analisi molecolari.

Il genere *Arthrospira* è ormai universalmente accettato, almeno dai tassonomi. Allo scopo di chiarire ulteriormente la posizione sistematica dell'*Arthrospira*, comunemente usata per le culture di massa (ovvero *A. maxima* e *A. fusiformis*), questi hanno abbandonato definitivamente il nome commerciale Spirulina (*Arthrospira platensis*), raccomandandone la sostituzione con il nome tassonomicamente corretto di *A. fusiformis* (Komárek and Anagnostidis, 2005; Komárek and Hauer, 2011).

Infatti, la lunga storia riguardante il nome Spirulina iniziò circa 130 anni fa, quando Wittrock e Nordstedt (1884) segnarono vicino a Montevideo il ritrovamento di un'alga azzurra con filamenti elicoidali, che hanno descritto come “*Spirulina jenneri f. platensis*”, sebbene avesse il setto. Inoltre, era stata considerata unicellulare. Alcuni anni dopo, Stizenberger (1852), che aveva osservato i setti in alcune forme a spirale elicoidale, propose che quelle con una struttura multicellulare dovevano essere inclusi in un nuovo genere, *Arthrospira*. Questa distinzione fu poi confermata da Gomont (1892) nel suo studio tassonomico sulle Oscillatoriaceae. Egli lasciò le forme apparentemente senza setto in Spirulina e collocò le forme settate (trichomata pluricellularia) in *Arthrospira*. Secondo l'attuale classificazione tassonomica, *Arthrospira* è uno dei diciannove generi della famiglia delle Microcoleaceae all'interno dell'ordine Oscillatoriales.

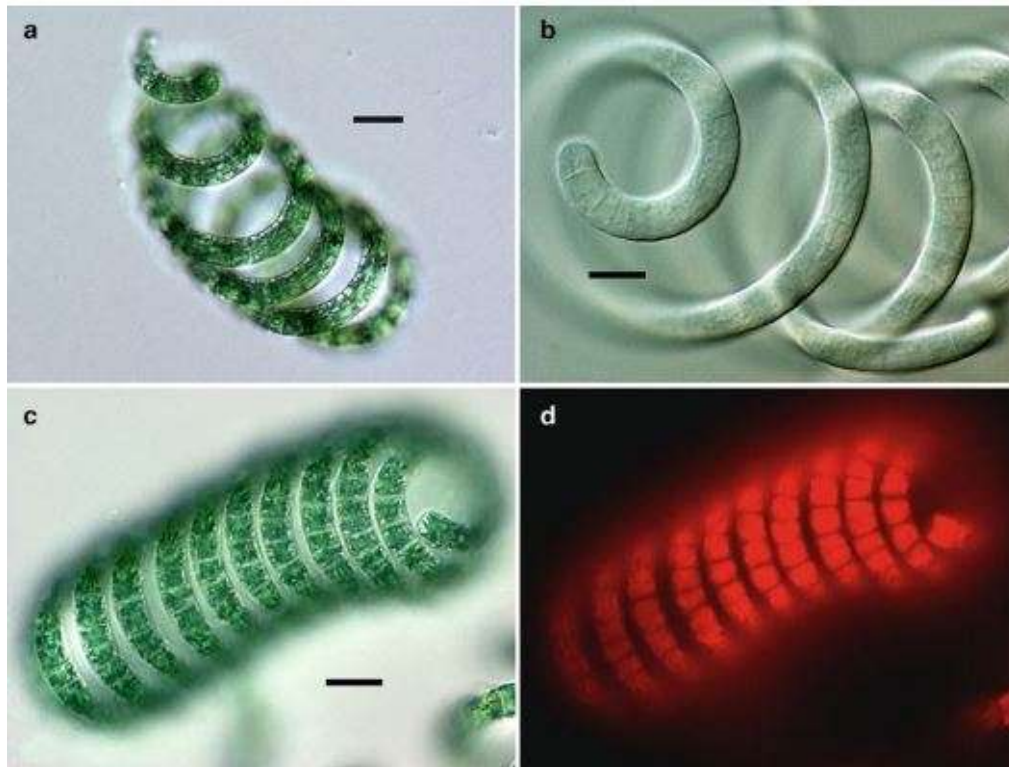


Figura 10. Aspetti morfologici delle evidenti pareti trasversali in *Arthrospira* isolata dal lago Kailala. (a) Tricomi clonali freschi coltivati in laboratorio; (b) Tricomi selvaggi fissati in formaldeide al 2%; (c) Tricomi cresciuti in coltura; (d) Autofluorescenza dei tricomi (B.A. Whitton (ed.), *Ecology of Cyanobacteria II: Their Diversity in Space and Time*. 2012).

Tuttavia, la revisione di Geitler delle Cyanophyceae ha riunito i membri di questi due generi in *Spirulina*, basando la classificazione sulla somiglianza nella morfologia e ignorando la presenza di setti e, quindi, non facendo distinzione tra le forme precedentemente riconosciute come generi separati. Il genere è stato così diviso da Geitler in due taxa subgenerici (Sezione I. *Arthrospira* e Sezione II. *Euspirulina*) sulla base del criterio utilizzato originariamente da Stizenberger (1852) per separare i generi *Spirulina* e *Arthrospira*, cioè pareti trasversali visibili o non visibili. Le forme con setti, che erano facilmente osservabili sotto un microscopio ottico, sono state classificate nella Sezione *Arthrospira* e quelli con setti improbabili o solo artificialmente osservabili nella Sezione *Euspirulina*.

Per distinguere *Spirulina* e *Arthrospira* il Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, Castenholz nel 1989 ha suggerito l'uso di tre caratteristiche dell'avvolgimento elicoidale dei tricomi:

1. grado di inclinazione del passo dell'elica del tricoma (dall'asse trasversale);
2. aspetto e visibilità (LM) di pareti trasversali tra le cellule del filamento;
3. distribuzione (EM) dei pori giunzionali nella parete cellulare.

Così *Arthrospira* può essere differenziata dalla *Spirulina* in base al grado di inclinazione del passo dell'elica del tricoma, che forma un angolo  $>45^\circ$  dall'asse trasversale, la presenza di setti facilmente visibili e la distribuzione dei pori giunzionali in una fila circolare intorno alle pareti trasversali.

### 3.3 Ciclo cellulare

I tricomi di *Arthrospira* sono composti da cellule cilindriche che subiscono la fissione binaria in un unico piano perpendicolare all'asse principale. L'allungamento dei tricomi avviene attraverso più divisioni cellulari intercalari lungo tutto il filamento.

La moltiplicazione avviene solo per frammentazione di un tricoma, solitamente in corrispondenza di una cellula necridica (Manen and Falquet, 2002). Il meccanismo è stato descritto in dettaglio sia per *A. maxima* che per *A. fusiformis* da Tomaselli et al., 1981 e da Paden et al., 1981. Consiste nella distruzione di un intercalare cellula sacrificale (*necridium*) che prima diventa incolore e infine biconcava per il crollo dei setti laterali. Tuttavia, la presenza di *necridi* diventa meno evidente quando le colture sono soggette a una rapida miscelazione come avviene nelle colture di massa.

### 3.4 Fasi della crescita

Il tasso di crescita di *A. maxima* segue lo schema comune di molti altri microrganismi che subiscono una semplice divisione cellulare senza alcun passaggio sessuale o di differenziazione.

In Figura 11, è rappresentato il ciclo vitale di *A. maxima*.

Un tricoma maturo si rompe in più pezzi attraverso la formazione di cellule specializzate che vanno incontro a lisi, dando origine a dischi biconcavi. La frammentazione del tricoma in corrispondenza dei *necridi* produce brevi catene di cellule (da due a quattro), gli *ormogoni*, che si allontanano dal filamento parentale per dare origine a un nuovo tricoma. Le cellule dell'*ormogonio* perdono le porzioni attaccate delle cellule necridiali, diventando arrotondate alle estremità

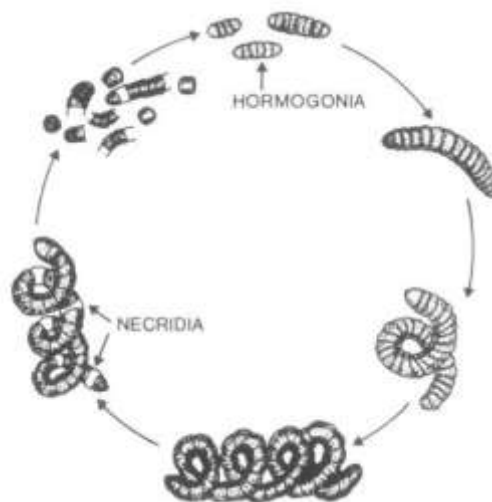


Figura 11. Ciclo vitale di *A. maxima*.

distali con poco o nessun ispessimento delle pareti. Durante questo processo il citoplasma appare meno granulato e le cellule assumono un colore azzurro-verde pallido. Il numero di cellule nell' *ormogonio* aumenta per fissione cellulare, mentre il citoplasma diventa granuloso e le cellule assumono un brillante colore blu-verde. Con questo processo i tricomi aumentano di lunghezza e assumono la tipica forma elicoidale.

### 3.5 Meccanismi fotoprotettivi

La relazione tra il tasso di crescita specifico e il tasso di assorbimento specifico di energia luminosa è stata utilizzata per stabilire un'equazione matematica che descrive la crescita della Spirulina in un batch colturale (Sellner, 1997). L'equazione indica che il tasso di crescita specifica aumenta linearmente con l'aumento del tasso di assorbimento specifico di energia luminosa in coltura ad alta concentrazione cellulare.

Il tasso di assorbimento dell'energia luminosa  $E_{rx}$ , nella soluzione di coltura con la concentrazione cellulare g/l nel recipiente di coltura può essere calcolato dalla

seguinte equazione:

$$E_{rx} = F_i - (F_{rx} + F_{fx} + 2F_{sx} + 2F_{ux}) = F_i - F_{tx}$$

dove  $F_{tx}$  è la somma del flusso radiante di luce trasmessa attraverso la soluzione di coltura su tutte le superfici, il flusso radiante della luce incidente  $F_i$ , il radiante

flusso di luce trasmessa sulla superficie posteriore  $F_{rx}$ , aggiusta quello sulla superficie anteriore quello sulla superficie laterale  $F_{sx}$ , e quello sulla superficie superiore o inferiore  $F_{ux}$ .  $E_x$  può essere calcolato da quanto segue equazione (Mitsunori Ichihara, 1987):

$$EX = \frac{E_{rx} - E_{ro}}{XV} = \frac{1}{XV} \left( 1 - \frac{F_{tx}}{F_{to}} \right) F_{to} = G(x) F_{to}$$

Dove  $G(x) = \frac{1}{XV} \left( 1 - \frac{F_{tx}}{F_{to}} \right)$

$E_{ro}$  è il tasso di assorbimento dell'energia luminosa in terreno fresco nel recipiente di coltura  $F_{to}$ , la somma di flusso radiante di luce trasmessa attraverso il fresco medio su

tutte le superfici;  $G(x)$ , l'assorbanza specifica dell'energia luminosa; e  $V$ , il volume della cultura soluzione o terreno fresco nel recipiente di coltura.

Il tasso di crescita specifico  $D$  è stato calcolato dividendo la pendenza della tangente alla curva di crescita a  $t$  giorni dopo l'inizio della coltura in batch dalla concentrazione cellulare, misurato in quel momento.

Recentemente, tuttavia, sono state presentate prove dell'esistenza di almeno tre distinti meccanismi di dissipazione dell'eccesso di energia nei cianobatteri.

Uno di questi meccanismi fotoprotettivi è legato ai ficobilisomi, l'antenna extramembrana dei cianobatteri del fotosistema II (PSII), dove svolge un ruolo importante della *Orange Carotenoid Protein* (OCP).

Un altro parametro che influenza il risultato della fotosintesi è la temperatura. Differenti studi hanno dimostrato che la temperatura ottimale per la fotosintesi è di 35°C mentre per la respirazione è circa a 45°C. A temperature estreme sia la funzione respiratoria che quella fotosintetica diminuiscono. In condizioni dove la respirazione è completamente inibita, la funzione fotosintetica è stata mantenuta a circa il 30% dell'optimum. Una relazione esponenziale dipendente dalla temperatura tra 15°C e 45°C dimostra che la respirazione ha una velocità crescente all'aumentare della temperatura. In natura *Arthrospira* si trova in forma permanente o temporanea in corpi idrici a temperature relativamente elevate. L'ottimale temperatura per la coltivazione in laboratorio di questo organismo è di circa 35°C. Tuttavia, molti ceppi di *Arthrospira* differiscono nella loro temperatura di crescita ottimale nonché nella loro sensibilità a valori estremi. Ad esempio, alcuni ceppi richiedono una temperatura di crescita ottimale relativamente bassa (24–28°C), mentre altri ceppi crescono bene fino a 38–40°C. Questo è solo un esempio delle variazioni che esistono tra i diversi ceppi di *Arthrospira*. Differenze significative nella temperatura massima per la crescita sono state trovate anche all'interno delle due specie di *A. maxima* e *A. fusiformis* (Tomaselli et al., 1988). Pare che i ceppi di *A. maxima* non siano in grado di crescere sopra 36°C, mentre alcuni ceppi di *A. fusiformis* sono risultati essere in grado di crescere a temperature superiori a 40°C (Tomaselli et al., 1996).

### 3.6 Composizione Chimica

*Arthrospira maxima* contiene composti attivi di alto valore biologico come proteine, aminoacidi, acidi grassi polinsaturi, pigmenti, vitamine, minerali, antiossidanti. Le percentuali in biomassa sono le seguenti: il 65.37±0.05% di proteine, 0.4% di fibre, 10.73±0.01% di ceneri, 0.2% di grassi e lo 2.7% di amido. *A. platensis* può servire come fonte di vitamina C (18.37±0.97 mg/100 g dm), vitamina E ( $\alpha$ -Tc 2.43±0.21 e  $\gamma$ -Tc 1.07±0.15 mg/100 g dm), ficocianina (266±23 mg /100g dm), polifenoli (177±5mg GAE/100g dm). Il contenuto di acidi grassi compresi gli acidi grassi polinsaturi consiste di  $\omega$ -3 e  $\omega$ -6.

*Arthrospira maxima* è conosciuta come una ricca fonte di composti biologicamente attivi, in particolare  $\beta$ -carotene, clorofilla, astaxantina, luteina, ficobiliproteine, aminoacidi, acidi grassi polinsaturi e vitamine (Yaakob et al., 2014).

Tuttavia, la variabilità nella composizione chimica dipende da molti fattori, inclusi i nutrienti del mezzo di crescita e le condizioni di laboratorio, che riflettono le condizioni del loro habitat naturale. Ad esempio, la crescita e la resa in biomassa di spirulina (*A. platensis*) sono influenzate dal pH del mezzo di crescita. Sebbene *A. maxima* possa sopportare un ampio intervallo di pH, la crescita è diminuita spostando il pH sopra 10. La diminuzione della crescita può essere correlata all'inibizione dell'attività fotosintetica a pH molto elevati dove l'anidride carbonica non è accessibile per il metabolismo delle alghe (Khalil et al., 2010).

Un'altra importante componente di *A. maxima* è costituita dalle ficocianine, proteine della famiglia delle ficobiliproteine, e pigmenti idrosolubili della fotosintesi, le ficocianobiline della famiglia delle ficobiline. Ficocianina e alloficocianina sono ficobiliproteine aventi come cromoforo una bilina chiamata ficocianobilina e funzionano come pigmenti antenna del PSII. Il 60% in media di componente proteica in *Arthrospira* corrisponde proprio la ficobiliproteine e in particolare la ficocianina e l'alloficocianina.

### 3.7 Pigmenti fotosintetici

#### 3.7.1 La clorofilla

In *Arthrospira* è presente la clorofilla *a*, che presenta i picchi massimi di assorbimento della luce circa a 450 nm e a 663 nm. Si distinguono diversi spettri delle clorofille in base a



quale proteina si lega per costituire i complessi antenna pigmento-proteina presenti nelle membrane tilacoidali (Peter and Thornber, 1991). Le clorofille presenti in tali complessi assorbono la luce e la indirizzano verso i pigmenti foto chimicamente attivi, presenti nei centri di reazione dei fotosistemi e, nel caso dei cianobatteri, sono costituiti da molecole solo di clorofilla *a*.

### 3.7.2 I carotenoidi

Sono composti con 40 atomi di C, costituiti da una porzione centrale lineare e con due estremi ciclici. In *Arthrospira* sono presenti in diverse concentrazioni  $\beta$ -carotene e zeaxantina. I carotenoidi assorbono la luce in un range compreso tra 390 nm e 530 nm,svolgono un'importante attività di protezione dell'apparato fotosintetico da eventuali danni fotoossidativi, come ad esempio per ridurre la quantità di energia luminosa che raggiunge il centro di reazione del fotosistema II (PSII), dissipandola sottoforma di calore,tale attività viene svolta dalle xantofille.

### 3.7.3 Le ficobiliproteine

Sono caratterizzate da tetrapirrolo lineare legato covalentemente a un residuo di cisteina dell'apoproteina, vengono distinte in base allo spettro di assorbimento nelle seguenti forme:

- ficoeritrina (565-575 nm);
- la ficocianina (615-640 nm);
- la alloficocianina (650-665 nm).

Le ficobiliproteine sono costituite da due subunità ( $\alpha$  e  $\beta$ ) presenti in quantità equimolari che si possono associare tra loro, sottoforma di trimeri o di esameri per costituire delle unità discoidali, organizzati in organuli chiamati

ficobilisomi. In quest'ultimi si distinguono sempre due componenti: un "core", costituito da alloficocianina agganciato alla membrana tilacoidale, una serie di dischi sovrapposti sono costituite da ficocianina, più interna e di ficoeritrina disposta più esternamente.

L'assemblaggio sovramolecolare dei ficobilisomi è reso possibile da polipeptidi che

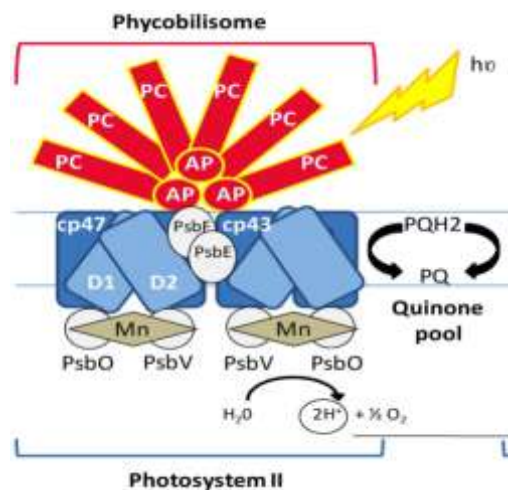


Figura 12. Struttura di un ficobilisoma.(da Matallana-Surget et al., 2014)

interagiscono con la ficocianina e la ficoeritrina mantenendone l'aggregazione e l'impilamento nella regione periferica del ficobilisoma e provvedono anche ad agganciare il core alla membrana tilacoidale, associando così il ficobilisoma alla frazione intramembranale del fotosistema.

### 3.8 Metodi di coltivazione (parametri della coltura e contaminazioni)

I cianobatteri sono coltivati per produrre biomassa e ottenere prodotti e processi utili (cibo, integratori, biocarburanti, depuratori delle acque); le microalghe e i cianobatteri di diverse specie sono già prodotti e vengono introdotti sul mercato in diversi Paesi, in cui sono utilizzati come integratori alimentari, alimenti per animali, pigmenti, acidi grassi  $\omega$ -3 e biomasse per l'acquacoltura. I primi utilizzi di microrganismi, in particolare di *Arthrospira maxima*, sono storicamente noti sin dal XVI secolo; oggi il cianobatterio è il più utilizzato per fini commerciali.

Il genere *Arthrospira* comprende almeno 38 specie, due delle quali, *A. platensis* e *A. maxima* sono le più studiate scientificamente e utilizzate per la produzione di biomassa. La produzione di biomassa da fitoplancton avviene attraverso l'utilizzo di sistemi di coltivazione industriale; la crescita microalgale e cianobatterica si basa sul semplice meccanismo mostrato di seguito che determina quali siano tutti i requisiti necessari perché avvenga questo processo biologico:



In condizioni naturali la crescita degli organismi fotosintetici richiede luce solare come fonte di energia, carbonio inorganico come fonte di carbonio, acqua e nutrienti inorganici. In biotecnologia, la produzione di biomassa richiede, quindi, condizioni ben definite.

Uno dei principi di base della tecnologia del fitoplancton è quello di ricreare l'ambiente e le condizioni di coltivazione che consentono un'elevata produttività in una cultura monospecifica. Senza dubbio, la luce e la temperatura sono i fattori più importanti. In natura, l'organismo utilizza i suoi vacuoli gassosi per regolare la sua posizione all'interno del gradiente luminoso subacqueo e seguire i cambiamenti giornalieri e stagionali del flusso luminoso. In coltura, gli stagni sono poco profondi, tuttavia, la disponibilità di luce deve essere ottimizzata, modificando parametri operativi come la

densità cellulare ottimale e il grado di miscelazione e profondità per ottenere la massima produttività (Vonshak et al., 1982a; Vonshak et al., 1983).

*Arthrospira* è tipica di acque alcaline e salmastre, richiede un'elevata alcalinità per la crescita e questo assicura condizioni selettive nel terreno di crescita; coltivata in stagni all'aperto rimane quasi una monocoltura. Inoltre, quando gli altri nutrienti essenziali per la crescita sono presenti in concentrazioni sufficienti, l'elevata concentrazione di bicarbonato-carbonato favorisce l'elevata produttività osservata in natura.

Molti degli studi sulla *Spirulina* che hanno tentato di stimare la sua resa di crescita e fotosintetica hanno dimostrato che l'efficienza era limitata, principalmente perché la maggior parte delle colture non erano axeniche (bacteria-free). Lo sviluppo di procedure per ottenere una coltura axenica di *Spirulina* ha aperto la strada a questo tipo di studio.

Un ulteriore fattore da considerare per la coltivazione di *Arthrospira* è la salinità. La presenza di *Arthrospira* negli habitat marini non è stata documentata, almeno non come fioriture dominanti come quelle che si trovano nei laghi. Questo è probabilmente dovuto al bassissimo contenuto di bicarbonato piuttosto che all'alto contenuto di NaCl. L'esposizione delle colture *Arthrospira* ad alle concentrazioni di NaCl in un primo momento si traduce in un' immediata cessazione della crescita , ma dopo un periodo di latenza, inizia un nuovo stato stazionario di crescita. Questo tempo è esponenzialmente correlato al grado di “stress di salinità” imposto alle cellule. In molti casi, questo ritardo è associato a una diminuzione della clorofilla e della concentrazione della biomassa in cultura.

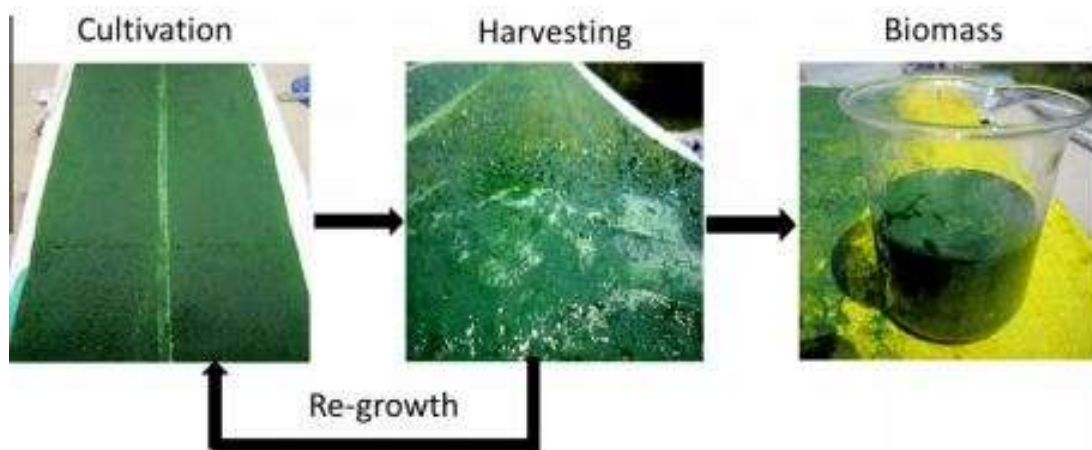


Figura 13. Esempio di produzione di biomassa (Zhang et al., 2015).

Q

Quando la composizione della biomassa di due ceppi cresce in diverse condizioni di stress salino avvengono cambiamenti significativi, principalmente un aumento dei

carboidrati e una diminuzione dei livelli di proteine. Questi cambiamenti sono correlati al grado di stress imposto (es. più alto livello di carboidrati ad una maggiore concentrazione di sale).

La differenza nel livello di carboidrati accumulato dai due ceppi possono anche riflettere una differenza nella loro capacità di acclimatarsi allo stress salino. Cambiamenti nella sintesi dei lipidi hanno anche dimostrato che in cellule stressate da NaCl vi è un aumento del contenuto lipidico nel grado di saturazione degli acidi grassi. Pertanto, l'esposizione ad alta salinità è accompagnata ad una maggiore richiesta di energia per la cura delle cellule stressate (Blumwald and Tel-or, 1982).

Un altro aspetto da considerare è l'aspetto economico: la coltivazione di massa di organismi fotosintetici come *Arthrospira* è stata ampiamente studiata al fine di stabilire il processo più economico per ottenere biomassa. Per la coltivazione *indoor*, i fotobioreattori chiusi sono la scelta più popolare, in quanto consentono il controllo delle condizioni di coltivazione, quali pH, intensità luminosa o concentrazione di CO<sub>2</sub> nonché la prevenzione della contaminazione. Tuttavia, la coltivazione su scala industriale viene spesso eseguita in grandi laghetti all'aperto.

### 3.9 Applicazioni ambientali

In particolare, si è studiata la biochimica e l'ecologia della specie *Arthrospira platensis*, molto interessante per i suoi composti naturali (Costa et al., 2017) ed utilizzata per secoli come integratore alimentare per la dieta umana.

Il  $\beta$ -carotene rappresenta l'80% dei carotenoidi presenti in *Arthrospira maxima*, la restante parte è composta da un complesso ricco di antiossidanti di almeno altri dieci carotenoidi. Gli altri principali carotenoidi sono la ficoxantina e la criptoxantina (Belay, 2002). In un chilogrammo di biomassa secca sono compresi tra 700 e 1700 mg di  $\beta$ -carotene che nei mammiferi è convertito in vitamina A. L'assunzione giornaliera di 2,5 g di *A. maxima* sarebbe sufficiente a fornire 3,5 mg di  $\beta$ -carotene, corrispondenti al 115% del valore giornaliero raccomandato di vitamina A. Inoltre, i carotenoidi vengono applicati nell'industria alimentare e farmaceutica per le loro capacità di pigmentazione e proprietà antiossidanti.

Un' importante applicazione di *A. maxima* si trova nella fitodepurazione per la pulizia delle acque chimicamente inquinate. Questa tecnologia si basa sulla capacità

dell'alga di eliminare dall'acqua diverse sostanze tossiche ambientali (Tabagari et al., 2019).

In generale, la biomassa è considerata un'attraente fonte naturale di materiali bioattivi che può essere utilizzata in diverse applicazioni come industria alimentare (El-Shenody et al., 2019), farmaceutica, cosmetica, in biogas e biodiesel (Zabed et al., 2020), per attività antimicrobiche e antiossidanti, nell'acquacoltura, nei biofertilizzanti (Ashour et al., 2020). Nel prossimo futuro si prevede che la biomassa di alghe e cianobatteri sarà la fonte più sostenibile per la produzione di biodiesel, grazie al suo olio-biodiesel che può essere superiore più di 40 volte rispetto ad altre piante. La biomassa lipidica, povera in questi organismi, è inoltre sovrappesa con diversi altri componenti che possono essere utilizzati in molte applicazioni, inclusi mangimi per acquacoltura, additivi per mangimi animali e preziosi composti bioattivi per prodotti cosmetici e farmaceutici.

Pertanto, grazie alla sua composizione metabolica unica e alla composizione biochimica di *A. maxima*, questa specie è un forte candidato da utilizzare in molte applicazioni biotecnologiche come già detto per integratori alimentari umani, additivi per mangimi animali, omega-3, acidi grassi, aminoacidi essenziali, biofertilizzanti e pigmenti (Zaki et al., 2021).

## Capitolo IV: Materiali e Metodi

### 4.1 Allestimento delle colture di *Arthrospira maxima*

Gli inoculi di *Arthrospira maxima* provenienti dall'azienda Biorisi sono stati subcolturali in due acquari di 30 litri contenenti ognuno 20 litri di coltura utilizzando il mezzo di coltura di Zarrouk (1966), la cui composizione è riportata nella Tabella 1. I parametri di coltura quali velocità di agitazione, range di pH, temperatura, irraggiamento e fotoperiodo luce/buio, immissione di CO<sub>2</sub> nella coltura sono stati forniti dall'azienda e vincolati dall'Accordo di Riservatezza (Allegato 1).



Figura 14. Sistema sperimentale in mesocosmo di *Arthrospira maxima*

Tabella 1. Concentrazione dei macro e micro elementi per la formulazione del mezzo di coltura di *A. maxima* (Zarrouk, 1966, \* modificato)

NaHCO <sub>3</sub>	X* g/l
NaNO <sub>3</sub>	2,5 g/l
NaCl	1 g/l
K <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	0,5 g/l
MgSO <sub>4</sub>	0,2 g/l
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	0,5 g/l
CaCl <sub>2</sub>	0,04 g/l
FeSO <sub>4</sub>	0,01 g/l
CH <sub>3</sub> COOH	1,6 ml/l

Per l'intera durata delle colture e dei successivi trattamenti non è stato aggiunto mezzo di coltura fresco per impedire la diluizione degli inquinanti testati.

### 4.2 Valutazione della biomassa delle colture

La misurazione della biomassa delle colture di *Arthrospira maxima* è stata effettuata utilizzando un metodo spettrofotometrico di valutazione della densità ottica del campione di coltura (El-Kassas et al., 2015).

In dettaglio, 2 ml di campione, presi dopo agitazione vigorosa della coltura, sono trasferiti

in una cuvetta di quarzo e lette immediatamente alla lunghezza d'onda di 680 nm. Da cinque a sette diversi campioni sono stati prelevati e misurati per ogni acquario e tempo di trattamento. I prelievi sono stati eseguiti ogni 7 giorni per l'intera durata dei trattamenti.

#### *4.3 Analisi della concentrazione della clorofilla a e dei carotenoidi*

Le concentrazioni dei pigmenti clorofilla *a* e carotenoidi sono state stimate mediante metodo spettrofotometrico. Per ciascuna misura sono stati prelevati (sempre dopo intensa agitazione della coltura) 6 ml di coltura, trasferiti in una vials e centrifugati a 13.000 rpm per 5 minuti a RT. Al pellet ottenuto è stato aggiunto metanolo puro a RT, vortexato e posto al buio per 30 minuti. I campioni sono stati poi centrifugati a 13.000 rpm per 5 minuti e sono state eseguite le letture spettrofotometriche del sovrinatante. Le assorbanze per la clorofilla sono state misurate alle lunghezze d'onda di 665 e 652 nm per la clorofilla e 480 nm per i carotenoidi. Le concentrazioni di clorofilla e carotenoidi, espresse come mg/ml, sono state calcolate secondo Kumar et al., 2021, utilizzando le seguenti formule:

$$\text{Clorofilla a (mg/l)} = 16.29 * OD_{665} - 8.54 * OD_{652}$$

$$\text{Carotenoidi (mg/L)} = 4 * OD_{480}$$

Per l'estrazione della clorofilla e dei carotenoidi sono state effettuate da cinque a sette repliche biologiche e tre repliche tecniche. I prelievi sono stati eseguiti ogni 7 giorni per l'intera durata dei trattamenti.

#### *4.4 Estrazione delle ficocianine da colture di *Arthrospira maxima*\**

È stata analizzata la concentrazione di ficocianina presente nelle cellule delle colture di controllo e trattate. Un volume di coltura è stata raccolta e sottoposta ad un processo di essiccazione in stufa e in vacuum. La biomassa secca, ridotta in polvere finissima è stata risospesa in un volume in rapporto g/ml, vortexata e centrifugata a 13.000 rpm per 5 minuti, il sovrinatante è stato prelevato per la lettura dell'assorbanza a 615 nm e 652 nm. La concentrazione di ficocianina (PC) è stata, infine, calcolata utilizzando la formula sotto riportata (Bennett and Bogorad, 1973) ed espressa in mg/ml e poi in mg/gr di peso secco:

$$PC\left(\frac{mg}{ml}\right) = \frac{OD_{615} - 0.474 * OD_{652}}{5.34}$$

Per ogni misura di concentrazione sono stati utilizzati da cinque a sette repliche biologiche e tre repliche tecniche, da ciascuna coltura e nei tempi di prelievo durante i trattamenti.

prelievi sono stati eseguiti ogni 7 giorni per l'intera durata dei trattamenti.

\* I dettagli della metodologia di estrazione della ficocianina sono soggetti all'Accordo di Riservatezza sottoscritto con l'azienda Biorisi-OilFox.

#### 4.5 Estrazione delle proteine da coltura di *A. maxima*

Il protocollo estrattivo delle proteine totali si basa su metodo di precipitazione in acetone/acido tricloroacetico (TCA) modificato da Mostafa et al., 2018. Per ottenere 1 gr di pellet da coltura di *A. maxima* fresca, sono state prelevate tre falcon da 50 ml e



Figura 15. Tessuto di *Arthrospira maxima* polverizzato in azoto liquido con mortaio e pestello.

centrifugate a 7900 rpm per 15 minuti a 4°C. Prima di effettuare l'estrazione proteica il pellet ottenuto è stato lavato con 10 mM Na<sub>2</sub>-EDTA in acqua, centrifugato a 13.000 rpm per 5 minuti a RT, quindi congelato in azoto e conservato a -80 °C. I campioni congelati sono stati polverizzati in un mortaio con pestello (precedentemente raffreddati) in azoto liquido. La polvere ottenuta è stata suddivisa in diverse eppendorf da 2 ml alle quali è stato aggiunto 10% (p/v) TCA e 0,07% (p/v) ditiotreitolo (DTT) e incubate

a -20°C overnight. I campioni incubati sono stati centrifugati a 13.000 rpm per 20 minuti a RT, il pellet è stato lavato più volte con acetone preraffreddato e 0,07% (p/v) DTT, incubato a -20°C per 30 minuti, e centrifugato a 13.000 rpm per 20 minuti a RT. Il pellet è stato asciugato per 20 minuti a RT in unacentrifuga vacuum, e successivamente solubilizzati in Loading buffer (Laemmli, 1970). Per ciascun tempo di campionamento sono stati processati tre campioni di controllo e tre campioni trattati (n=3).



4.6 Determinazione proteica con il metodo di Bradford

Per la determinazione della concentrazione delle proteine è stato usato il dosaggio colorimetrico con il reattivo di Bradford (Bradford, 1977). Tale reattivo coinvolge il legame del colorante Coomassie Brilliant Blue G-250 con le proteine. In determinate condizioni, i gruppi acidi e basici delle proteine creano delle interazioni con gli ioni  $\text{Cu}^{2+}$  presenti nel reagente, che vengono dissociati dal colorante, formando dei composti di colore blu. L'intensità del colore che viene sviluppato è direttamente proporzionale alla concentrazione proteica presente. Il metodo viene eseguito ponendo in una provetta 500  $\mu\text{l}$  di  $\text{H}_2\text{O}$  distillata, e 500  $\mu\text{l}$  di reattivo di Bradford e 1  $\mu\text{l}$  dell'estratto proteico. La soluzione viene lasciata incubare al buio a temperatura ambiente per 5 minuti.

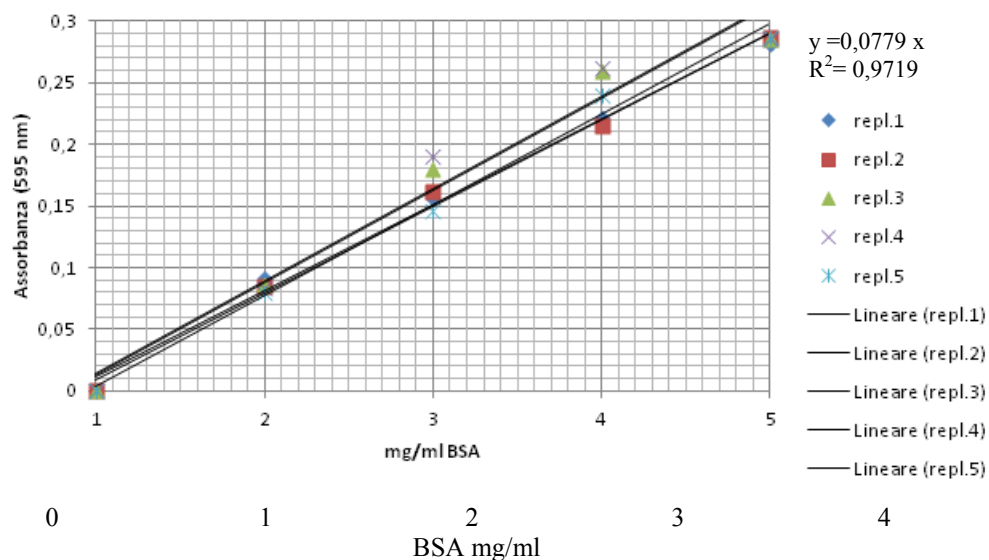


Figura 16. Valori di assorbanza a 595 nm di diverse concentrazioni di BSA e loro relazione lineare. Il valore di correlazione è stato calcolato sui valori medi di assorbanza alle concentrazioni analizzate.  $n=5$ .

La determinazione proteica è proporzionale alla formazione dei complessi tra i residui aminoacidici basici e aromatici e il colorante, in quanto questi causano lo *shift* del massimo di assorbimento del colorante che da 465 passa 595 nm, e può essere misurato spettrofotometricamente. Cinque diversi campioni a concentrazione crescente di 1, 2, 3 e 4 mg/ml di una proteina standard (Bovine Serum Albumin, BSA) sono stati utilizzati per la retta di taratura nelle nostre condizioni sperimentali. La relazione tra concentrazione di BSA e assorbanza è riportata in Figura 16. La retta  $y = 0,0779x$  individuata dai punti medi di assorbanza per ogni concentrazione ( $R^2=0,9719$ ) è stata usata per determinare la quantità di proteine espressa come mg/ml in un campione ignoto.

Per ciascun prelievo sono stati analizzati tre campioni biologici.

#### *4.7 Separazione elettroforetica delle proteine di A. maxima mediante SDS-PAGE*

Una volta determinata la concentrazione delle proteine, l'estratto proteico è stato separato mediante SDS-PAGE. L'estratto, solubilizzato in Loading buffer, è stato attivato per 4 min a 100 °C. Da 15µg a 20 µg per ciascun campione sono stati caricati su un gel di poliaccrilammide al 12%. La corsa elettroforetica è stata effettuata ponendo il gel nella camera elettroforetica riempita di soluzione tampone (Buffer Tris Glicina) e impostando amperaggio e voltaggio (60 mA nello stacking gel e 120 mA nel running gel ad una potenza di 200 V). Una volta terminata la corsa, i gel sono stati posti in una soluzione di Coomassie R-250 per una notte, per poi subire decolorazione attraverso lavaggi con acqua, ammonio bicarbonato e acetonitrile. I gel decolorati sono stati digitalizzati mediante il densitometro "GS800 Biorad" e sistema di acquisizione "QuantityOne" (Biorad) per individuare le bande proteiche polipeptidiche ed effettuare il taglio.

#### *4.8 Preparazione del campione per l'analisi di massa. Riduzione, alchilazione e digestione in gel delle proteine*

L'analisi di massa *gel-based* si basa sul procedimento di *in-gel digestion* delle proteine con l'enzima tripsina, preceduto da fasi di riduzione e alchilazione delle proteine. La digestione con tripsina genera una serie di peptidi tanti quanti sono i siti di taglio presenti nella sequenza primaria della proteina. I digeriti triptici restano intrappolati nel gel fino alle fasi successive di eluizione nel tampone finale di analisi. Questa tecnologia comporta una buona resa in peptidi triptici e l'assoluta purezza del campione per l'analisi di massa, in quanto priva di sostanze interferenti quali sali o detergenti.

Per la riduzione delle proteine è stato effettuato un lavaggio con 100 µl di ditiotreitolo mg/ml in ammonio bicarbonato 50 mM per 30 minuti a 56°C. Per l'alchilazione sono stati effettuati dei lavaggi con ammonio bicarbonato, acetonitrile e iodoacetamide. Ai campioni è stata aggiunta tripsina (Promega, Madison WI, USA), sciolta in ammonio bicarbonato 25 mM, prima di essere incubati a 37 ° C per tutta la notte (Wilm et al., 1996).

I digeriti triptici (peptidi) sono stati estratti grazie all'aggiunta, in fasi separate, di ammonio bicarbonato 25 mM, acetonitrile e acido formico al 5%. Durante queste fasi, il liquido di

---

ogni campione è stato estratto, raccolto in nuove provette e asciugato nella centrifuga sottovuoto. I campioni sono stati trattati con acido formico all'80% e H<sub>2</sub>O.

#### 4.9 Analisi in spettrometria di massa

Venti microlitri di peptidi triptici sono stati iniettati su una colonna a trappola a fase invertita (Colonna analitica LC18 BioBasic™, 300 Å, 5 µm, 50 µm ID × 1 mm di lunghezza, Thermo Scientific) e separati mediante un sistema ultra cromatografico (UltiMate 3000 RSLC System, Thermo Scientific), ad un flusso costante di 100 µL/min e con un gradiente dal 4% di buffer A (2% ACN e 0.1% acido formico in acqua) ad uno al 96% di buffer B (2% acqua e 0.1% acido formico in ACN) per sessanta minuti. Spettri di massa a scansione completa sono stati raccolti nella trappola ionica lineare nell'intervallo di massa da m/z 350 a m/z 1800 Da e sono stati selezionati i 10 ioni precursori più intensi per la frammentazione indotta da collisione. Gli spettri MS acquisiti sono stati utilizzati per l'identificazione delle proteine.

L'analisi bioinformatica e identificazione dei peptidi delle proteine di *Arthrospira* dagli spettri MS/MS, l'inferenza delle proteine e la validazione sono state eseguite con il software Scaffold 4.8. Gli spettri MS/MS sono stati estratti da dati grezzi, accettando una sequenza minima di tre aminoacidi e scansioni di fusione con lo stesso precursore entro una finestra di massa di ± 0,4 m/z, in un intervallo di tempo di ± 30 s. I parametri chiave di ricerca sono Scored Peak Intensity, (SPI) ≥ 50%, tolleranza di massa del precursore di ± 10 ppm e tolleranza di massa degli ioni prodotto di ± 20 ppm. La carbamidometilazione della cisteina è stata fissata come modifica e la tripsina è stata selezionata come enzima per la digestione, accettando due scissioni mancanti per peptide.

L'identificazione delle proteine è stata effettuata utilizzando il database FASTA di *Arthrospira platensis* PCC8005 (ottenuto da MaGe Annotation Platform, versione 3 aggiornata del genoma, 6.355 proteine). Attraverso il software X! Tandem le proteine trovate in campioni diversi sono state accuratamente allineate e identificate in tutti i campioni analizzati. Le soglie automatiche sono state utilizzate per l'identificazione del peptide nel software Scaffold. Generalmente le probabilità peptidiche vengono valutate utilizzando un approccio bayesiano per la stima dell'FDR locale (LFDR) fino ad un valore dell'1%.le sequenze dei peptidi utilizzando il software di sistema Scaffold 4.8 Q+S, interfacciato sia con il database di proteine dedotte da sequenze proteiche generaliste di *Cyanobacteria* che del genere *Arthrospira* depositate nella banca dati di NCBI (scaricati in

data 9/05/2020) e nella banca dati di UniProt (scaricati in data 24/06/2021).

#### 4.10 Trattamento delle colture di *A. maxima* con glifosato (Gly)

Due colture indipendenti di *Arthrospira maxima* sono state trattate con una concentrazione di glifosato pari a 0,2 mM (concentrazione presente in ambiente naturale, (Lipok et al.,



Figura 17. Esempio di una coltura. Trattamento di 14 giorni della coltura di *A. maxima* con glifosato 0.2 mM.

2010), mantenendo costanti le concentrazioni dei nutrienti presenti nel terreno di coltura, la temperatura e il pH per tutta la durata del trattamento (14 giorni). Per ogni prelievo sono state utilizzate cinque repliche biologiche e tre repliche

tecniche, da ciascuna coltura e nei tempi di prelievo effettuati a tempo zero (T0), a

7 giorni (T7), a 10 giorni (T10) e infine a 14 giorni (T14) dal trattamento, per le analisi proteomiche dei *pathways* metabolici. I dati sono stati analizzati attraverso software statistico XLSTAT con l'utilizzo della regressione multipla (con più variabili esplicative).

#### 4.11 Trattamento delle colture di *A. maxima* con glifosato e microplastiche (MPs)

Le microplastiche (MPs) PET (polietilene tereftalato) e PP (polipropilene) utilizzate in questo trattamento con una concentrazione di 1.7 g/L (concentrazione presente in ambiente naturale marino (Dianratri et al., 2017), sono state ottenute da due campagne di monitoraggio delle MPs in mare effettuate da Arpacal nell'ambito dell'applicazione della Marine Strategy. Le MPs, conservate in etanolo, asciugate e pesate. Le MPs sono state lavate in acqua distillata, poste in capsule Petri per ciascun sito di prelievo, misurate singolarmente con l'utilizzo di carta millimetrata e suddivise per dimensione. Successivamente le MPs sono state osservate allo stereomicroscopio per la

caratterizzazione in base al colore, alla forma e allo stato di degradazione (Kovač Viršek et al., 2016).

Le microplastiche aged fornite dall'ente ARPACAL provengono da tre siti: Gioia Tauro (RC), Villa Piana (Cs) e Cetraro (Cs). Queste sono state classificate in base alle dimensioni come riportato in Tabella 2.

Tabella 2. Classificazione delle microplastiche provenienti dai tre siti in base alle dimensioni

<b>Dimensioni</b>	<b>Gioia Tauro</b>	<b>Villa Piana</b>	<b>Cetraro</b>
<b>1-2 mm</b>	40%	50%	35%
<b>2-5 mm</b>	41%	23%	50%
<b>&gt; 5mm</b>	19%	27%	15%

I colori delle microplastiche sono bianco e trasparente nella maggior parte delle particelle, mentre una percentuale minore è presente nei vari colori quali: giallo, azzurro, rosso, verde e nero. Le particelle presentavano una forma rettangolare, quadrata dai bordi irregolari e smussati.

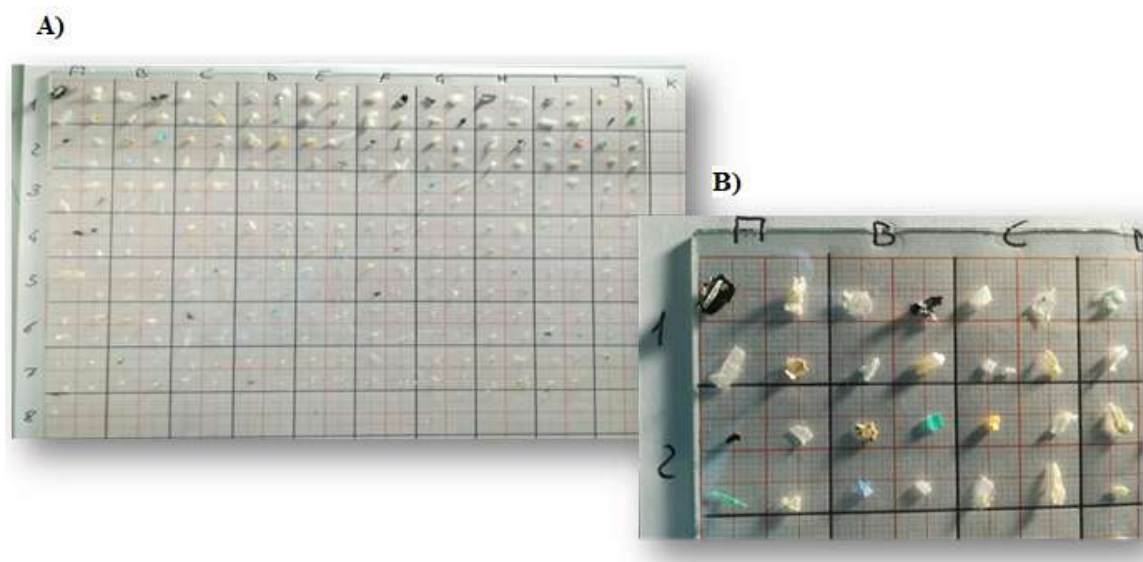


Figura 18. A) e B) Microplastiche disposte su carta millimetrata per la valutazione delle dimensioni.

#### 4.12 Separazione e concentrazione della ficocianina estratta da *A. maxima* con tecnologia a membrana\*

In collaborazione con l'Istituto per la Tecnologia delle Membrane del CRN (ITM-CNR) sono state effettuate le prove sperimentali di ultrafiltrazione (UF) su membrana in Polietersolfone (PES) con un cut-off compatibile con il peso molecolare compatibile con quello della ficocianina.

La membrana è stata inizialmente trattata con acqua distillata al fine di valutarne la

permeabilità idraulica.

L'impianto sperimentale utilizzato è mostrato in Figura 19.

\* I dettagli della metodologia di ultrafiltrazione sono soggetti all'Accordo di Riservatezza sottoscritto con l'azienda Biorisi-OilFox



Figura 19. Diagramma schematico dell'impianto di ultrafiltrazione: 1. Bombola di azoto; 2. Manometro per la misura della pressione in ingresso; 3. Cella in acciaio inox contenente la membrana; 4. tubo collettore per la raccolta del permeato; 5. Bilancia digitale.

L'impianto così configurato permette di separare due fluidi partendo da un fluido iniziale (*feed*) che contiene la molecola di interesse; i due fluidi separati dal processo a membrana differiscono per il fatto che uno non conterrà la molecola di interesse (*permeato*), mentre l'altro la conterrà e la concentrerà (*retentato*).

Nelle prove di permeabilità viene misurata la portata di permeato calcolata misurando il volume di permeato raccolto nell'unità di tempo. Il flusso di permeato è stato calcolato dividendo la portata di permeato per la superficie di membrana.

La Figura 20 mostra la permeabilità all'acqua della membrana in oggetto.

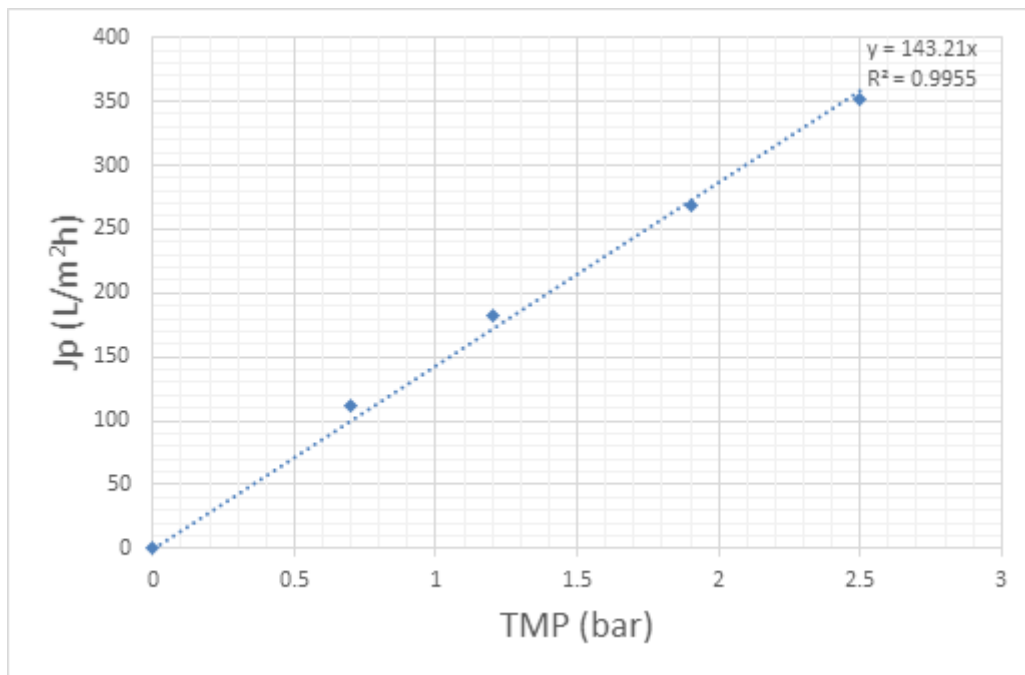


Figura 20. Caratterizzazione della membrana in PES con acqua distillata. Flusso di permeato in funzione della pressione ( $T= 17,5\text{ }^{\circ}\text{C}$ ).

Successivamente la membrana è stata utilizzata per test di concentrazione della ficocianina (PC) in soluzioni di *A. maxima* a diverse concentrazioni e tempi di incubazione in un volume di reagente di estrazione:

- a) Xg(Y)
- b) 2Xg(Y)
- c) 2Xg (2Y)

dove X rappresenta la quantità in grammi di *A. maxima* utilizzata e Y il tempo di incubazione.

Trascorso il tempo di incubazione le sospensioni di *A. maxima* sono state inizialmente centrifugate per 15 minuti a 6000 rpm e poi congelate. I campioni sono stati scongelati immediatamente, dapprima le prove di UF a membrana e mantenute ad una temperatura di 25°C.

Per ciascun test di UF sono stati prelevati il *feed* (prima e dopo la UF), il *retentato* e il *permeato* ed analizzati per la determinazione della concentrazione di ficocianina, il profilo elettroforetico per la determinazione della qualità e per l' eventuale presenza di molecole contaminanti, quali DNA e RNA.



Figura 21. A) Permeato; B) Feed; C) Retentato da Xg (Y) di *Arthrospira maxima*.

#### 4.12.1 Valutazione della concentrazione di ficocianina, del feed, retentato e permeato dopo UF

Per stimare la validità dell'UF, è stata calcolata la concentrazione della ficocianina, utilizzando il metodo riportato nel paragrafo 4.4, in tutte le frazioni ottenute.

#### 4.12.2 Analisi elettroforetica su gel di agarosio del feed, retentato e permeato dopo UF

Per la determinazione di contaminazione da acidi nucleici nelle tre frazioni del processo a membrana, uguali volumi di *feed*, *permeato* e *retentato* dello stesso test UF, sono state solubilizzati in un uguale volume di loading buffer overnight in agitazione a RT. È stato preparato un gel di agarosio allo 0,8% in TBE 0,5X. Ai campioni è stato aggiunto blu di bromofenolo come tracciante, e dopo 30 min di corsa a 70 mA, con 120 V. La corsa elettroforetica è stata fotografata grazie all'utilizzo di un transilluminatore UV (254 nm / luce bianca 2 x 20 x 20 cm - Consort).

#### 4.12.3 Analisi elettroforetica su gel di poliacrilamide, del feed, retentato e permeato dopo UF

Per valutare la qualità delle diverse frazioni ottenute con il metodo dell'ultrafiltrazione è stata effettuata una corsa elettroforetica su gel di poliacrilamide preparato secondo il protocollo descritto nel paragrafo 4.7. I campioni di *feed*, *permeato* e *retentato*, sono stati solubilizzati in un uguale volume di loading buffer overnight in agitazione a RT. Come tracciante è stato utilizzato il blu di bromofenolo. Dopo 1h di corsa a 120 mA e 200 V, i gel sono stati colorati con Comassie Blu e scansionati al densitometro GS800 Biorad.



## Capitolo V: Risultati

### 5.1 Dinamica delle colture di *Arthrospira maxima* e parametri biochimici

Tutte le analisi statistiche dei parametri fisiologici sono stati analizzati mediante t-test eseguite utilizzando il software XLSTAT versione 2021.3.1.1187 (by Addinsoft, Microsoft,USA). La significatività è stata definita come  $p < 0,05$ . I dettagli dell'analisi statistica per ciascun gruppo di dati sono riportati nelle corrispondenti tabelle supplementari.

Gli inoculi utilizzati per le colture in laboratorio sono stati campionati dalla stessa vasca *open-door* nello stesso momento e quindi considerati come singola popolazione di cianobatteri (coltura di sola *Arthrospira maxima* certificata nel brevetto di coltivazione dell'azienda numero AR070504B1 della Repubblica Argentina).

Al fine di valutare la dinamica di crescita delle colture di *A. maxima* nelle condizioni di laboratorio, la biomassa, valutata mediante il metodo spettrofotometrico semiquantitativo, è stata monitorata a partire dall'inoculo della coltura madre prelevata presso l'azienda Biorisi per un periodo di 70 giorni con prelievi ogni 7 giorni. In Figura 22 sono riportati i valori di densità ottica (Abs) nei campioni di due diverse colture allevate in 20 litri in condizioni ambientali stazionarie e senza l'apporto ulteriore di nutrienti. E' stata osservata una disomogeneità delle densità ottiche delle colture al tempo T0 dovuta probabilmente alla aggregazione dei tricoli, la cui variazione è stata normalizzata aumentando il numero di campioni prelevati (n=5; n=7)

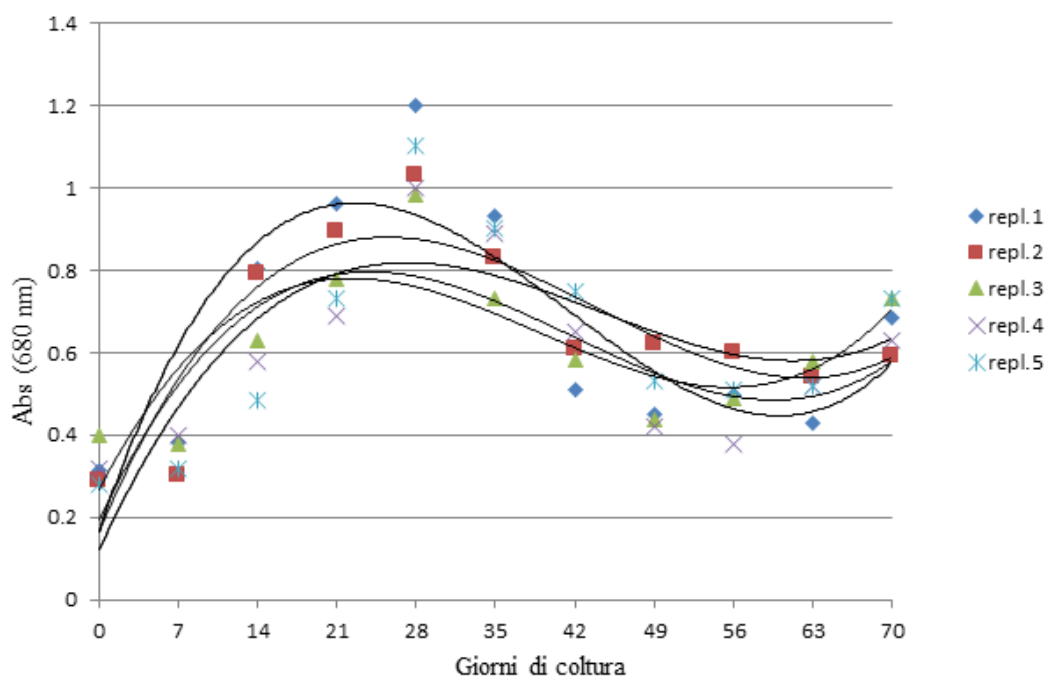


Figura 22. Valori di densità ottica (Abs) di campioni di *A. maxima* prelevati ogni 7 giorni in due distinte colture per un periodo di 70 giorni. Le linee di tendenza (polinomiale di grado 3) sono state estrapolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ .

Come si può osservare la crescita cellulare incrementa fino al 28° giorno di coltura a partire dall'inoculo (Tavola 1, A e B), per poi subire una flessione intorno al 42° – 49° giorno, per poi aumentare nuovamente a partire dal 70° giorno. Dopo i 70 giorni di coltura è stato necessario aggiungere nutrienti nelle formulazioni predisposte dall'azienda, al fine di prevenire una massiva mortalità. Nelle nostre condizioni sperimentali, pertanto, l'analisi è stata effettuata fino a 42 giorni dall'inoculo senza aggiunta di mezzo di coltura fresco.

Abbiamo quindi definito questo periodo come quello di riferimento per tutti i test da effettuare. Sono stati, quindi, valutati i parametri biochimici come le concentrazioni di pigmenti fotosintetici correlati al metabolismo primario, quali Chl *a*, ficocianina e carotenoidi nelle due colture riferite al periodo di 42 giorni.

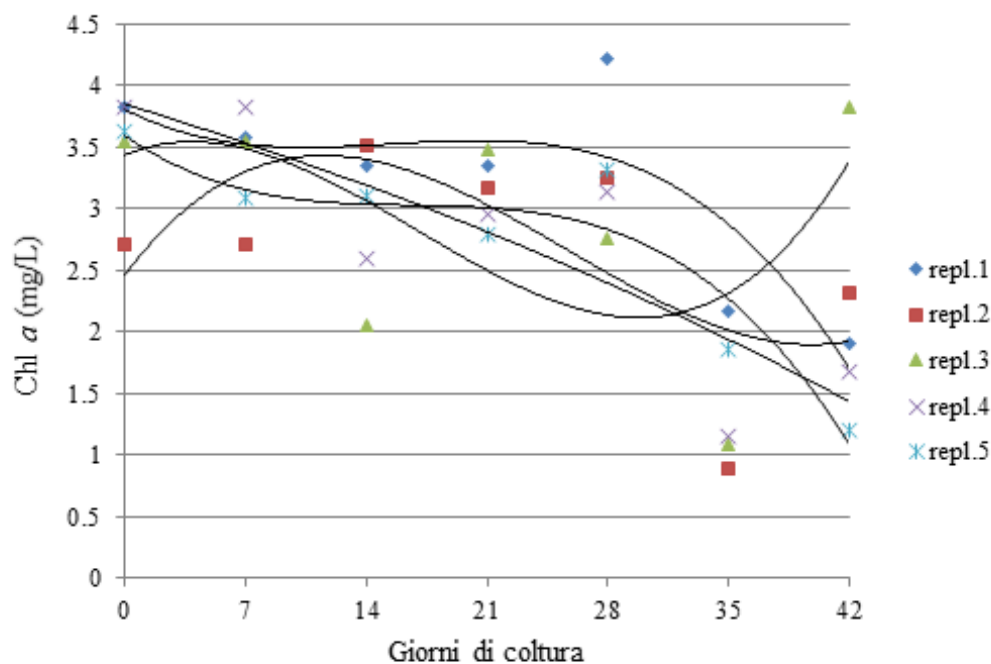


Figura 23. Valori di concentrazione di Chl a nei campioni di *A. maxima* prelevati ogni 7 giorni in due distinte colture per un periodo di 42 giorni. Le linee di tendenza (polinomiale di grado 3) sono state estrapolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ .  $p<0,005$  tra giorno 0 e giorno 35. Vedi Tabella SupplementareA per i dettagli dei dati.

Come si può osservare in Figura 23 le concentrazioni di Chl a nei campioni di *A. maxima* hanno una significativa fluttuazione nel periodo indagato (significativa tra i valori iniziali e al 35 ° giorno). Le tendenze estrapolate indicano in ogni caso una diminuzione della concentrazione al 35° e 42° giorno di coltura, tranne che per un solo campione che presenta un valore maggiore a 42 giorni.

In Figura 24 sono riportati i valori di concentrazione dei carotenoidi totali; anche per i carotenoidi si osservano variazioni non significative per l'intero periodo analizzato.

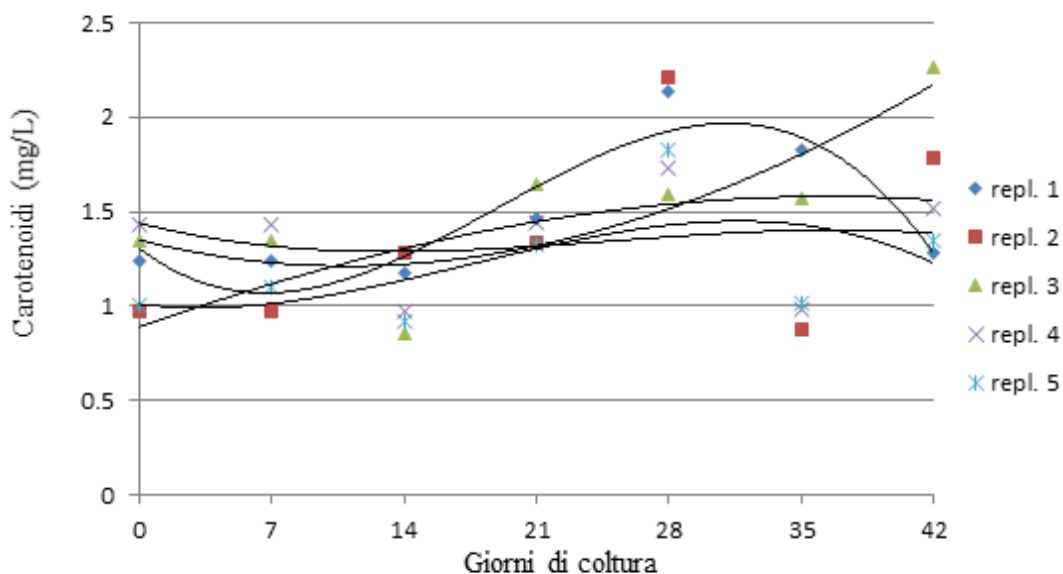


Figura 24. Valori di concentrazione dei carotenoidi totali nei campioni di *A. maxima* prelevati ogni 7 giorni in due distinte colture per un periodo di 42 giorni. Le linee di tendenza (polinomiale di grado 3) sono state estrapolate per ciascun gruppo di campioni  $n=5$ . Vedi Tabella Supplementare A per i dettagli dei dati.

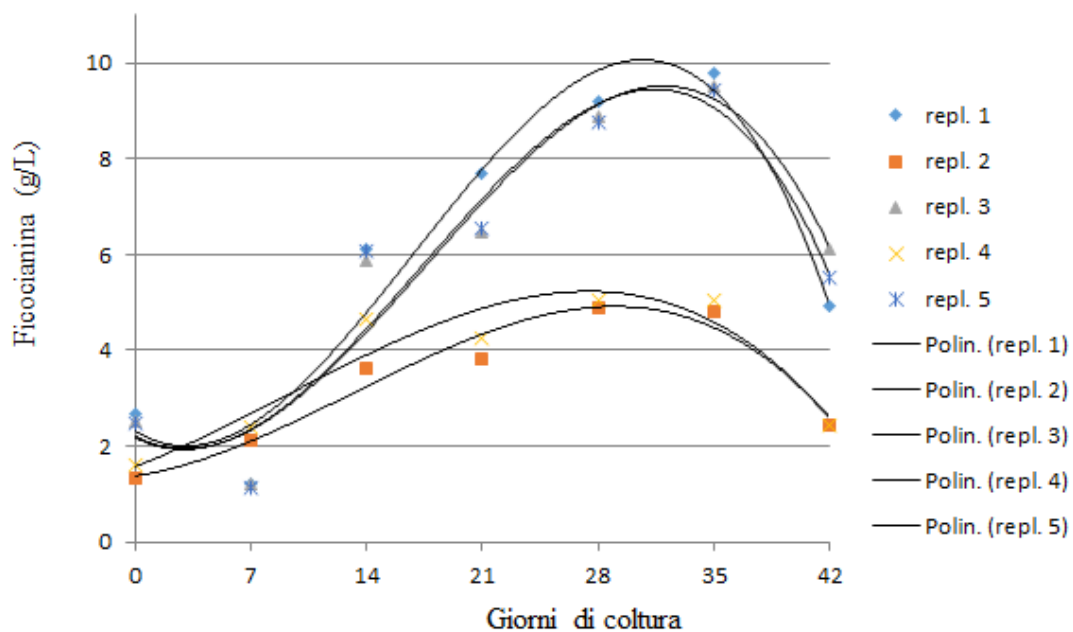


Figura 25. Valori di concentrazione della ficocianina in campioni di *A. maxima* prelevati ogni 7 giorni in due distinte colture per un periodo di 42 giorni. Le linee di tendenza (polinomiale di grado 3) sono state estrapolate per ciascun gruppo di campioni  $n=5$ . I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A.

I valori di concentrazione della ficocianina sono variabili all'interno dei campioni analizzati, e indipendentemente dalle due colture; le linee di regressione indicano un andamento identico in tutti i campioni analizzati, con un valore massimo di concentrazione

al 28° giorno di coltura; a partire dal 28°giorno le concentrazioni di ficocianina, decrescono in tutti i campioni fino a raggiungere un minimo al 42° giorno.

### 5.2 Dinamica delle colture di *Arthrospira maxima* e parametri biochimici durante il trattamento con glifosato

Ad una coltura di *A. maxima* appena dopo l'inoculo è stata aggiunta una soluzione madre di glifosato per ottenere una concentrazione finale di 0,2 mM; una seconda coltura è stata inoculata ed ha costituito il controllo.

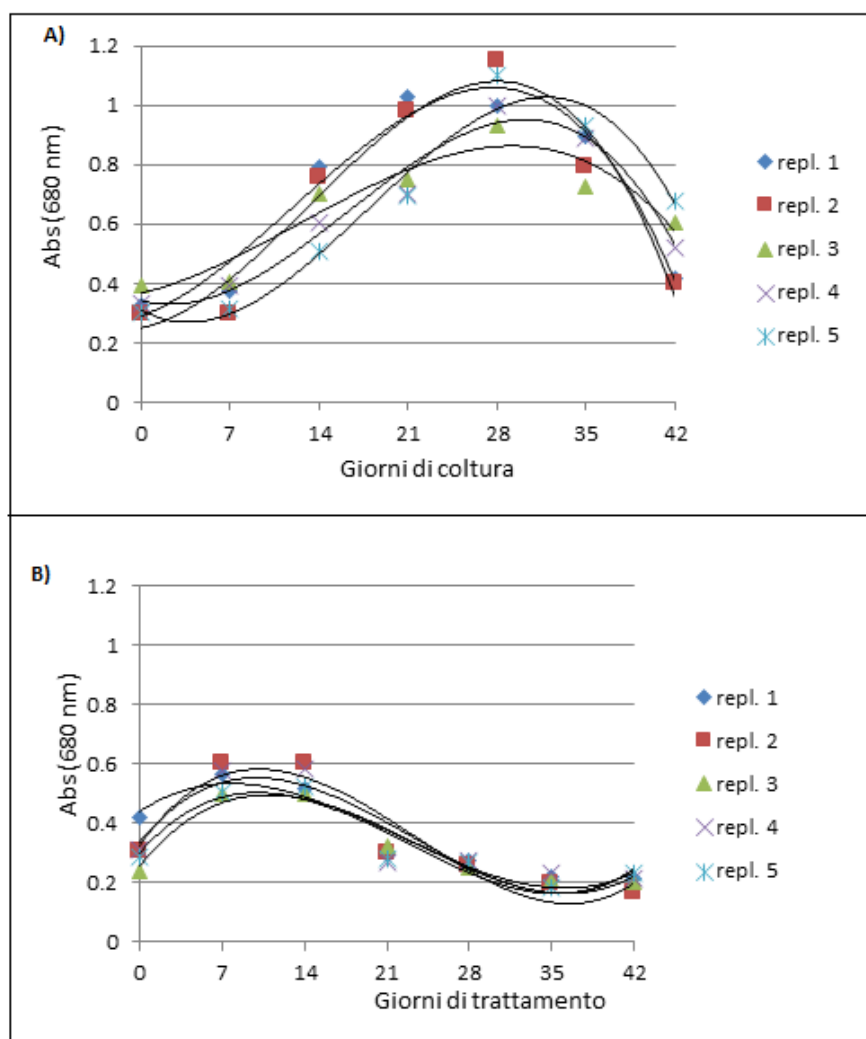


Figura 26., Valori di densità ottica (Abs) valutata come densità ottica (Abs) dei campioni di controllo (a) e dei campioni trattati con 0,2 mM glifosato (b) di colture di *A. maxima*. n=5. I dettagli dei dati sono riportati nella Tabella Supplementare A.

Al tempo zero e ogni 7 giorni e fino al 42° giorno di trattamento sono stati prelevati cinque campioni. In Figura 26 sono riportati i valori di densità ottica ottenuti con il metodo spettrofotometrico semiquantitativo. I valori di densità ottica nella coltura di controllo

evidenziano il tipico andamento ciclico con un massimo a 28 giorni di coltura e una successiva riduzione fino al minimo che si registra dopo 42 giorni.

Nelle colture trattate con glifosato la densità ottica subisce una significativa riduzione in tutti i campioni analizzati rispetto a quanto riscontrato nella coltura di controllo.

Il massimo valore densità ottica si ha nel periodo 7-14 giorni di trattamento, per poi ridursi drasticamente (Tavola 1, C e D). Alla fine del trattamento (42 giorni) la densità ottica della coltura risulta essere ridotta di oltre il 50 % rispetto al controllo.

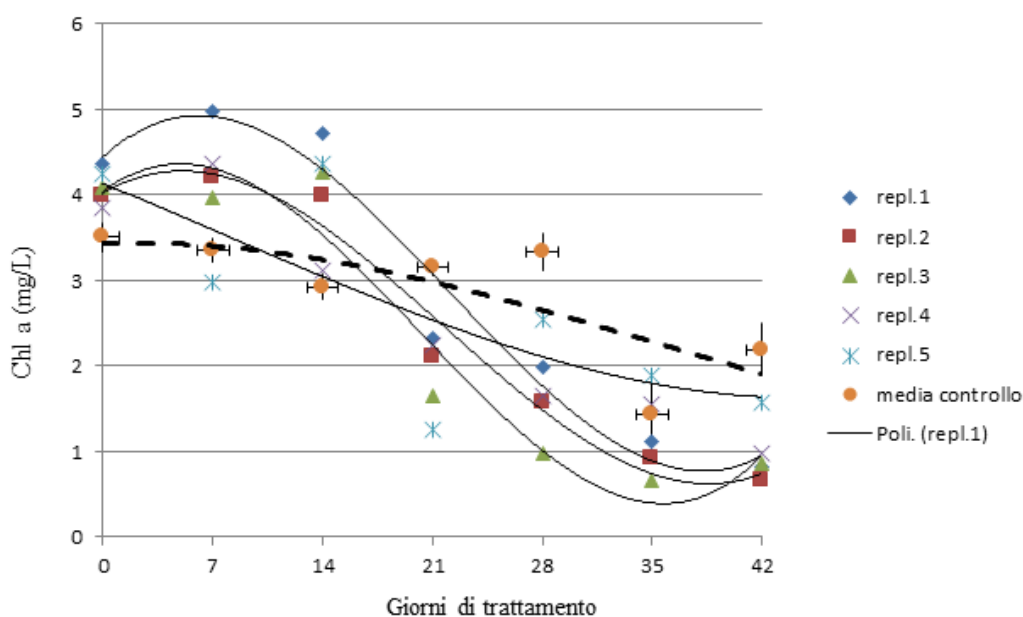


Figura 27. Andamento della concentrazione della clorofilla a in campioni (repl. 1-5) di colture *A. maxima* trattati con 0,2 mM di glifosato per 42 giorni e media dei valori ( $\pm$  ES) di concentrazione di campioni di controllo. Le linee di regressione (polinomiali di grado 3) sono state calcolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ . La line tratteggiata corrisponde alla regressione dei valori del controllo. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A.

Il trattamento con glifosato induce un aumento della concentrazione di clorofilla nei primi 14 giorni di trattamento in quattro campioni su cinque; tale aumento risulta essere statisticamente significativo se paragonato ai valori del controllo nello stesso periodo ( $p < 0,05$ ; vedi Tabella Supplementare A). A partire dal 14° giorno, la coltura presenta una rapida riduzione del contenuto cellulare del pigmento con valori significativamente inferiori al controllo alla fine del trattamento con glifosato. Per quanto riguarda i carotenoidi le variazioni di concentrazione nei vari tempi di prelievo non sono risultati significativi rispetto al controllo (Figura 28).

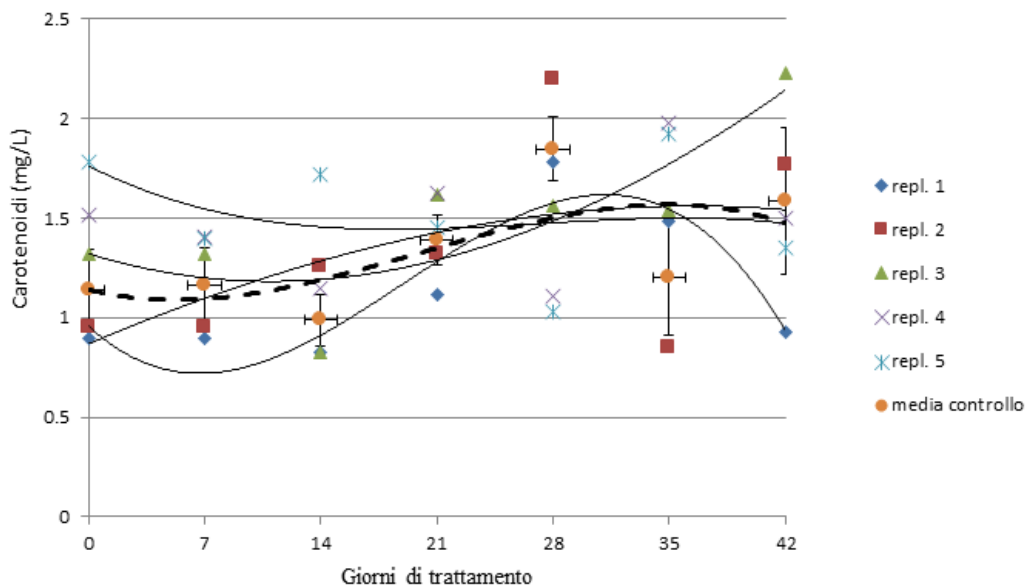


Figura 28. Dinamica della concentrazione dei carotenoidi in campioni (repl. 1-5) di colture *A. maxima* trattati con 0,2 mM di glifosato per 42 giorni e media dei valori ( $\pm$  ES) di concentrazione di campioni di controllo. Le linee di regressione (polinomiali di grado 3) sono state calcolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ . La linea tratteggiata corrisponde alla regressione dei valori medi del controllo. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A.

In Figura 29 le linee di regressione descrivono una riduzione esponenziale della concentrazione di ficocianina in tutti i campioni analizzati con a 42 giorni a una media di  $1,98 \pm 1,26$  g/l rispetto a  $42,8 \pm 14,7$  g/l del controllo nello stesso periodo.

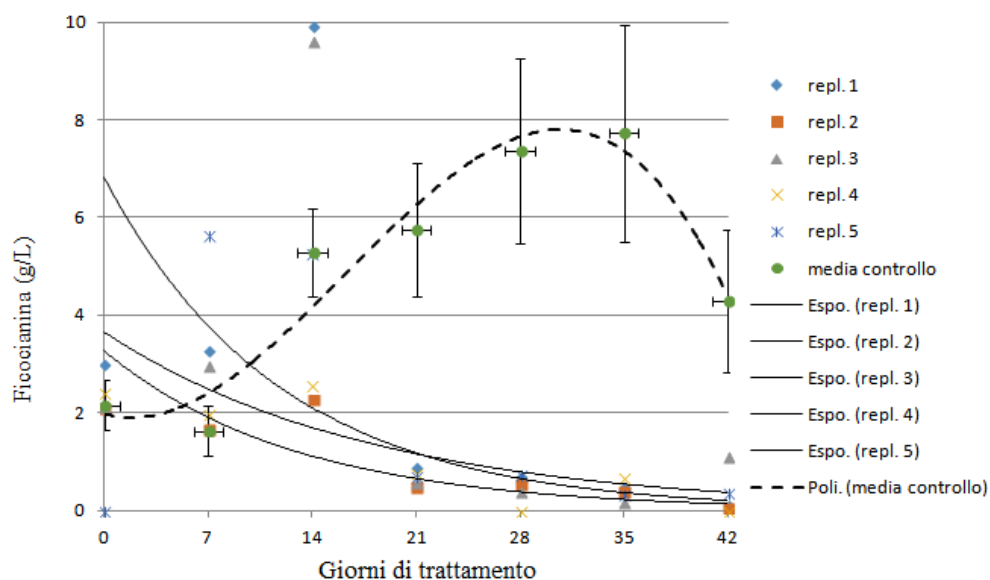


Figura 29. Andamento della concentrazione della ficocianina in campioni (repl. 1-5) di colture *A. maxima* trattati con 0,2 mM di glifosato per 42 giorni e media dei valori ( $\pm$  ES) di concentrazione di campioni di controllo. Le linee di regressione (esponenziali) sono state calcolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ . La linea tratteggiata (regressione di grado 3) è relativa ai valori medi del controllo. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A.

*5.3 Dinamica delle colture di *Arthrospira maxima* e parametri biochimici durante il trattamento con glifosato associato a microplastiche*

Anche nel caso di questo trattamento una coltura di *A. maxima* appena dopo l'inoculo è stata addizionata con una soluzione madre di glifosato nel quale erano state disciolte le microplastiche selezionate per ottenere una concentrazione finale di 0,2 mM e 1.7 g/l rispettivamente; una seconda coltura è stata inoculata ed ha costituito il controllo.

Al tempo zero e ogni 7 giorni e fino al 42° giorno di trattamento sono stati prelevati cinque campioni (n=5) per le analisi della biomassa e dei parametri biochimici. Immediatamente dopo l'aggiunta della miscela glifosato+MPs, la coltura ha aumentato il volume ed è apparsa una densa schiuma sulla sua superficie, come si può osservare in Figura 17. Trascorsi pochi minuti, la coltura si è stabilizzata ed è ritornata visibilmente alle condizioni precedenti al trattamento.



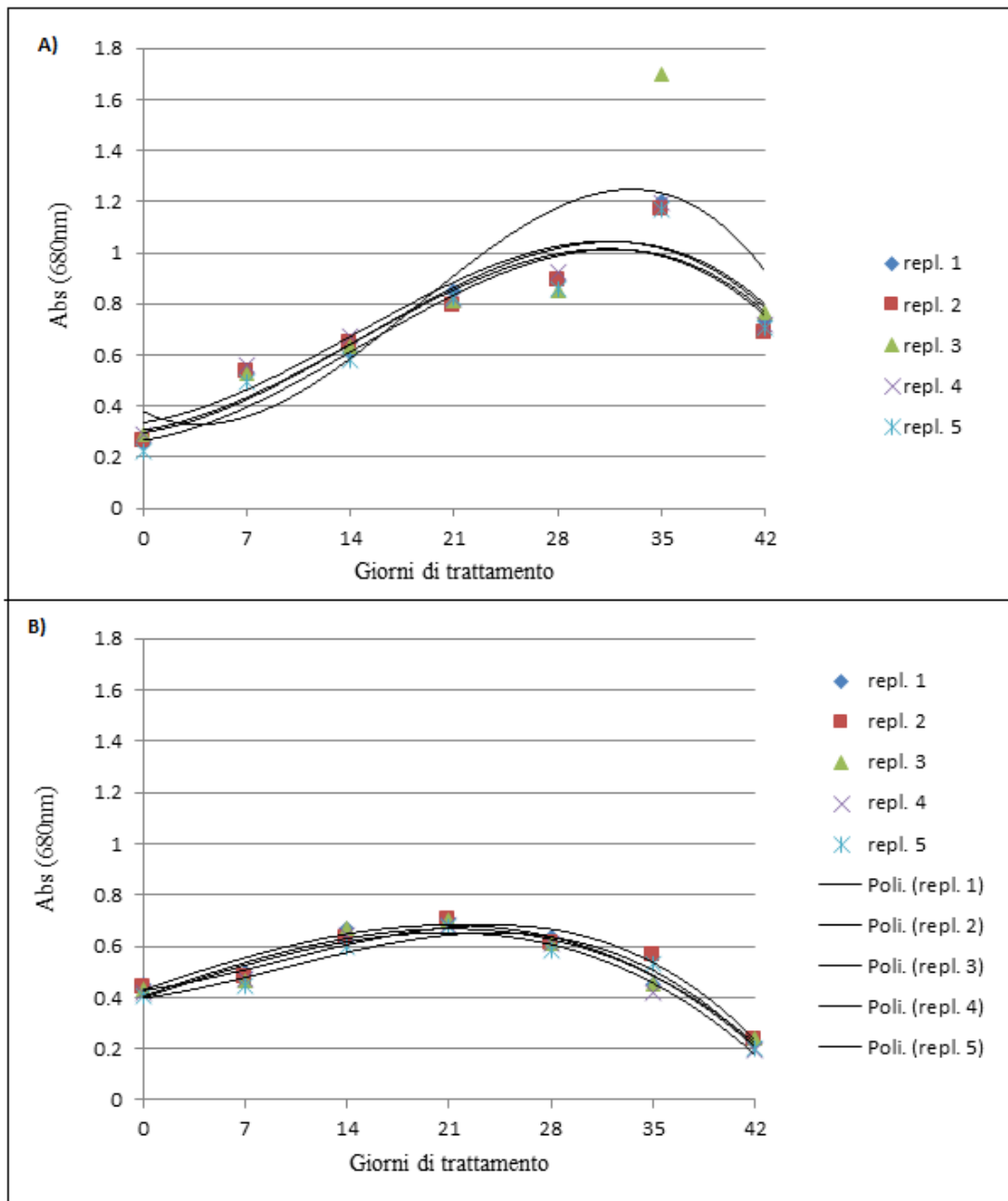


Figura 30. Andamento della densità ottica (Abs) con 0,2 mM glifosato e MPs per 42 giorni (b).  $n=5$ . Le linee di regressione (polinomiale di grado 3) sono state calcolate indipendentemente per ciascun gruppo di valori. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A. Test T-Student sulle matrici di dati,  $p = 0,000117$ .

Come si può osservare in Figura 30 la densità delle colture trattate con glifosato e MPs subisce lievi variazioni a seguito del trattamento, se confrontato con la dinamica di crescita del controllo (Tavola 2); dato da evidenziare è l'aumento della densità ottica dei campioni delle colture trattate immediatamente dopo l'aggiunta degli inquinanti (Abs media =  $0,4302 \pm 0,01256$ ) che risulta maggiore di circa 50% rispetto al controllo (Abs media

=0,2632±0,02144). Vedi Tabella Supplementare A per i dettagli statistici.

Per quanto riguarda i pigmenti fotosintetici, immediatamente dopo l'aggiunta di Glifosato e MPs, si osserva un aumento significativo ( $p=0,000181$ , T-Student) della concentrazione di clorofilla *a* in tutti i campioni analizzati, rispetto alle colture di controllo; nei successivi giorni di trattamento (7-28) le variazioni della concentrazione di clorofilla *a* fluttuano, registrando valori medi con una alta SD e parametri statistici non significativi se confrontati con i valori del controllo nello stesso periodo (Figura 31); a 35 giorni si ha un aumento della concentrazione ( $p=0,001804163$ ; vedi Tabella SupplementareA).

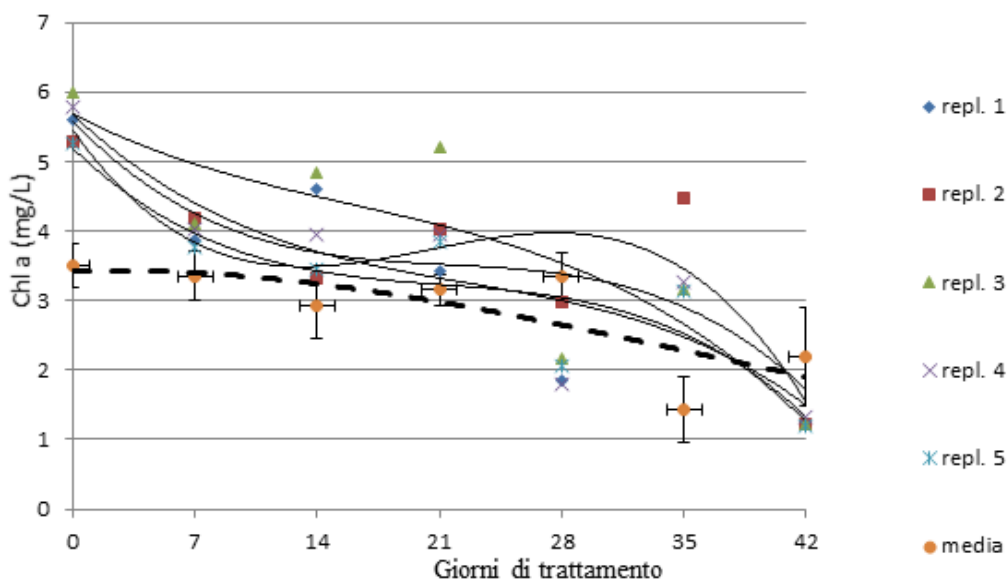


Figura 31. Dinamica della concentrazione della clorofilla *a* in campioni (repl. 1-5) di colture *A. maxima* trattati con 0,2 mM di glifosato e 1,7 g/l MPs per 42 giorni e media dei valori di concentrazione ( $\pm$  SD) dei campioni di controllo. Le linee di regressione (polinomiali di grado 3) sono state calcolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ . La linea tratteggiata corrisponde alla regressione dei valori del controllo. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella SupplementareA. T-Student,  $p=0,00345$  sulla intera matrici di dati.

La concentrazione di carotenoidi nei campioni trattati aumenta significativamente ( $p=0,000562617$ , T-Student) immediatamente dopo l'aggiunta degli inquinanti e dopo 28 giorni di trattamento ( $p=0,000204266$ , T-Student) rispetto al controllo; per il resto del trattamento non presenta variazioni significative rispetto al controllo (Figura 32, vedi Tabella SupplementareA).

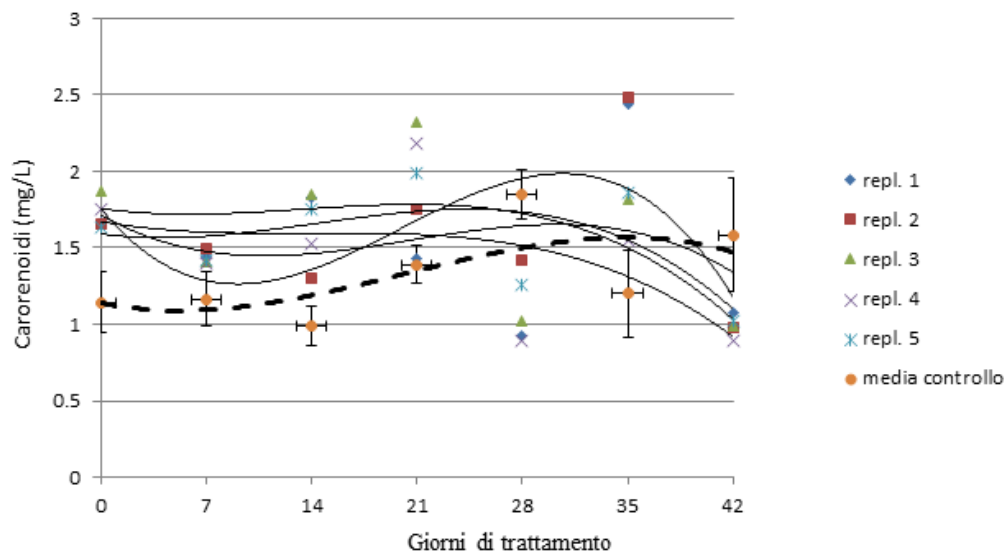


Figura 32. Variazioni della concentrazione dei carotenoidi in campioni (repl. 1-5) di colture *A. maxima* trattati con 0,2 mM di glifosato e 1,7 g/l MPs per 42 giorni; media dei valori ( $\pm$ SD) di concentrazione di campioni di controllo. Le linee di regressione (polinomiali di grado 3) sono state calcolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ . La linea tratteggiata corrisponde alla regressione dei valori medi del controllo. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A. T-Student sulla matrice completa di dati,  $p=0,029788265$ .

La concentrazione della ficocianina, infine, è significativamente affetta dal trattamento con glifosato e MPs. Come si osserva nella Figura 33, in alcuni campioni il contenuto rimane costante, senza significative variazioni rispetto al controllo; Il trattamento, però, causa una drastica riduzione dopo il 21 giorno di trattamento.

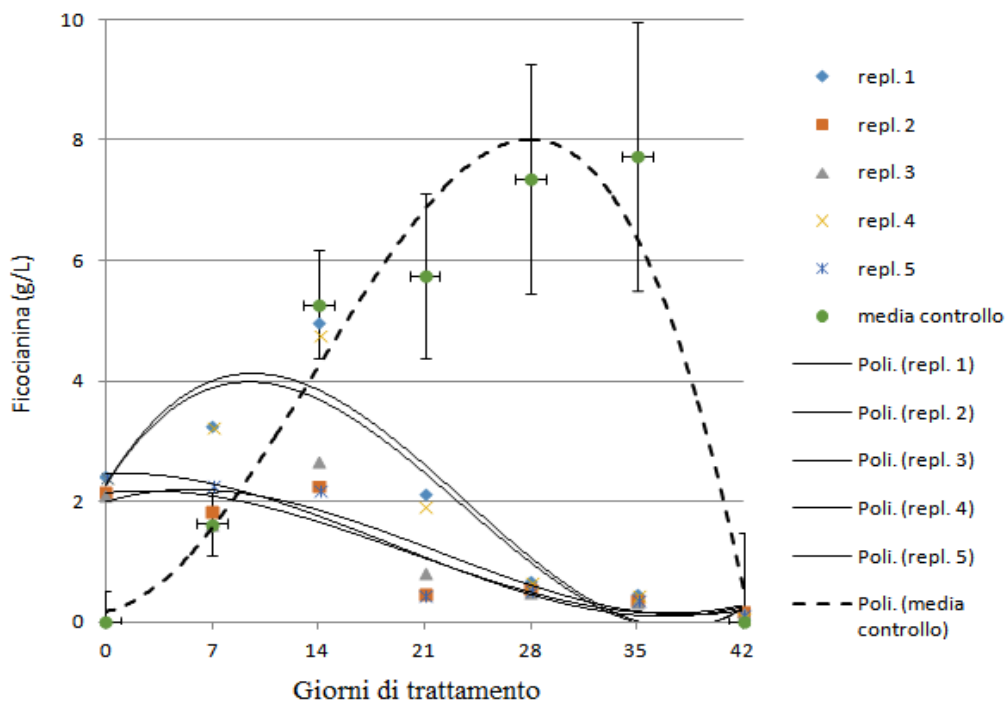


Figura 33. Andamento della concentrazione della ficocianina in campioni (repl. 1-5) di colture *A. maxima* trattati con 0,2 mM di glifosato e 1,7 g/l MPs per 42 giorni. Media dei valori ( $\pm$ SD) di concentrazione di campioni di controllo. Le linee di regressione (esponenziali) sono state calcolate per ciascun gruppo di campioni.  $n=5$ . La linea tratteggiata (regressione di grado 3) è relativa ai valori medi del controllo. I dati e i parametri statistici sono riportati nella Tabella Supplementare A.

5.4 Proteine differenzialmente espresse in colture di *Arthrospira maxima* in seguito a trattamento con glifosato.

Le analisi statistiche di confronto tra gruppi di dati per l'analisi dell'espressione delle proteine è stata eseguita mediante software XLSTAT versione 2021.3.1.1187 (by Addinsoft, Microsoft, USA). La significatività, analizzata mediante analisi Bonferroni, è stata fissata a  $p < 0,05$ .

L'estrazione delle proteine da *A. maxima*, nelle nostre condizioni sperimentali, ha consentito di ottenere rese proteiche molto elevate (maggiori di 60 mg/gr di perso fresco) con elevato grado di purificazione. In Figura 34 è riportato un tipico pattern elettroforetico ottenuto con gli estratti di *A. maxima* in colture di controllo e in colture dopo 21 giorni di trattamento con glifosato.

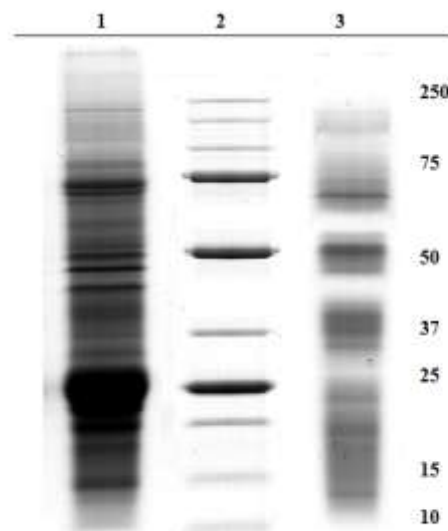


Figura 34. SDS-PAGE di estratti proteici di *A. maxima* di colture di controllo (lane 1) e di colture trattate con 0,2 mM di glifosato per 21 giorni (lane 3). Markers proteici espressi in kDa, Biorad (lane 2).

Come si può osservare, il pattern elettroforetico evidenzia un gran numero di bande polipeptidiche nei campioni di controllo, con una preminente banda con peso molecolare compresa fra i 30 e i 20 kDa. Dopo 21 giorni di trattamento con glifosato 0,2 mM, la concentrazione proteica in tutti i campioni trattati è stata estremamente bassa (meno di 0,1 mg/gr di peso fresco) e il cui profilo elettroforetico mostra poche bande polipeptidiche e l'assenza della banda prominente (Figura34, lane 3). A seguito della in *gel digestion* degli estratti proteici dai campioni trattati dopo 28, 35 e 42 giorni non sono stati prodotti digeriti

triptici identificabili all'analisi in spettrometria di massa; pertanto l'analisi proteomica è stata condotta fino al 21° giorno di trattamento con glifosato.

Dalle analisi in spettrometria di massa e bioinformatica degli estratti proteici dei campioni di *A. maxima* sono state identificate 660 proteine comuni sia ai campioni delle colture trattate con glifosato che a quelle di controllo (vedi Tabella Supplementare B). L'analisi semiquantitativa mediante *spectral counting*, ha restituito valori di espressione differenziale di diversa significatività in funzione del trattamento e dei tempi di prelievo. Tra le proteine identificate, 143 risultano differenzialmente espresse con elevata significatività (**\*\*\*p<0,0001**; XLSTAT 2021.3.1.1187 - *Differential expression feature*) nei campioni trattati rispetto al controllo; altre 67 risultano differenzialmente espresse con **\*\*\*p = 0,0002**. Le restanti presentano livelli di espressione differenziale con **0,009 <\*\*\*p < 0,001** (53 proteine) e con **0,001 <\*p < 0,049** (40 proteine). Le restanti 357 non hanno variazioni di espressione significative.

In Figura 35 è riportata la distribuzione statistica delle proteine in funzione della loro frequenza per ciascun range di p values; come si può osservare 303 proteine si distribuiscono in un range di p-value molto significativo.

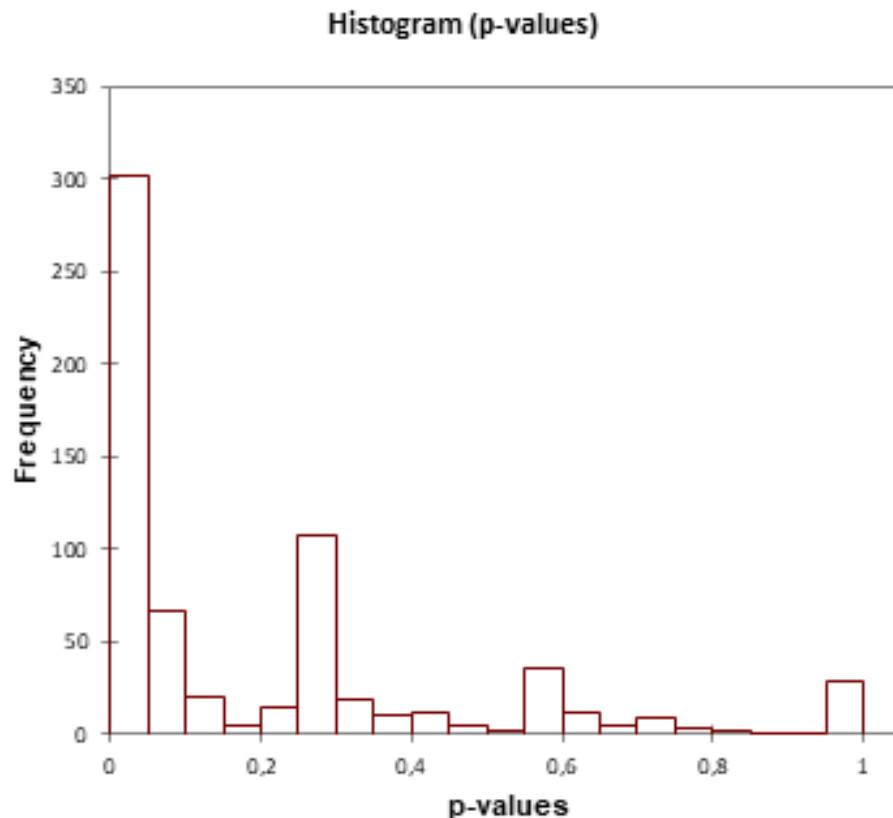


Figura 35. Istogrammi di distribuzione delle proteine differenzialmente espresse nei campioni di *A. maxima* trattati con glifosato rispetto alle colture di controllo nel range di p-values. XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression feature.

Il grafico a dispersione Volcano plot (Figura 36) mostra la significatività statistica (valori di p) rispetto all'entità del Fold Change (FC) del set di proteine differenzialmente espresse nei campioni trattati rispetto al controllo. Questo grafico consente di identificare visivamente le proteine che hanno un FC ampiamente significativo e che sono anche statisticamente significative. Nel diagramma, le proteine più *sovraregolate* sono distribuite sul lato destro, le proteine più *sottoregolate* sono distribuite a sinistra e le proteine più statisticamente significative sono nella parte alta del grafico. Come si può dedurre dal grafico, la maggior parte delle proteine, differenzialmente espresse, sono sottoregolate con valori fino a  $-2,8 \text{ LogFC}$ ; inoltre, i pattern di espressione sono molto significativi per cinque di queste proteine (i punti in alto a sinistra del grafico).

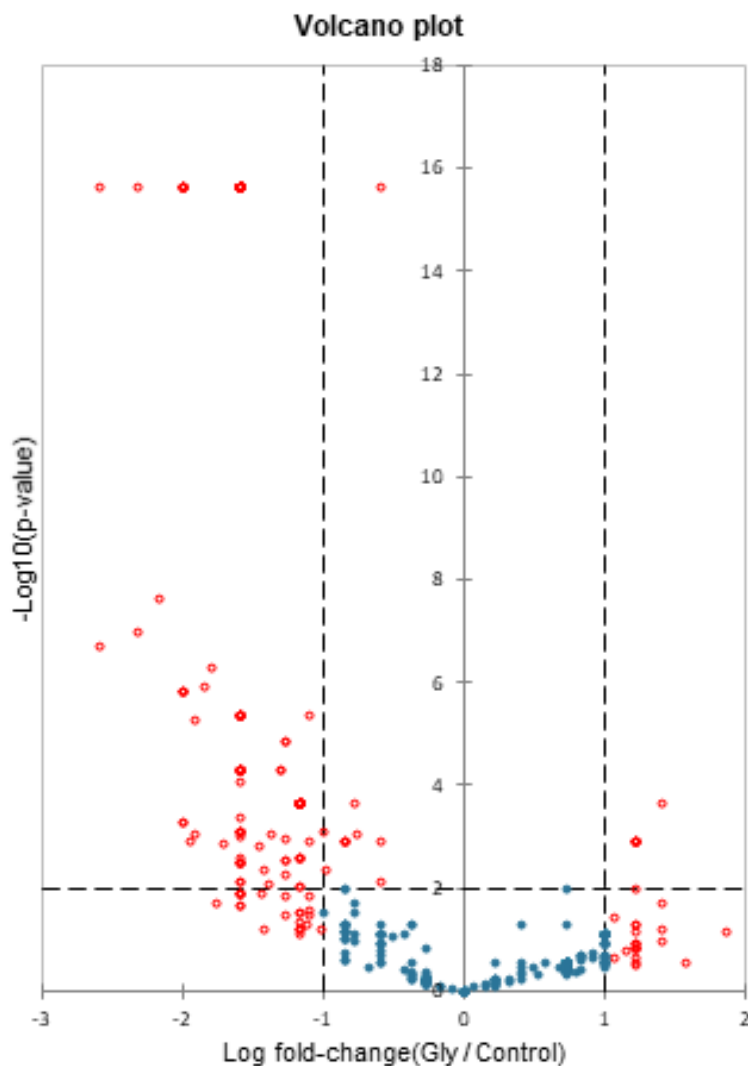


Figura 36. Volcano plot che visualizza e identifica le variazioni dell'espressione proteica statisticamente significative nei campioni di *A. maxima* trattati con 0,2 mM glifosato e campioni di controllo in termini di variazione del Log FC (asse X) e del p-value (asse Y). XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression feature. I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare D.

La dinamica dei livelli di espressione delle proteine nei vari tempi durante il trattamento con glifosato è stata valutata e visualizzata mediante la Heat Map come riportato in Figura 37.

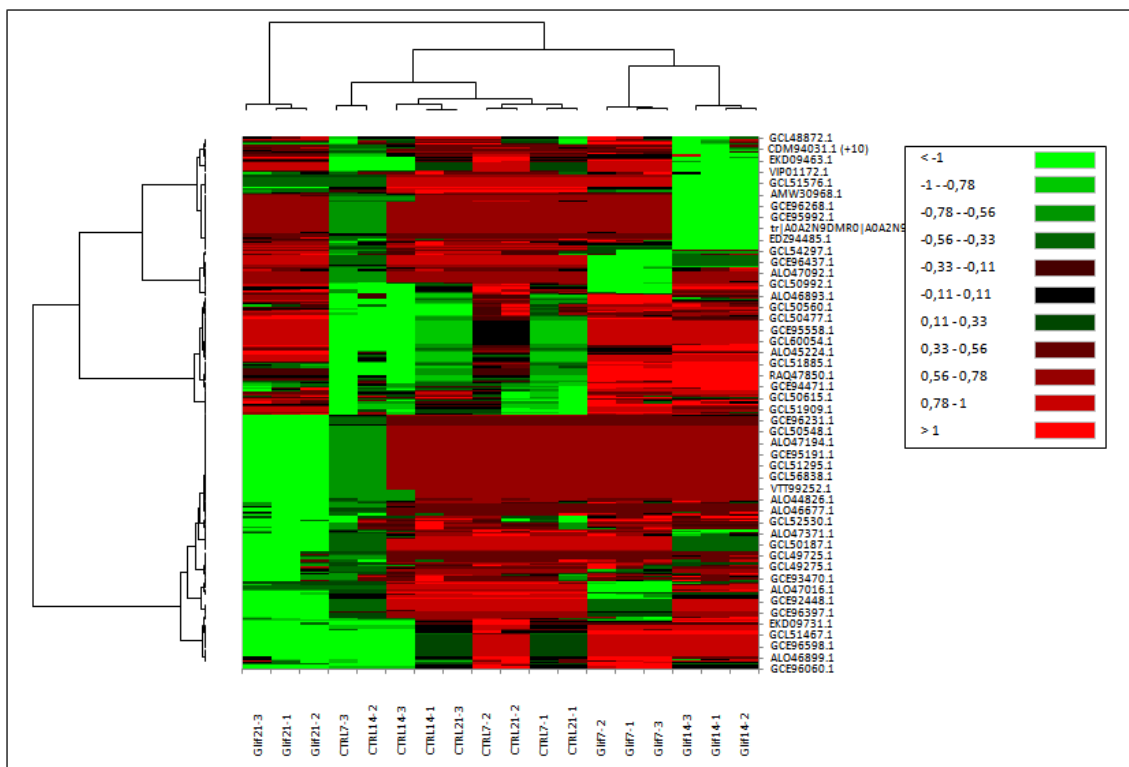


Figura 37. Heat map delle proteine differenzialmente espresse in campioni di *A. maxima* trattati con 0,2 mM glifosato rispetto alle colture di controllo ai vari tempi di campionamento. I valori di espressione delle proteine sono stati normalizzati in  $\log_2$  e l'analisi dei cluster è stata eseguita utilizzando i livelli di FC per le proteine con  $p < 0,05$ . Il rosso indica un alto livello di espressione; il verde indica un livello di espressione basso (XLSTAT 2021.3.1.1187 – Heat maps features). I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare C.

Come si può osservare nella Figura 37, le repliche biologiche dei campioni trattati con glifosato ai vari tempi di campionamento si collocano nel medesimo cluster, un dato che evidenzia la coerenza del pattern di espressione della maggioranza delle proteine analizzate. Questo non si evidenzia nei campioni di controllo, nei quali i campioni a 7 e 14 giorni e quelli a 4, 21 e 7 giorni clusterizzano insieme, evidenziando variazioni del pattern di espressione della maggioranza delle proteine durante i giorni di coltura.

A 7 giorni di trattamento la maggioranza delle proteine risulta non variare significativamente rispetto al controllo con valori di  $\text{LgFC}$  tra 0,11 e 0,78; da evidenziare la sottoregolazione di un gruppo di proteine con valori di  $\text{LogFC} < -1$ . A 14 giorni di trattamento la percentuale di proteine sottoregolate con  $\text{LogFC} < -1$  aumenta, e a 21 giorni la metà delle proteine risulta sottoespressa rispetto al rispettivo controllo con valori di  $\text{LogFC} < -1$ .

In Figura 38 sono riportati i principali metabolismi a cui appartengono le proteine identificate nel controllo e le loro relative abbondanze.



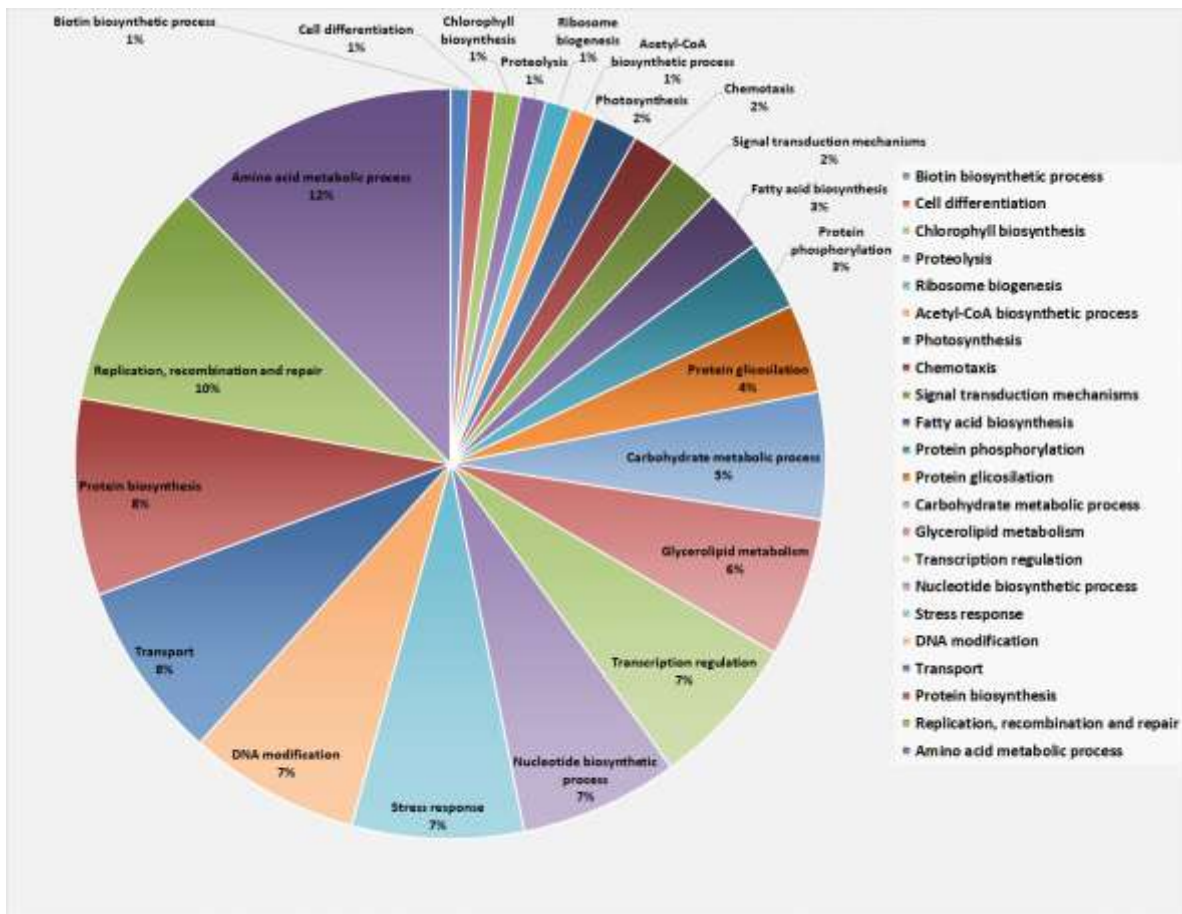


Figura 38. Pathways metabolici a cui appartengono le proteine maggiormente espresse in colture di controllo di *A. maxima*, riportate come percentuale delle proteine assegnate a ciascun pathway. Analisi condotta attraverso il software Scaffold 4.8 Q+S e GO analysis (<http://geneontology.org/>).

Le proteine identificate in colture di controllo di *A. maxima* appartengono per il 12 % al metabolismo degli aminoacidi, per il 10 % a replicazione, ricombinazione e repair, per il 9 % alla biosintesi delle proteine e per l'8 % ai meccanismi di trasporto. Altri metabolismi quali Modifiche del DNA, Risposta allo stress, Biosintesi dei nucleotidi, Regolazione della trascrizione corrispondono al 7% delle proteine identificate rispettivamente; il metabolismo dei Glicerolipidi, dei Carboidrati e della Glicosilazione delle proteine interessa il 6 %, il 5 % e il 3% rispettivamente. Le restanti proteine si suddividono in numerosi altri pathways come illustrato in Figura 38.

Nei campioni trattati con 0,2 mM Glifosato l'analisi funzionale nei primi 14 giorni di trattamento non ha dato differenze significative rispetto al controllo; dopo 21 giorni si sono evidenziate differenze significative per quanto riguarda i processi metabolici che sono riportati nella Figura 39.

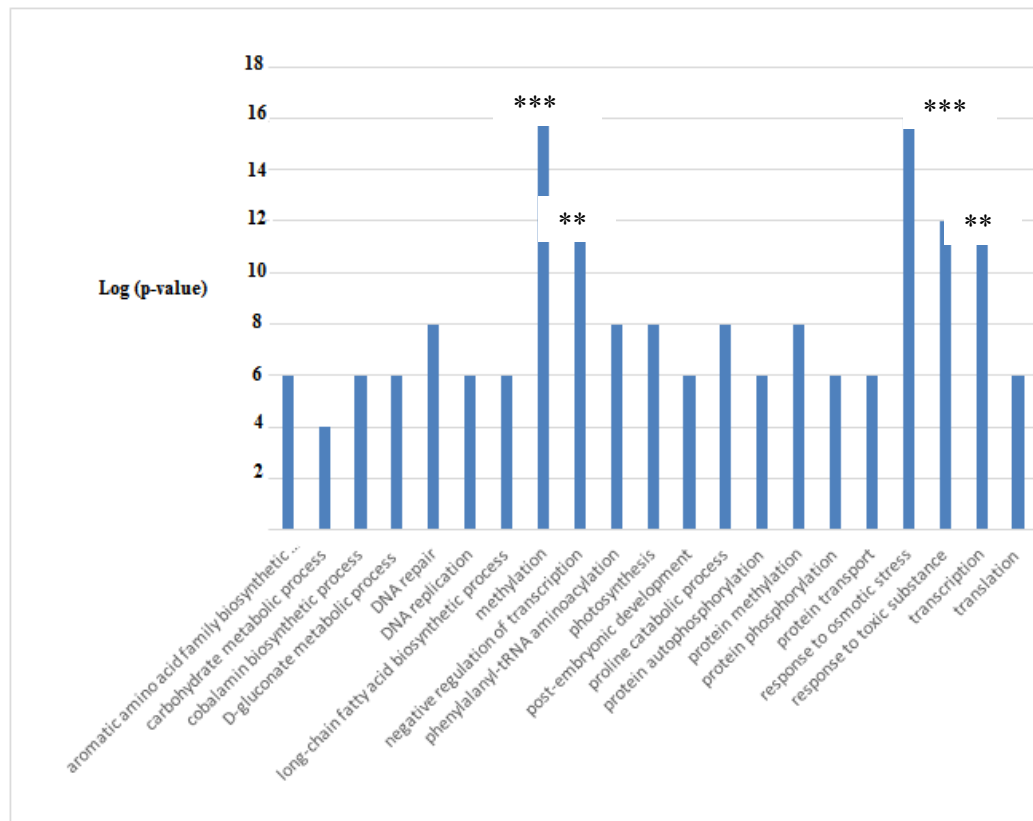


Figura 39. Analisi GO. Box plot dell'analisi dell'annotazione funzionale in campioni di *A. maxima* dopo 21 giorni di trattamento con 0,2 mM glifosato, per esaminare l'arricchimento di GO delle proteine con valori di  $p < 0,05$ . I dati presentati sono valori di  $p$  trasformati in log (corretti con FDR) di termini GO o percorsi KEGG (KG) che sono risultati arricchiti nel gruppo di proteine testate. \*\*\*  $p < 0,0001$ ; \*\*  $p < 0,001$ . Il resto dei dati rappresentati ha \* $p < 0,05$ ). I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare E.

L'analisi funzionale ha evidenziato delle variazioni molto significative del metabolismo correlato alla Metilazione del DNA (sottoregolato) e alla Risposta da Stress Osmotico (sovraregolato); risultano significativamente sovraregolati anche i metabolismi della Risposta a Sostanze Tossiche e la Trascrizione; i restanti metabolismi risultano tutti sottoregolati con significatività  $p < 0,05$ .

### 5.5 Proteine differenzialmente espresse in colture di *Arthrospira maxima* in seguito a trattamento con glifosato e microplastiche.

Dalle analisi in spettrometria di massa e bioinformatica degli estratti proteici dei campioni di *A. maxima* sono state identificate 435 proteine, non tutte comuni ai campioni delle colture trattate con 0,2 mM glifosato e 1,7 g/l MPs che a quelle di controllo (vedi Tabella Supplementare F). L'analisi semiquantitativa mediante *spectral counting*, ha restituito valori di espressione differenziale di diversa significatività in funzione del trattamento e dei tempi di prelievo. Tra le proteine identificate, solo 12 risultano

differenzialmente espresse con elevata significatività (**\*\*\*p<0,0007**; XLSTAT 2021.3.1.1187 - *Differential expression feature*) nei campioni trattati rispetto al controllo; altre 28 risultano differenzialmente espresse con **\*\*p < 0,005**. Le restanti presentano livelli di espressione differenziale **\*p < 0,05**(99 proteine). Le restanti proteine non hanno variazioni di espressione significative.

In Figura 40 è riportata la distribuzione delle proteine in funzione della loro frequenza per ciascun range di p values; come si può osservare solo 80 proteine si distribuiscono in un range di p-values molto significativi.

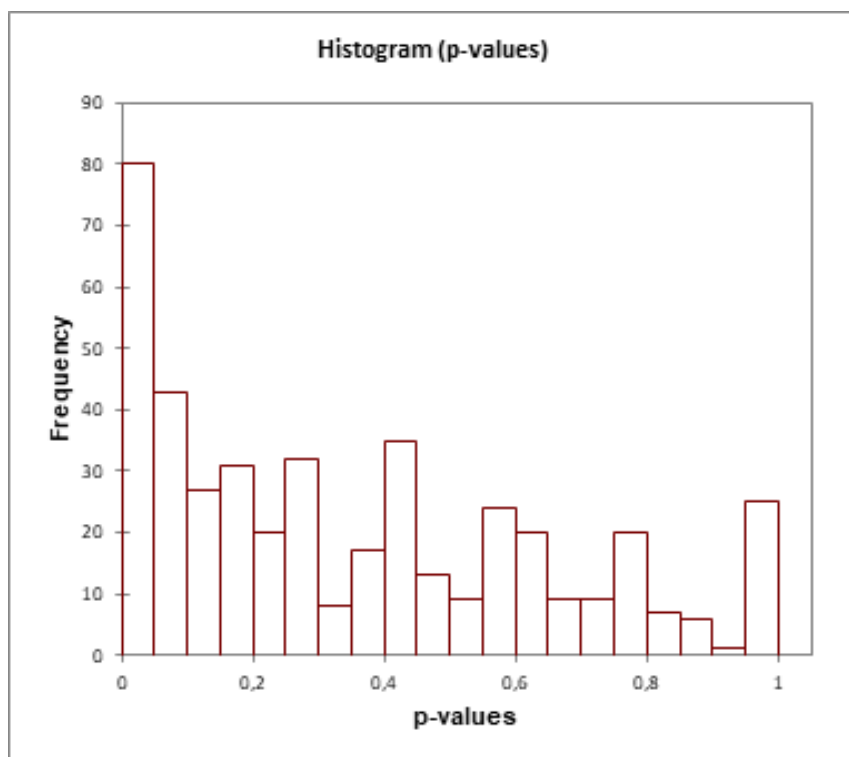


Figura 40. Istogrammi di distribuzione delle proteine differenzialmente espresse nei campioni di *A. maxima* trattati con glifosato e MPs rispetto alle colture di controllo nel range di p-values. XLSTAT 2021.3.1.1187 - *Differential expression feature*.). I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare G.

Il grafico a dispersione Volcano plot (Figura 41) mostra la significatività statistica (valori di p) rispetto all'entità del Fold Change (FC) del set di proteine differenzialmente espresse nei campioni trattati rispetto al controllo. Come si può dedurre dal grafico, le proteine si distribuiscono uniformemente tra i due lati del grafico, indicando un numero comparabile di proteine sovraregolate e sottoregolate; inoltre, i pattern di espressione sono molto significativi per sette di queste proteine (i punti in alto a sinistra e destra del grafico).

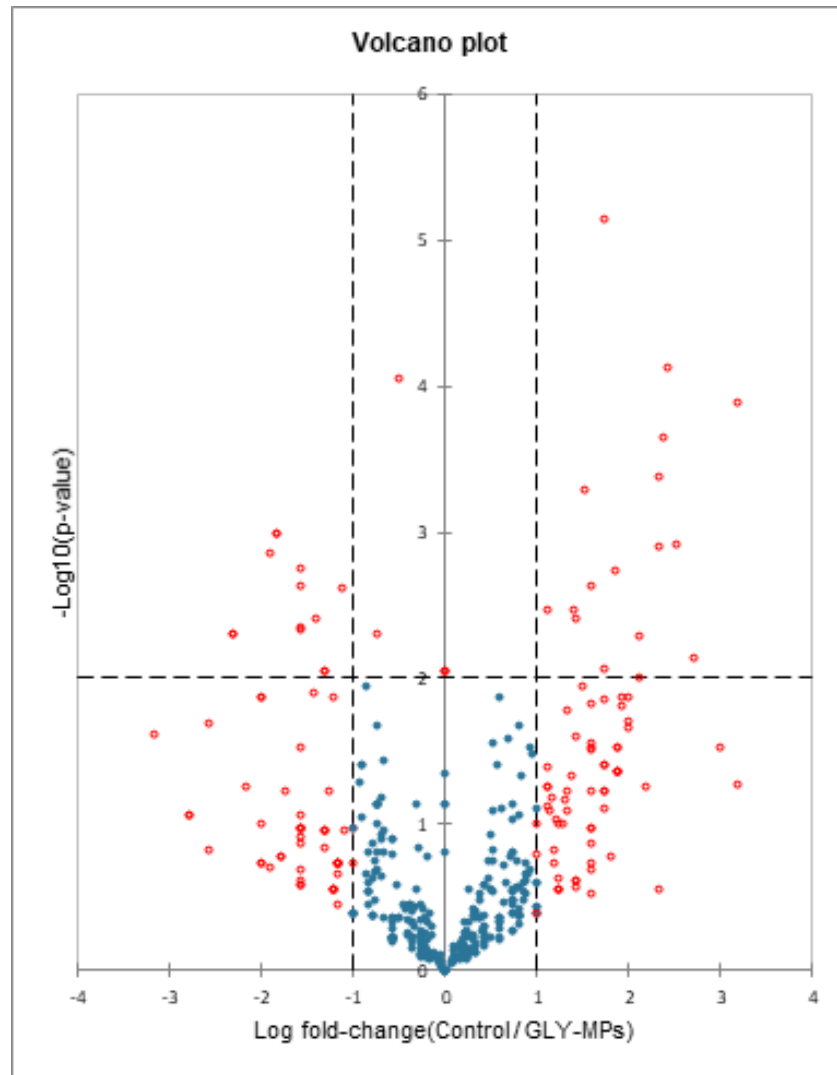


Figura 41. Volcano plot che visualizza e identifica le variazioni dell'espressione proteica statisticamente significative nei campioni di *A. maxima* trattati con 0,2 mM glifosato e campioni di controllo in termini di variazione del Log FC (asse X) e del p-value (asse Y). XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression feature. I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare G.

La dinamica dei livelli di espressione delle proteine nei vari tempi durante il trattamento con glifosato è stata valutata e visualizzata mediante la Heat Map in Figura 42.

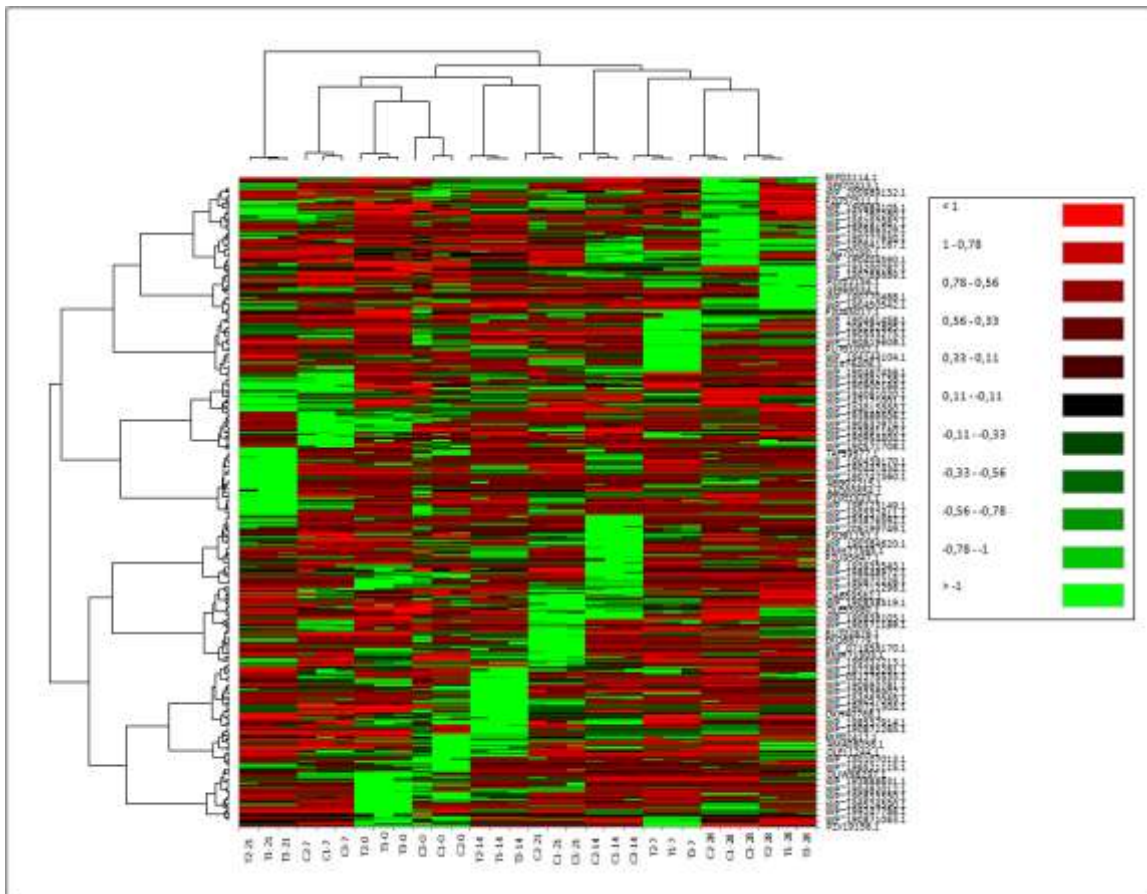


Figura 42. Heat map delle proteine differenzialmente espresse in campioni di *A. maxima* trattati con 0,2 mM glifosato e 1,7 g/l MPS, rispetto alle colture di controllo ai vari tempi di campionamento. I valori di espressione delle proteine sono stati normalizzati in log2 e l'analisi dei cluster è stata eseguita utilizzando i livelli di FC per le proteine con  $p < 0,05$ . Il rosso indica un alto livello di espressione; il verde indica un livello di espressione basso (XLSTAT 2021.3.1.1187 – Heat maps features). I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare H (nell'asse x, C=campioni di controllo; T= campioni trattati).

Come si può osservare, la dinamica di espressione nei campioni analizzati è molto variabile nel corso del trattamento e anche nei campioni di controllo, con un ampio numero di proteine sottoregolate sia nei trattati che nel controllo. Le repliche biologiche dei campioni trattati con glifosato e MPs e di controllo clusterizzano in funzione dei tempi di campionamento, un dato che evidenzia la coerenza del pattern di espressione della maggioranza delle proteine analizzate.

Nei campioni trattati con Glifosato e MPs l'analisi funzionale nei primi 14 giorni di trattamento non ha dato differenze significative rispetto al controllo; dopo 28 giorni si sono evidenziate differenze significative per quanto riguarda i processi metabolici che sono riportati nella Figura 43.

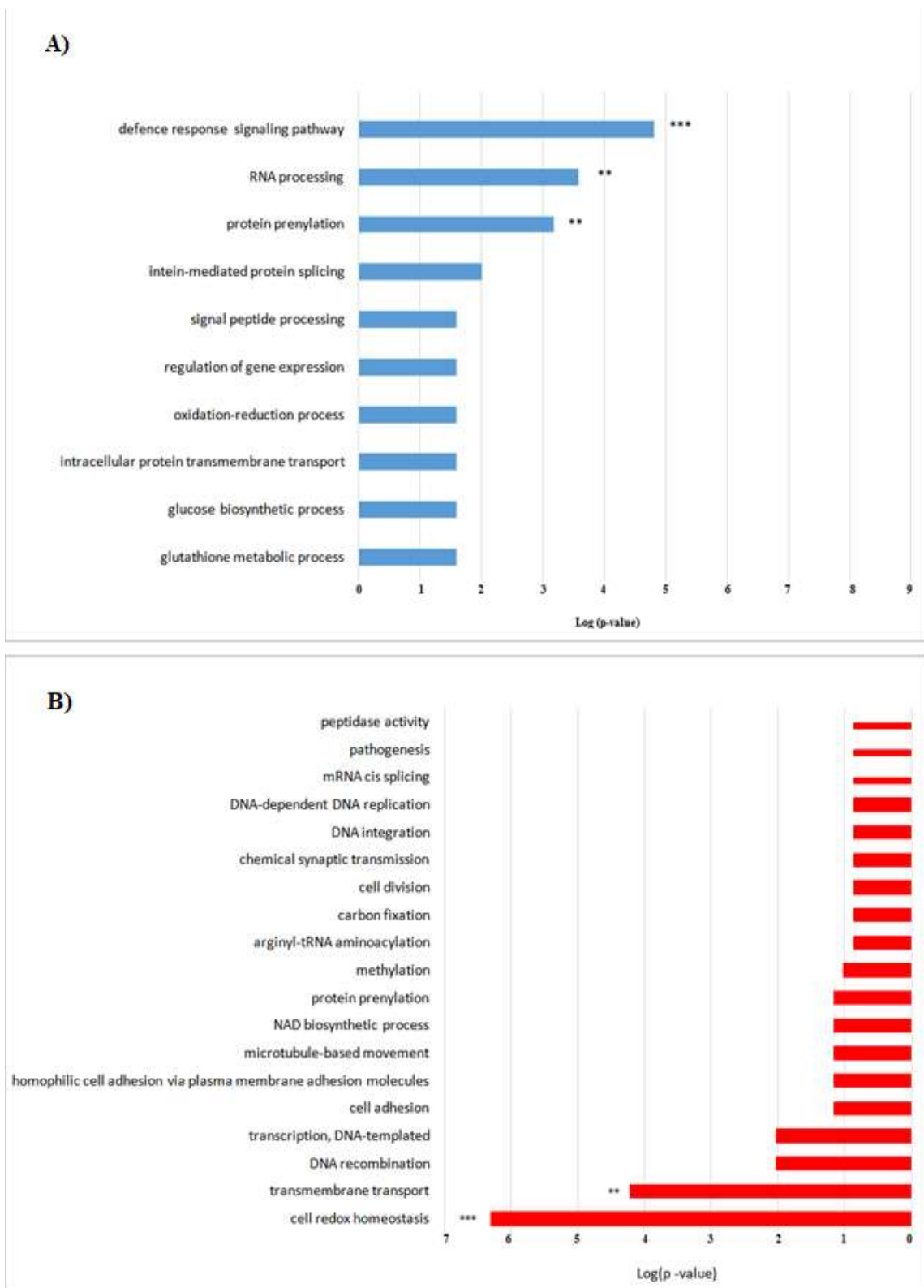


Figura 43. Analisi GO. Box plot dell'analisi dell'annotazione funzionale in campioni di *A. maxima* dopo 28 giorni di trattamento con 0,2 mM glifosato e 1,7 g/l MPs, per esaminare l'arricchimento di A) GO delle proteine con valori di  $p < 0,05$  sovraregolate nei trattati, B) GO delle proteine con valori di  $p < 0,05$  sottoregolate nei trattati. I dati presentati sono valori di  $p$  trasformati in log (corretti con FDR) di termini GO o percorsi KEGG (KG) che sono risultati arricchiti nel gruppo di proteine testate. \*\*\*  $p < 0,0001$ ; \*\*  $p < 0,001$ . Il resto dei dati rappresentati ha  $*p < 0,05$ . I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare I.

L'analisi funzionale ha evidenziato delle variazioni molto significative del metabolismo correlato al Signaling nella Risposta di difesa, al Processamento dell'RNA e alla Prenilazione delle proteine (sovraregolati); i restanti metabolismi risultano tutti sovra regolati con significatività  $p < 0,05$  (Figura 43 A). Risultano significativamente sottoregolati anche i metabolismi della Omeostasi Redox cellulare, del Trasporto transmembrana e la Trascrizione; i restanti metabolismi risultano tutti sottoregolati con significatività  $p < 0,05$  (Figura 43 B).

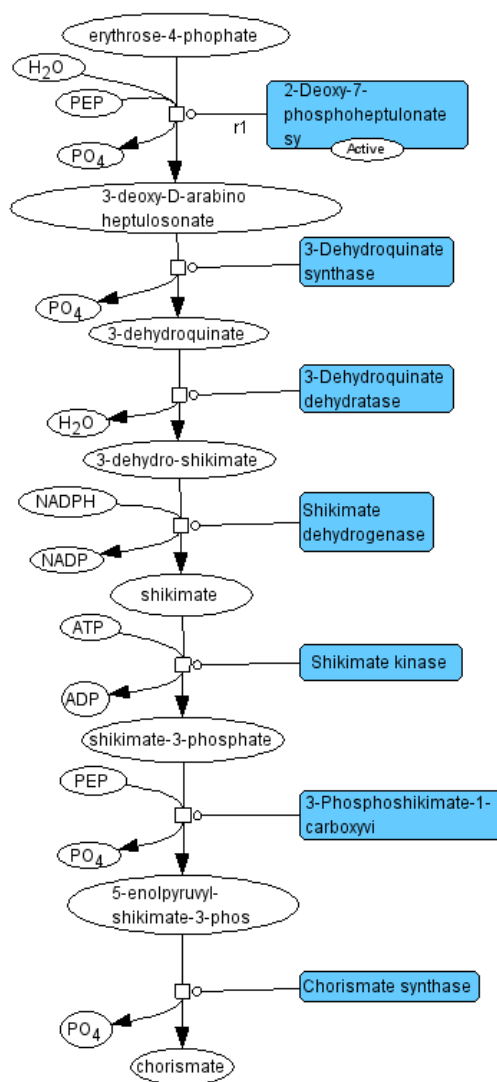


Figura 44. Pathway enzimatico della via dello shikimate. In rosso gli enzimi EPSPS e Corismato sintasi (Mi et al., 2010).

### 5.6 Analisi dell'espressione dell'enzima 5-enolpiruvil-shikimate-3-fosfato sintasi (EPSPS)



Al fine di verificare le variazioni dei livelli di espressione dell'enzima *EPSPS* (EC 2.5.1.19), sono state allestite ulteriori colture di *A. maxima* di controllo e colture trattate con glifosato e microplastiche alle stesse concentrazioni e condizioni.

L'analisi in spettrometria di massa degli estratti proteici e l'analisi bioinformatica basata su tutte le sequenze di due enzimi chiave della via biosintetica dell'acido shikimico (Figura 44), l'*EPSPS* e la *Corismato sintasi* (EC 4.2.3.5) depositate in Uniprot scaricate in data 24/04/2021, hanno permesso di identificare 22 IDs per l' *EPSPS* e 21 IDs per la *Corismato sintasi* in tutti i campioni analizzati.

Nella Tabella 3 sono dettagliate le IDs identificate per ciascuna replica biologica di colture trattate con glifosato e microplastiche.

*Tabella 3. Tabella. Accession number IDs degli enzimi 3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase (EPSPS) e Corismato sintasi identificati nei campioni trattati con Glifosato e microplastiche e differenzialmente espressi nei campioni di controllo, organismo da cui sono stati identificati\* e peso molecolare di ciascuna proteina.*

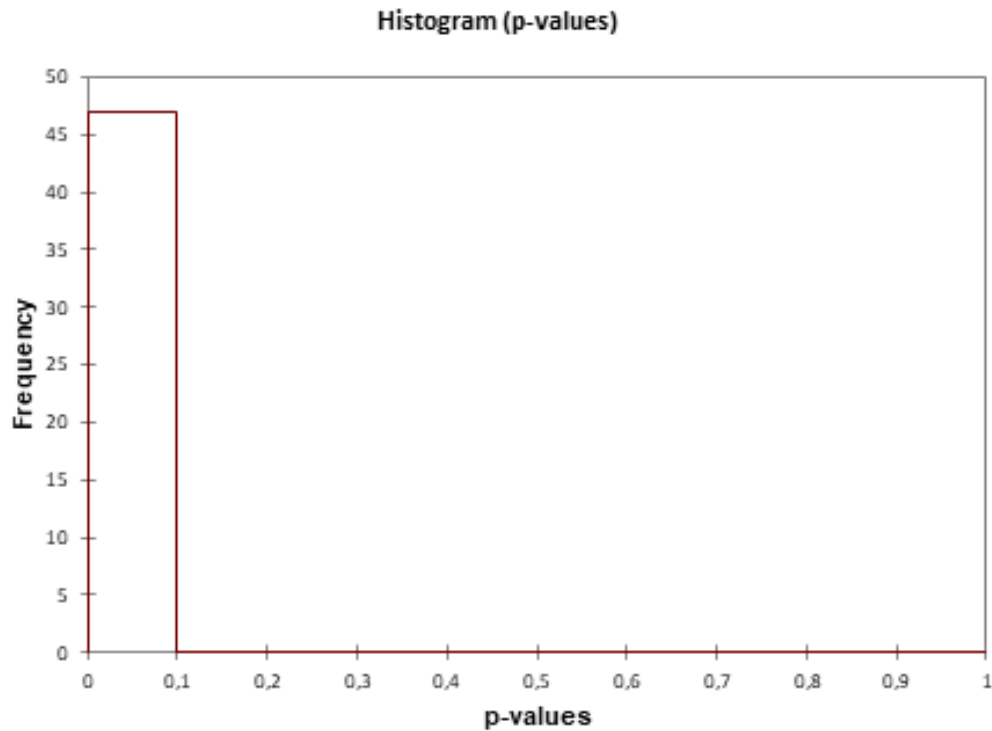
	Accession Number ID	Identified Proteins	Alternate ID	Organism	Molecular Weight
biological replicate 1	A0A3D0SGP0	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11991	46 kDa
	A0A5M4D3E7	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11992	52 kDa
	A0A349HYN1	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11993	38 kDa
	A0A3D0SKF1	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11994	38 kDa
	A0A1Z9JJ68	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11995	38 kDa
	A0A3M1KWS9	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11996	39 kDa
	A0A353QXV2	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11997	46 kDa
	A0A3M1T3J5	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11998	39 kDa
	A0A5M4D0X9	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11999	42 kDa
	A0A351L8S8	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA12000	39 kDa
	Q2JXD0	Chorismate synthase	aroC	Synechococcus sp. (strain JA-3-3Ab)	40 kDa
	A0A349HX20	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA12000	46 kDa
	A0A355ULH0	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA12001	45 kDa
	A0A2T2RE12	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA12002	41 kDa
	A0A2T2RU64	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA12003	41 kDa
	biological replicate 2	A0A359BK59	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11440
A0A3M2FMT8		Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium J003	39 kDa
A0A359BJK3		EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11440	47 kDa
A0A353WLA5		Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA9579	44 kDa



A0A3M1KU44	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium J083	47 kDa
A0A357A4A6	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11691	48 kDa
A0A2T2R9G2	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58	48 kDa
A0A3M0YJT8	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium J149	39 kDa
A0A3M2G9N9	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium J007	48 kDa
A0A1Z9JHE9	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium TMED177	46 kDa
A0A2T2S2G2	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium QS_8_64_29	48 kDa
A0A1Q7ZAR7	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4	39 kDa
A0A351L5P3	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11371	48 kDa
A0A3C1M158	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA8156	39 kDa
Q2JLV2	EPSPS	aroA	Synechococcus sp. (strain JA-2-3B'a(2-13))	47 kDa
A0A3M2GCR5	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium J007	40 kDa
A0A3M1SNT3	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium J055	48 kDa
A0A2N5JQ00	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium M5B4	39 kDa
A0A3M2FSH8	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium J003	47 kDa
A0A2T2RNU8	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium QH_9_48_43	48 kDa
A0A2T2S2N8	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium QS_8_64_29	40 kDa
A0A350Y9P9	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11370	48 kDa
A0A2N5JSY2	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium M5B4	44 kDa
A0A352XCJ5	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11367	47 kDa
A0A352AGQ3	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA9273	39 kDa
A0A3M0YJ25	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium J149 OX	47 kDa
A0A3M1PBC8	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium J069	39 kDa
A0A350YGB3	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA11370	39 kDa
A0A3C0NDG2	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA8543	47 kDa
Q2JLD4	Chorismate synthase	aroC	Synechococcus sp. (strain JA-2-3B'a(2-13))	40 kDa
A0A3B8JRQ9	Chorismate synthase	aroC	Cyanobacteria bacterium UBA8553	39 kDa
A0A355DNL9	EPSPS	aroA	Cyanobacteria bacterium UBA11162	48 kDa

\* Tutte le sequenze proteiche degli enzimi EPSPS e Corismato sintasi sono state scaricate da Uniprot (Taxonomy=Cyanobacteria spp) e assemblate per costruire un database locale per l'identificazione dei due enzimi nei campioni di *A. maxima*

L'analisi semiquantitativa mediante *spectral counting*, ha restituito valori di espressione differenziale dei due enzimi in funzione del trattamento e dei tempi di prelievo con elevata significatività (\*\***p**<**0,0001**; XLSTAT 2021.3.1.1187 - *Differential expression feature*) come si può osservare nella Figura 45, in cui tutti e 47 le IDs si distribuiscono in un unico istogramma nel range di p-value altamente significativi.



*Figura 45. Istogrammi di distribuzione degli Enzimi EPSPS e Corismato sintasi differenzialmente espresse nei campioni di *A. maxima* trattati con glifosato e MPs rispetto alle colture di controllo nel range di p-values. (XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression feature. Tabella Supplementare N).*

La dinamica dei livelli di espressione dei due enzimi nei vari tempi durante il trattamento con glifosato e MPs è stata valutata e visualizzata mediante la Heat Map in Figura 46.

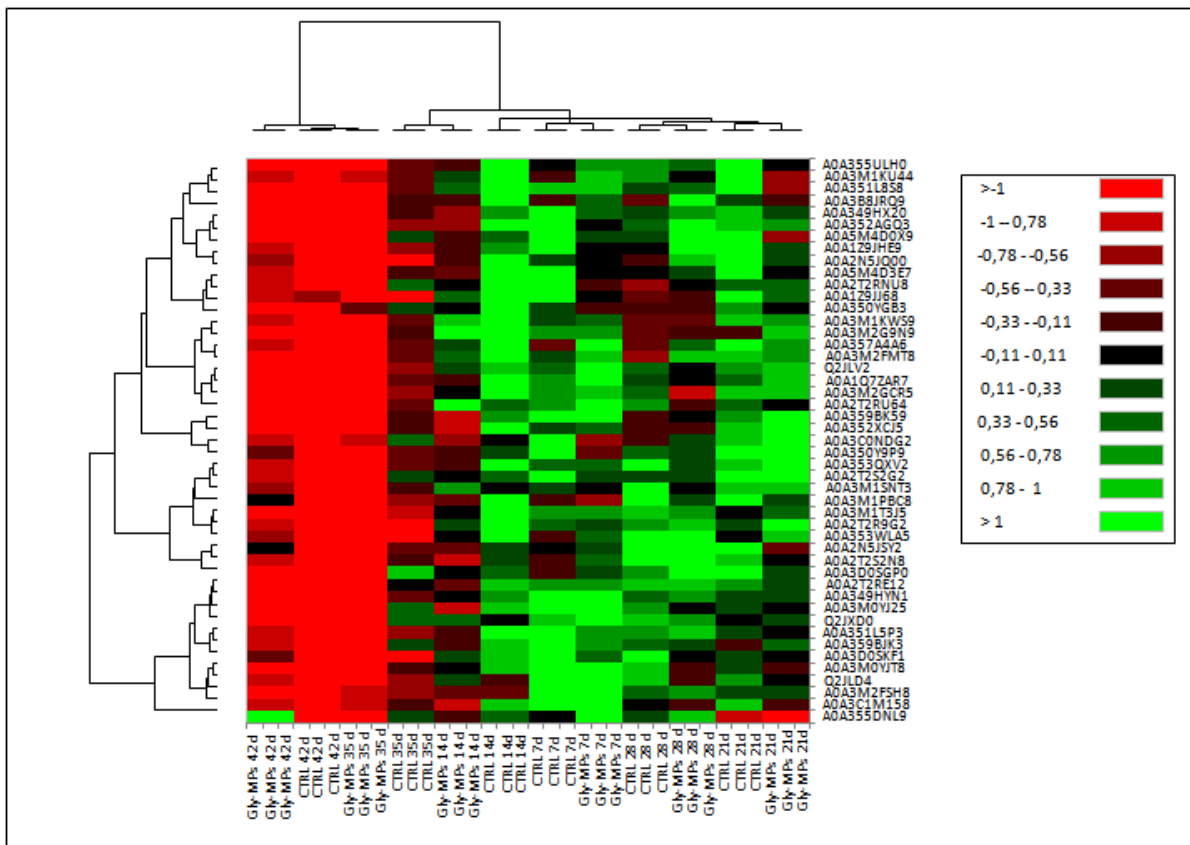


Figura 46. Heat map degli enzimi EPSPS e Corismato sintasi differenzialmente espressi in campioni di *A. maxima* trattati con 0,2 mM glifosato e 1,7 g/l MPS, rispetto alle colture di controllo ai vari tempi di campionamento. I valori di espressione delle proteine sono stati normalizzati in log2 e l'analisi dei cluster è stata eseguita utilizzando i livelli di FC per le proteine con  $p < 0,05$ . Il rosso indica una sottoespressione; il verde indica una sovraespressione (XLSTAT 2021.3.1.1187 – Heat maps features). I dettagli dell'analisi sono riportati nella Tabella Supplementare M-N.

Nei primi 7 giorni di trattamento entrambi i livelli di molte IDs degli enzimi risultano sovregolati rispetto al controllo, altri sono lievemente sotto regolati. Dopo 14 giorni di trattamento i livelli di espressione di quasi tutti gli IDs sono debolmente sotto regolati o invariati rispetto al controllo; al 35 e 42 giorno di trattamento quasi tutte le IDs identificate per i due enzimi sono significativamente sotto regolate rispetto ai precedenti prelievi, ma non rispetto al controllo che presenta, infatti, sotto regolazione di tutte le IDs a 42 giorni di coltura.

5.7 Separazione e concentrazione della ficocianina estratta da *A. maxima* con tecnologia a membrana

5.7.1 Time-course dell'estrazione della ficocianina con ultrasuoni

Il metodo di estrazione della ficocianina riportato nel paragrafo 4.4 è stato selezionato dopo una serie di prove sperimentali che sono descritte in questo paragrafo.

In generale, il metodo di estrazione è la chiave per il massimo recupero di concentrazione di ficocianina dal cianobatterio. Considerando gli usi della C-ficocianina a scopi alimentari che l'azienda OILFOX Italia (BIORISI) vuole utilizzare, lo scopo era di valutare l'ottimizzazione del metodo di estrazione della ficocianina sviluppata nel primo anno di dottorato (Vonshaket al., 1997, Silveira et al., 2006). Per ottimizzare l'estrazione i campioni di biomassa secca e umida di *Arthrospira maxima* sono stati disciolti in acqua e trattati con ultrasuoni a diversi tempi di esposizione (30 min; 1h; 1.30 h; 3 h e 8 h) a una potenza costante di 300 kHz (Figura 47).

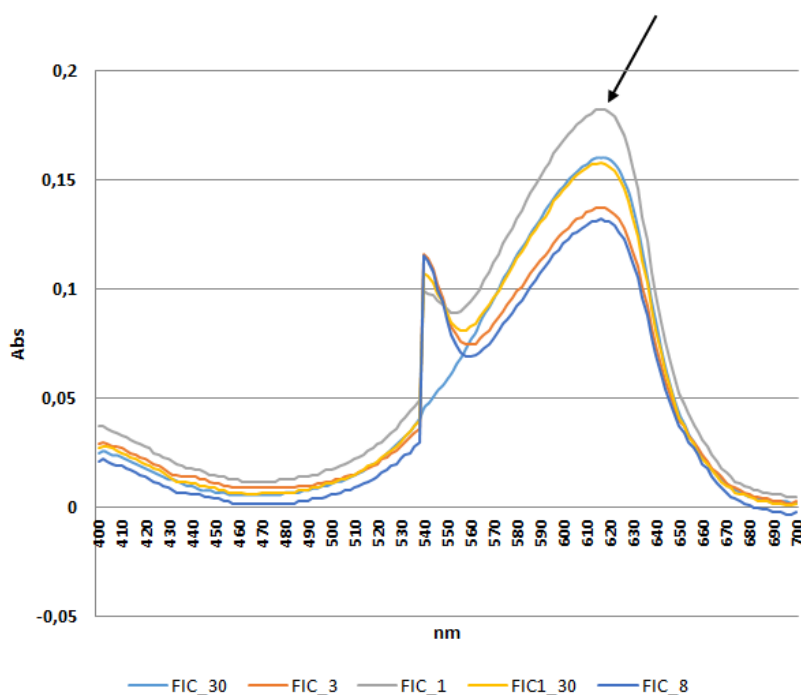


Figura 47. Estrazione della Ficocianina con UltraSuoni con tempi di 30min, 1h, 3h, 8h

I risultati del trattamento con ultrasuoni ci hanno permesso di evidenziare una migliore estrazione della ficocianina entro la prima ora di trattamento come si evince nella Figura 48 che mostra la concentrazione della ficocianina in base al tempo di estrazione.

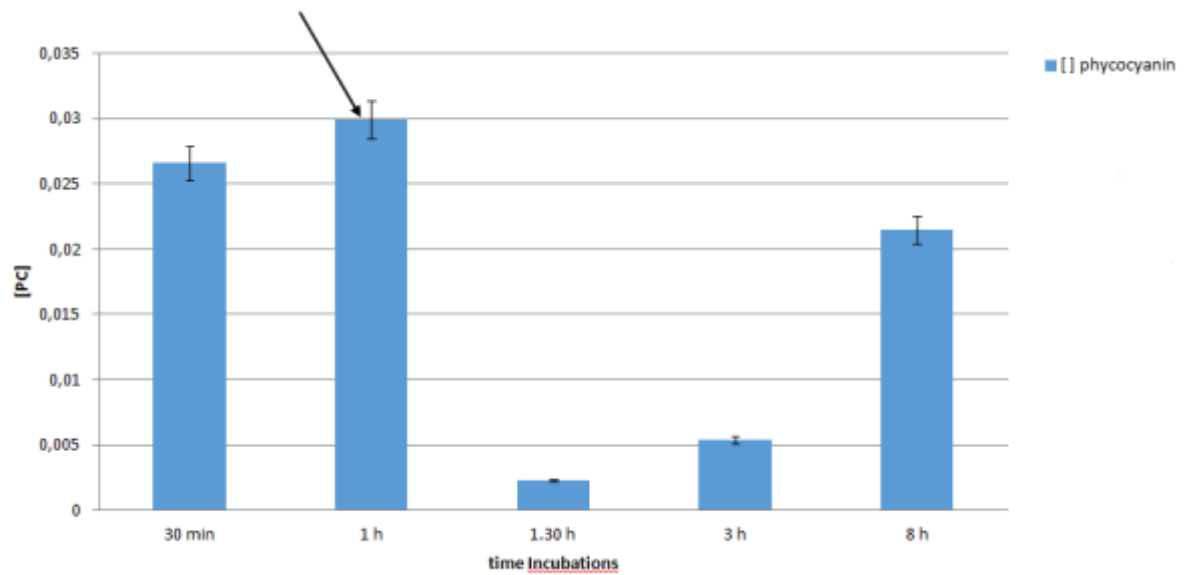


Figura 48. Concentrazione della Ficocianina estratta con Ultrasuoni con tempi di 30min,1h,3h,8h.

Inoltre sono state effettuate tecniche combinate di metodiche ad ultrasuoni e congelamento/scongelo; come mostrato nella figura seguente il confronto tra il protocollo di estrazione della biomassa secca congelata della spirulina e il protocollo di estrazione ad ultrasuoni, dopo un'ora di trattamento mostra ancora una volta ottimi risultati (Figura 49).

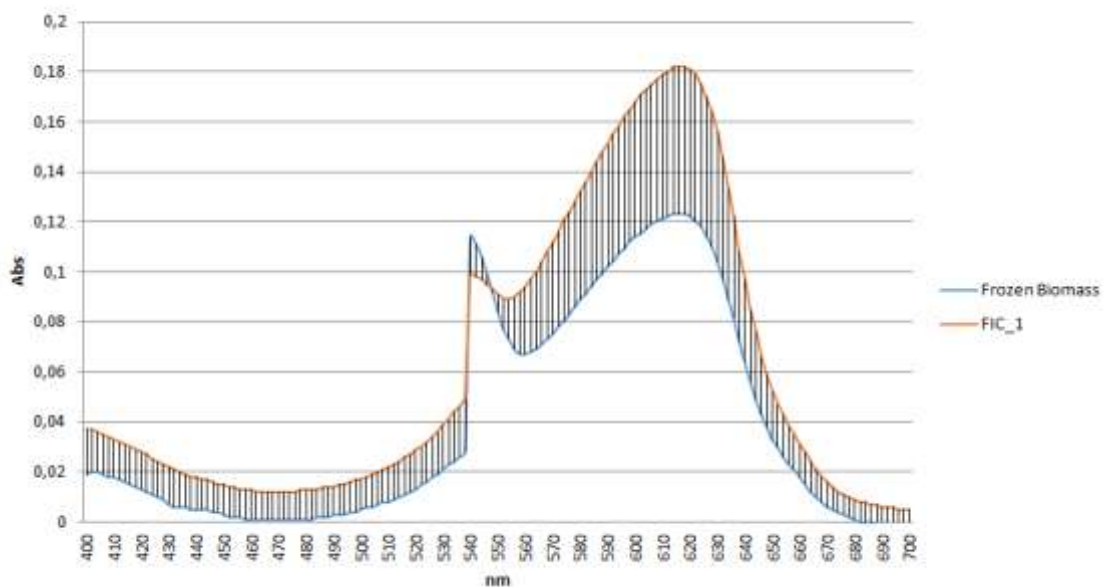


Figura 49. Confronto metodo di estrazione con tecnica di congelamento e scongelamento e Ultrasuoni a 1h.

5.7.2. Ultrafiltrazione su membrana della ficocianina

I Risultati sono riportati in forma parziale, perché soggetti all'Accordo di Riservatezza stipulato tra i gruppi di ricerca dell'Unical e l'azienda BioRisi-OILFOX srl (Allegato 1).

Una volta estratta la ficocianina con la metodica descritta nel par. 4.4, sono stati effettuati dei test per valutare se l'estratto ottenuto fosse puro. Prima è stata effettuata una corsa elettroforetica (120 mA-200V per 40 min) delle proteine degli estratti grezzi di ficocianina.

Come si può osservare nella Figura 50-A, sono presenti la ficoeritrina (PE) ad un MW di ~55 kDa, le ficocianine (PC, principalmente C-PC) ad un MW da 38 a 35 kDa e altre proteine solubili ad un MW compreso tra 50 e 18 kDa (Seghiri al., 2021).

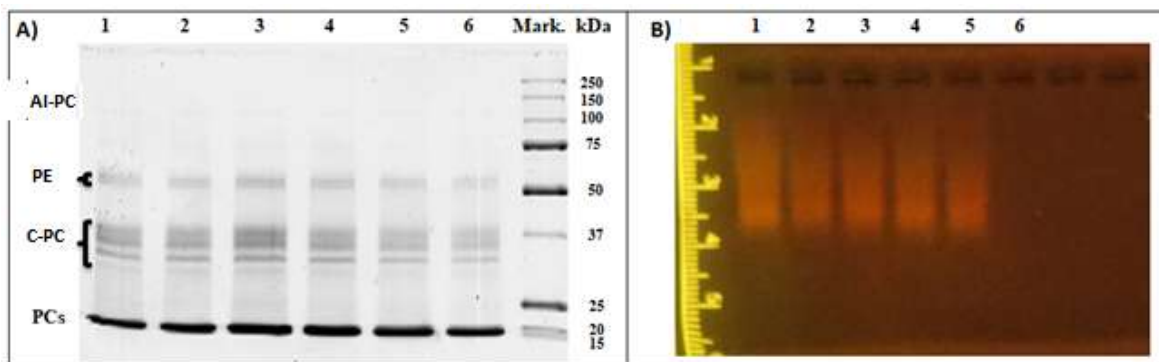


Figura 50. A) Analisi elettroforetica delle proteine, su gel di poliacrilamide, degli estratti grezzi di ficocianina. B) Analisi elettroforetica, su gel di agarosio, che indica la presenza di acidi nucleici negli estratti grezzi di PC.

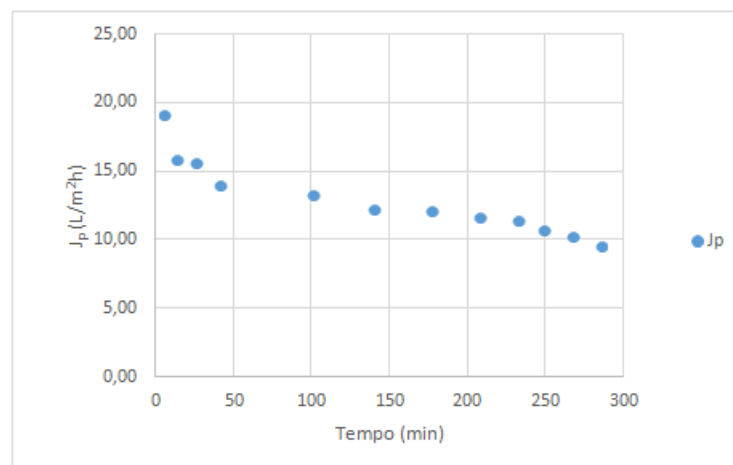


Figura 51. UF di una soluzione di Spirulina 2Xg (Yh). Andamento temporale del flusso di permeato ( $P = 2$  bar;  $T = 24 \pm 2$  °C).

L'elettroforesi su gel di agarosio delle stesse sei estrazioni indipendenti ha permesso di evidenziare una contaminazione da DNA nei campioni da 1 a 5 (Figura 50-B). Pertanto si è reso necessario un sistema per purificare e concentrare la ficocianina in modo da renderla

utilizzabile, anche per uso alimentare. Il sistema utilizzato è stato quello per la separazione e concentrazione tramite tecnologia a membrana. La prima prova è stata effettuata utilizzando la soluzione da 2Xg (Yh). La Figura 51 mostra l'andamento temporale del flusso di permeato per la soluzione in oggetto. Le due curve si riferiscono a due diversi test effettuati in due giorni diversi. La Figura 52 mostra un confronto l'andamento temporale del flusso di permeato e il fattore di riduzione del volume nelle stesse condizioni sperimentali per la soluzione di Spirulina Xg (Yh).

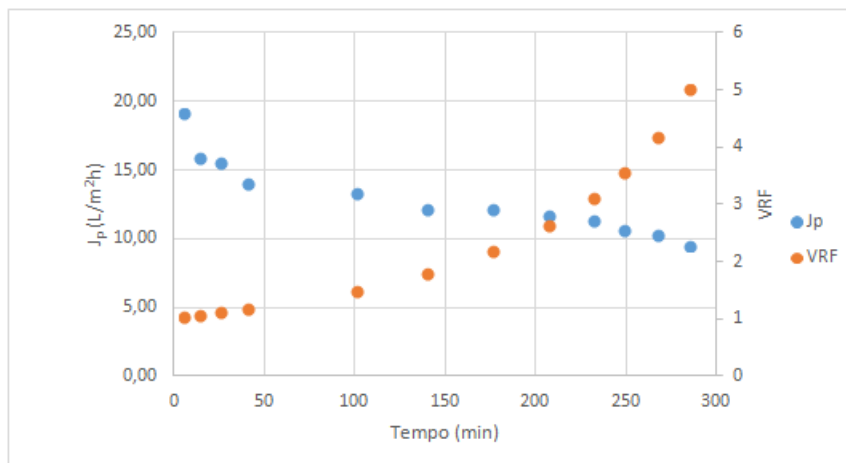


Figura 52. UF di una soluzione di Spirulina Xg (Yh). Andamento temporale del flusso di permeato e il fattore di riduzione del volume ( $P = 2 \text{ bar}$ ;  $T = 24 \pm 2 \text{ }^\circ\text{C}$ ).

La Figura 53 mostra l'andamento temporale del flusso di permeato riferito alla soluzione da 2Xg (2Yh) nelle stesse condizioni sperimentali delle precedenti soluzioni.

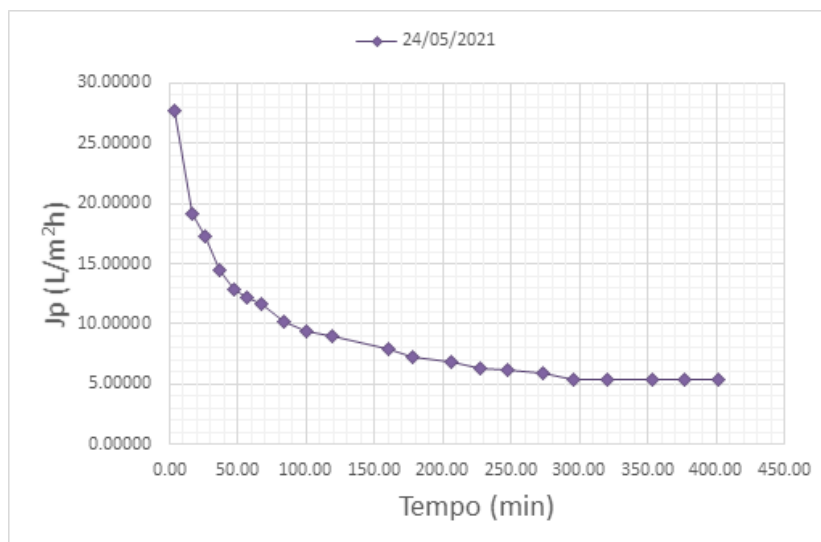


Figura 53. UF di una soluzione di Spirulina 4g (48h). Andamento temporale del flusso di permeato ( $P = 2 \text{ bar}$ ;  $T = 24 \pm 2 \text{ }^\circ\text{C}$ ).

In tutte le prove sperimentali, si osserva un brusco decadimento dei flussi di permeazione, dovuto ai fenomeni di polarizzazione per concentrazione e fouling, sino al raggiungimento di un valore stazionario di circa  $5 \text{ L/m}^2\text{h}$ . Nella tabella 4 sono riassunti i valori delle assorbanze misurate alle due diverse lunghezze d'onda e i relativi valori di concentrazione

della ficocianina per ciascuna delle soluzioni studiate. Sono altresì riportati i valori delle reiezioni misurate per la membrana in oggetto per ciascuna delle soluzioni utilizzate.

I valori della reiezione sono stati calcolati utilizzando la relazione:

$$R = \left(1 - \frac{cp}{cf}\right) * 100$$

In cui cp e cf sono le concentrazioni di Ficocianina misurate nei campioni di permeato e di feed, rispettivamente.

TIPO DI SOLUZIONE	TIPO DI CAMPIONE	$\Lambda_{615}$	$\Lambda_{652}$	Pc (mg/ml)	REIEZIONE (%)
2X g / Y h	Feed	1,694	1,351	0,19731	97,85
	Permeato	0,043	0,043	0,00424	
	Retentato	1,717	1,472	0,95437	
X g / Y h	Feed	1,577	1,161	0,19226	98,25
	Permeato	0,026	0,017	0,00336	
	Retentato	1,749	1,152	1,12636	
2X g / 2Y h	Feed	1,499	0,784	0,21112	98,38
	Permeato	0,032	0,029	0,00342	
	Retentato	1,227	0,556	0,90211	

Tabella 4. Analisi della Ficocianina nei campioni di feed, permeato e retentato provenienti dal processo di UF di soluzioni di Spirulina a diverse concentrazioni.

Come si può notare, la reiezione della membrana nei confronti della ficocianina è di circa il 98%, indipendentemente dalla concentrazione della soluzione di partenza. La prima prova ha riguardato la soluzione di Spirulina da Xg e la Figura 54 mostra l'andamento temporale del flusso di permeato di tale soluzione.

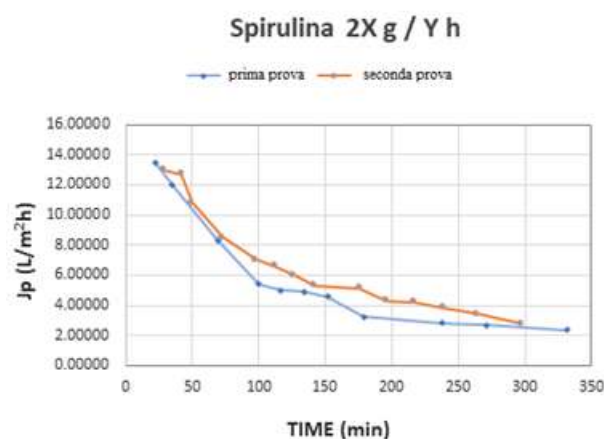


Figura 54. UF di una soluzione di Spirulina Xg (Yh). Andamento temporale del flusso di permeato (P = 2 bar; T = 28 °C).

La seconda prova ha riguardato la soluzione di Spirulina da 2Xg. Anche in questo caso le



prove sono state effettuate in due giorni diversi e la Figura 55 mostra l'andamento temporale del flusso di permeato.

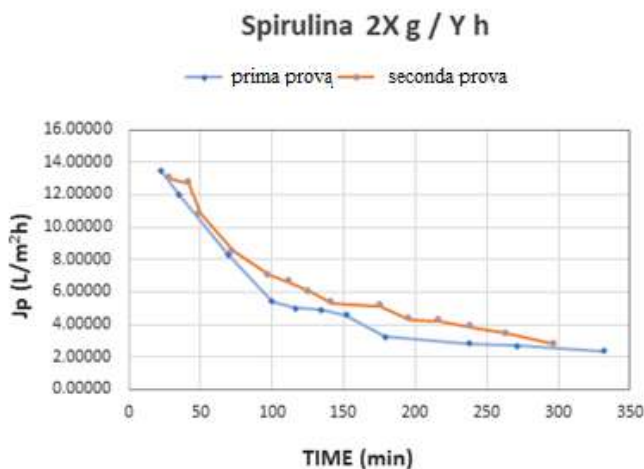


Figura 55. UF di una soluzione di Spirulina 2Xg (Yh). Andamento temporale del flusso di permeato ( $P = 2 \text{ bar}$ ;  $T = 28 \text{ }^\circ\text{C}$ ).

Nelle prove effettuate si osserva il flusso di permeazione diminuire nel tempo, dovuto anche in questo caso ai fenomeni di fouling e polarizzazione di concentrazione.

Per le soluzioni in oggetto, inoltre sono state effettuate delle prove di diafiltrazione sul retentato. Tutti i campioni sono stati poi analizzati per il loro contenuto in Ficocianina attraverso il metodo spettrofotometrico di Bennett e Bogorad.

Le tabelle 5 e 6 riportano i valori delle assorbanze dei vari campioni misurati alle due diverse lunghezze d'onda e i rispettivi valori di reiezione della membrana nei confronti della ficocianina. Anche questa volta la reiezione risulta essere indipendente dalla concentrazione della soluzione di partenza, poiché entrambe le soluzioni presentano una reiezione di circa il 99%.

Spirulina X g / Y h	Permeato	Feed	Retentato
$\lambda_{615}$	0,01	1,684	1,54
$\lambda_{652}$	0,006	1,685	1,34
PC (mg/ml)	0,001340	0,165788	0,847228
Spirulina 2X g / Y h	Permeato	Feed	Retentato
$\lambda_{615}$	0,022	1,697	1,51
$\lambda_{652}$	0,023	1,685	0,81
PC (mg/ml)	0,002078	0,168223	1,054363
	Reiezione (%)	Reiezione (%)	
	Spirulina X g / Y h	Spirulina 2X g / Y h	
	99,19	98,76	

Tabella 5. Analisi della Ficocianina nei campioni di feed, permeato e retentato provenienti dal processo di UF di soluzioni di Spirulina a diverse concentrazioni e relativi valori di reiezione.

Spirulina X g / Y h		Lunghezza d'onda		Concentrazione Ficocianina
Tipo di campione		$\lambda_{615}$	$\lambda_{652}$	PC (mg/ml)
Spirulina	DF1	0,088	0,073	0,009999625
Spirulina	DF2	0,076	0,063	0,008640075
Spirulina	DF3	0,082	0,075	0,008698502
Spirulina	DF4	0,067	0,062	0,007043446
Spirulina	DF5	0,05	0,045	0,005368914
Spirulina	DF6	0,008	0,003	0,001231835
Spirulina 2X g/Y h		Lunghezza d'onda		Concentrazione Ficocianina
Tipo di campione		$\lambda_{615}$	$\lambda_{652}$	PC (mg/ml)
Spirulina	DF1	0,035	0,038	0,003181273
Spirulina	DF2	0,025	0,022	0,002728839
Spirulina	DF3	0,02	0,027	0,001348689
Spirulina	DF4	0,01	0,009	0,001073783
Spirulina	DF5	0,009	0,005	0,001241573
Spirulina	DF6	0,005	0,004	0,000581273

Tabella 6. Analisi della Ficocianina nei campioni sottoposti a diafiltrazione di soluzioni di Spirulina a diverse concentrazioni.

### 5.7.3 Concentrazione Ficocianina con metodo spettrofotometrico dopo l'utilizzo della tecnologia a membrana

L'immagine seguente rappresenta gli spettri di assorbimento di tutti i campioni analizzati da 400 a 750 nm.

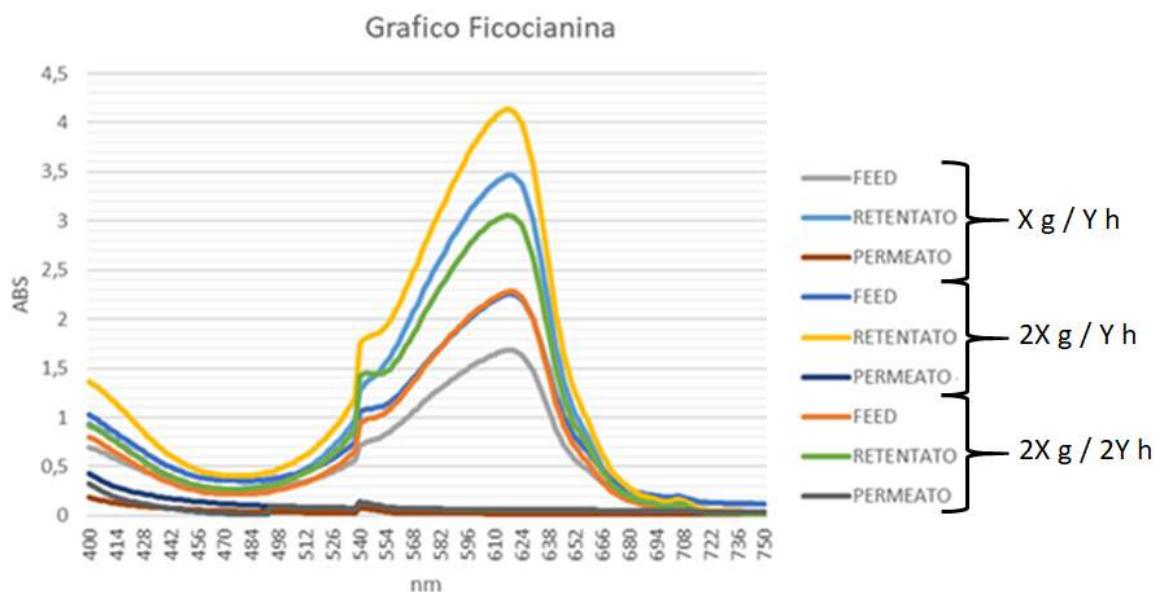


Figura 56. Grafici spettrofotometrici sovrapposti delle tre frazioni ottenute con la tecnologia a membrana (Feed, Retentato e Permeato).

Osservando la Figura 56 possiamo affermare che nel campione concentrato (Retentato), tramite l'utilizzo della tecnologia a membrana, la ficocianina risulta essere maggiormente concentrata rispetto alla soluzione di partenza (Feed) e assente nel Permeato.

In tabella 7 sono riportati i valori medi delle assorbanze a 615 e a 652 nm di tutti i campioni e la concentrazione media di PC. È possibile osservare come quest'ultima aumenti nel Retentato proporzionalmente alla concentrazione di *A. maximainiziale*.

	FEED	RETENTATO	PERMEATO	FEED	RETENTATO	PERMEATO	FEED	RETENTATO	PERMEATO
	Xg/Yh	Xg/Yh	Xg/Yh	2Xg/Yh	2Xg/Yh	2Xg/Yh	2Xg/2Yh	2Xg/2Yh	2Xg/2Yh
nm	Abs								
615	1,677	3,452	0,020	2,242	4,125	0,063	2,270	3,048	0,063
652	0,573	1,044	0,020	0,804	1,254	0,059	0,702	0,918	0,059
PC (mg/ml)	0,26	0,55	0,00	0,35	0,66	0,01	0,36	0,49	0,01

Tabella 7. Valori di ABS a 615 e 652 nm dei campioni alle diverse concentrazioni, utilizzate per l'UF. Concentrazioni della PC nelle varie frazioni dei test effettuati.

#### 5.7.4 Analisi elettroforetica delle proteine su gel di poliacrilamide dopo l'utilizzo della tecnologia a membrana

L'analisi elettroforetica su gel di poliacrilammide mostra come il campione di partenza (feed) contenga un pattern proteico riconducibile alle varie ficocianine e come queste, attraverso l'utilizzo della membrana vengono trattenute e concentrate nel retentato. Il permeato non mostra alcuna proteina. Infatti le ficocianine hanno un peso molecolare compreso tra i ~30kDa e ~35kDa. L'incremento della concentrazione delle bande nel retentato dipende sia dalla concentrazione iniziale del campione sia dal tempo di incubazione.

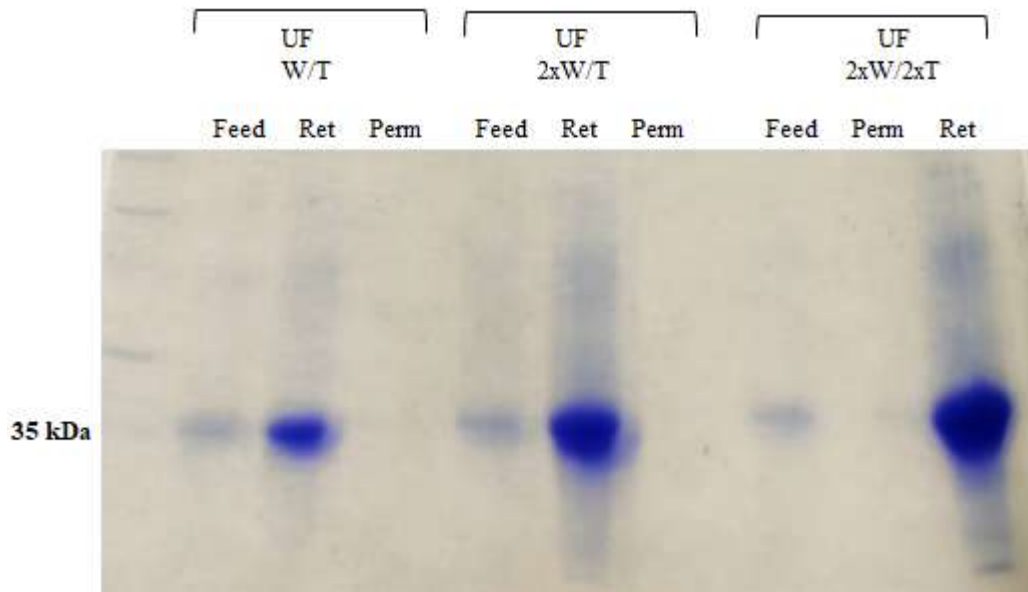


Figura 57. Analisi SDS-Page delle tre frazioni ottenute mediante UF.

5.7.5 Analisi elettroforetica per verificare la purezza dell'estratto su gel di agarosio dopo l'utilizzo della tecnologia a membrana (assenza di DNA)

Il gel di agarosio mostra come l'ultrafiltrazione purifichi i campioni di feed da contaminazione di DNA, infatti quest'ultimi mostrano una quantità di acido desossiribonucleico, a differenza del retentato che non presenta alcuna traccia, confermando che la membrana lascia passare il dna purificando il campione di partenza.

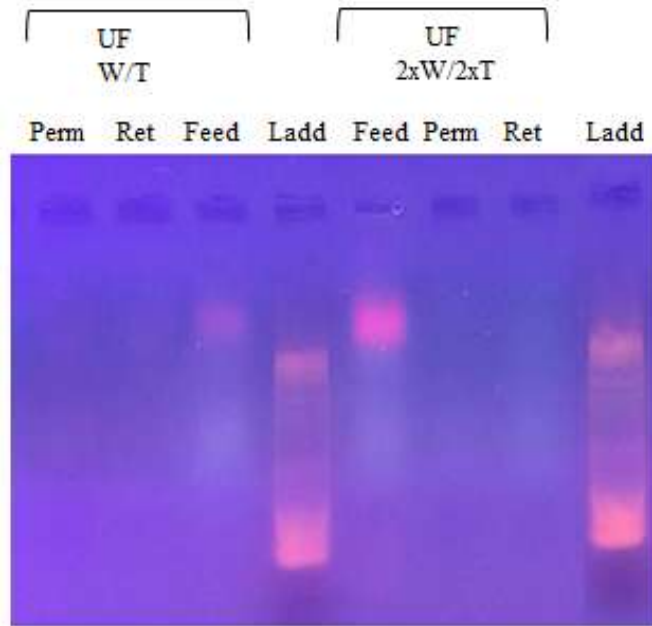


Figura 58. Analisi elettroforetica per identificare la contaminazione da acidi nucleici delle tre frazioni ottenute mediante UF.

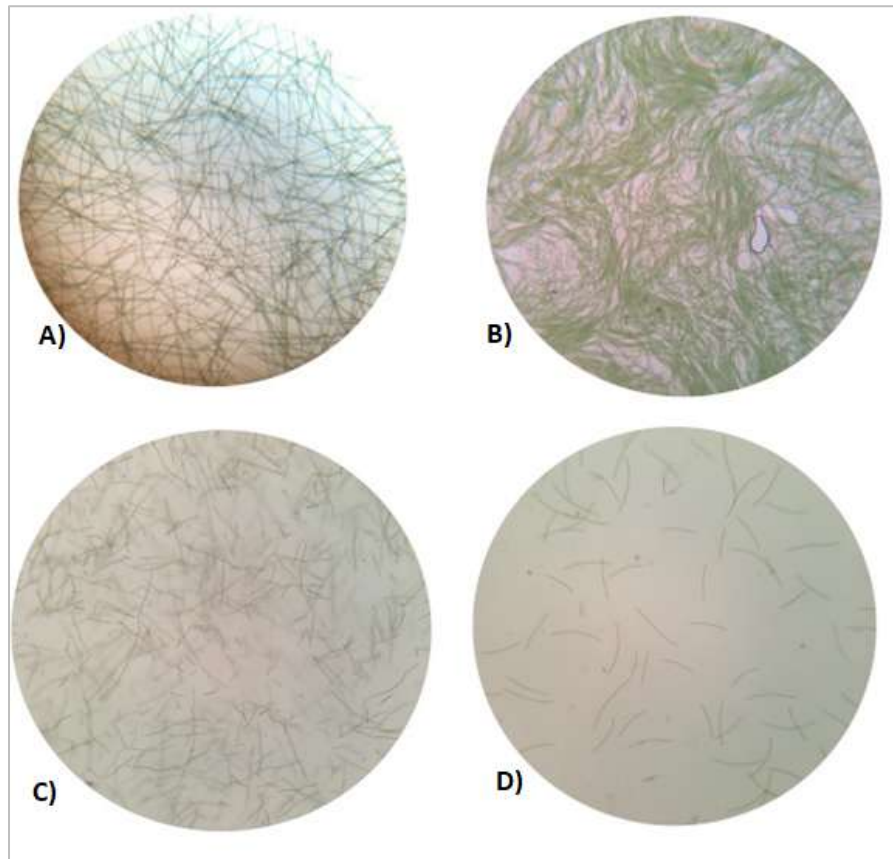


Tavola 1.. Colture di *A.maxima* di controllo a 14 giorni (A) e 21 giorni (B); colture trattate con glifosato a 14 giorni (C) e 21 giorni (D). Magnificazione 10X.

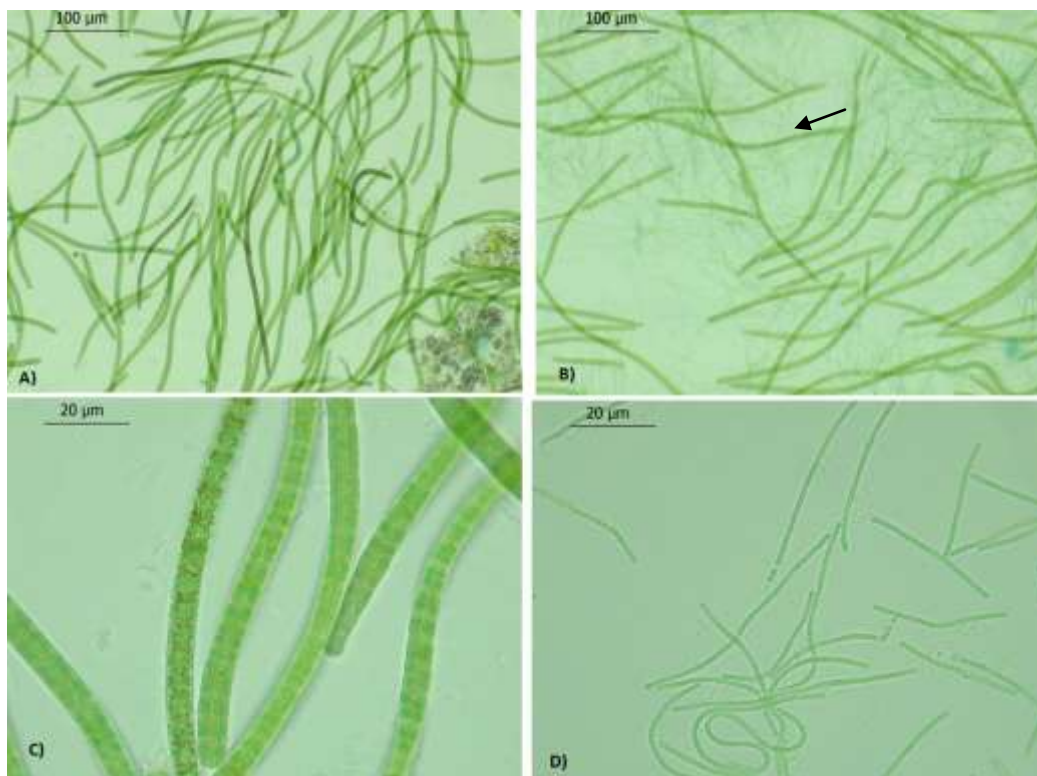


Tavola 2. Coltura di *A.maxima* di controllo (A,C) e trattate con glifosato e microplastiche (B,D), a 42 giorni. La freccia indica le contaminazioni di cianobatteri opportunisti.

---

## Capitolo VI: Discussioni e Conclusioni

### 6.1 Influenza del trattamento con glifosato e microplastiche sulla dinamica delle colture di *Arthrospira maxima* e sui parametri biochimici

La proliferazione naturale di *Arthrospira spp* nei laghi caldi del Messico e del Ciad è stata ampiamente studiata e traslata alla coltivazione industriale che, dall'inizio di questo decennio in una stima ottimistica, ha raggiunto una produzione annua globale che si avvicina alle 10.000 tonnellate (Belay, 2013). Di recente alcuni ricercatori hanno identificato le condizioni di Life Cycle Assessment adatte alla crescita del microorganismo riducendo l'impronta ecologica delle coltivazioni e realizzando un' economia basata sul Blue carbon, essendo questo organismo capace di sequestrare ingenti quantità di CO<sub>2</sub> nella sua biomassa (Duran et al., 2021). La dinamica dell'accumulo di biomassa di *Arthrospira plantensis* è correlata ad una quantità innumerevole di parametri e varia in funzione delle condizioni di coltura; in una recente pubblicazione è riportato un massimo di produttività di  $38,63 \pm 1,13 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{giorno}^{-1}$  e un minimo di  $30,88 \pm 1,47 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{giorno}^{-1}$  su un tempo di coltivazione di 8 giorni (Niangoran et al., 2021). Anche nelle nostre condizioni sperimentali, da un inoculo con biomassa nota (dato fornito dall'azienda e sotto accordo di riservatezza), si ha un incremento esponenziale nei primi 7 giorni e che incrementa di quasi 5 volte dopo 21 giorni di coltura, come si evince dalle assorbanze ottiche dei campioni. Nel lungo periodo, fino ai 70 giorni, la crescita rallenta per la carenza di nutrienti; questo dato è in accordo con quanto riportato da Çelekli et al., 2009; gli autori hanno infatti riscontrato la più alta produzione di biomassa di 3.009 provenienti g L<sup>-1</sup> con 0,5 g L<sup>-1</sup> di fosfato a pH 10,0; la concentrazione di fosfato e il pH sono infatti compatibili con le nostre condizioni del mezzo di coltura nella fase iniziale. Sempre gli stessi autori hanno poi dimostrato che il tempo di coltivazione, le concentrazioni di fosfato e i regimi di pH hanno effetto significativo ( $p < 0,01$ ) sulla produzione di biomassa da parte del cianobatterio. Nelle nostre condizioni sperimentali, il tempo di coltivazione di *A. maxima* è infatti stabilito a 42 giorni dall'inoculo, tempo durante il quale la disponibilità di macronutrienti inorganici consente un intenso metabolismo primario. I pigmenti fotosintetici, quali Chl *a* e ficocianina, hanno una dinamica coerente con l'aumento della biomassa, nelle nostre colture. Alcuni autori, recentemente hanno messo in relazione il time-course della ficocianina con le condizioni colturali; in dettaglio, i ricercatori hanno osservato che

l'incremento della concentrazione di ficocianina e l'aumento della biomassa nella fase iniziale della coltura di *S. platensis* dipende dalla concomitante riduzione di azoto nel mezzo di coltura e dalla disponibilità di  $\text{NH}_4\text{HCO}_3$  (Andrady, 2011); gli autori concludono che la coltivazione con alimentazione di bicarbonato di ammonio si è dimostrata un metodo efficace per migliorare ulteriormente la produzione di ficocianina, dando la massima produzione di biomassa (6,649 g/l).

Nelle nostre condizioni sperimentali in cui la composizione del mezzo di coltura contiene una concentrazione di bicarbonato di ammonio di gran lunga superiore a quella prevista per la formulazione di Zarrouck, 1966, questo dato potrebbe spiegare il motivo per cui la biosintesi di ficocianina è coerente con la crescita della biomassa di *A. maxima*, in accordo con quanto riportato da Kaewdamet al., 2019. In letteratura, il trattamento di Spirulina con Glifosato (N-fosfonometilglicina), l'attivo ingrediente di popolari erbicidi non-selettivi, ha avuto come obiettivo iniziale quello di individuare ceppi in grado di degradare il fosfonato e di rilasciare il fosfato inorganico attraverso un processo di biodegradazione e di selezionare, così, geni della resistenza per ottenere piante resistenti agli erbicidi (Castle et al., 2004; Lipok et al., 2007). Oggi, questo approccio si è ribaltato e gli sforzi dei ricercatori sono tesi all'individuazione di organismi in grado di detossificare e bioremediare acque reflue e matrici naturali dai pesticidi e da altri inquinanti (Congestri et al., 2020; Sharma et al., 2018).

Nel caso delle nostre colture di *A. maxima*, il trattamento con glifosato ha ridotto significativamente l'incremento della biomassa dopo 14 giorni di trattamento; il dato interessante è che dopo 42 giorni le colture contengono numerosi tricomi vitali, come si evince sia dalle evidenze citologiche che dai dati biochimici di concentrazione di Chl *a*, anche se molto bassi, e di carotenoidi che, invece, si mantengono costanti per tutta la durata del trattamento. Ciò suggerisce che individui di *A. maxima* presentino peculiarità metaboliche che danno un grado di resistenza al pesticida. Altro dato interessante è la drastica riduzione della concentrazione di ficocianina nelle colture trattate che tende allo zero dopo 42 giorni di trattamento; questo dato suggerisce che gli individui di *A. maxima* resistenti al glifosato presentano una biosintesi della ficocianina ridotta o assente, dal momento che la stessa biomassa produce il doppio della ficocianina nel controllo. È stata dimostrata la capacità di degradare l'erbicida organofosforico quale unica fonte di fosforo o azoto da parte di *S. platensis* in studi condotti mediante analisi  $^{31}\text{P}$  NMR per seguire la scomparsa del fosfonato e il rilascio di fosfato inorganico nel processo di biodegradazione (Lipok et al., 2007).



Di recente è stato evidenziato l'effetto protettivo della spirulina contro gli effetti tossici indotti dal glifosato (Wided et al., 2021); gli autori hanno adottato un approccio con biomarcatori per determinare l'impatto del glifosato e dell'aggiunta della spirulina al sistema modello *Mytilus galloprovincialis*. Dai risultati è emerso che la spirulina protegge i bivalvi dallo stress ossidativo rafforzando il sistema antiossidante, sequestrando i ROS e inibendo il danno cellulare; *A. maxima* potrebbe avere questa stessa capacità, come sembra suggerire l'alto contenuto in carotenoidi, antiossidanti e *radical scavenger*, che non varia significativamente durante il trattamento nelle nostre condizioni.

È noto che, una volta a contatto con una matrice ambientale, il glifosato è immediatamente coinvolto in processi fisico-chimici e funzioni sistemiche che, a loro volta, influenzano la sua interazione con altri inquinanti, come le microplastiche, nonché il destino e la biodisponibilità del glifosato stesso (Bento et al., 2016; Newman et al., 2016; Yang et al., 2018).

L'aggiunta delle microplastiche (PET/PP) al trattamento con glifosato alle colture di *A. maxima*, non ha influito significativamente sulla biomassa delle colture rispetto a quanto osservato nel trattamento con solo glifosato. Un dato interessante è l'aumento significativo istantaneo della biomassa e della concentrazione della Chla al momento dell'aggiunta della miscela glifosato/microplastiche; non esistono attualmente dati in letteratura che possano aiutare a fornire una spiegazione a questa evidenza. Qui possiamo avanzare l'ipotesi, da supportare con ulteriori analisi biochimiche, ma anche ultrastrutturali, che all'immediato contatto con gli inquinanti si sia determinata una repentina riorganizzazione strutturale della coltura con la formazione di *cross-linking* tra i tricomi e le microplastiche, che ha causato, così, un maggiore assorbimento ottico nei campioni al giorno 0.

Un recente studio ha evidenziato che *Spirulina sp.*, se trattata con microplastiche, diminuisce la crescita ed ha una riduzione del contenuto di proteine e polisaccaridi, che sono componenti importanti, quando essa viene utilizzata come integratore alimentare (Hadiyanto et al., 2021 e referenze al suo interno). Gli autori, inoltre, sottolineano che *Spirulina sp.* può essere utilizzata per la biodegradazione delle microplastiche nei sistemi salini, come il mare, in quanto la salinità aumenta la capacità del microorganismo di biodegradare il PET. Non ci sono, al momento, evidenze in letteratura sul trattamento combinato di *Arthrospira spp* con glifosato e microplastiche. Alla luce dei risultati ottenuti in altri sistemi biologici, quali ad esempio *Daphnia magna* (Zocchi et al., 2019) e *Salvinia cucullata* (Yu et al., 2021), l'effetto combinato di diverse formulazioni di glifosato e di due tipi di microplastiche (PE- PET/PA) causa la mortalità del microcrostaceo e inibisce la

crescita delle radici nella pianta acquatica in misura maggiore degli effetti del solo glifosato. Il cambiamento nella tossicità delle formulazioni di glifosato causato dalle microplastiche può essere collegato alle diverse proprietà di assorbimento delle formulazioni chimiche a base di glifosato. Alla luce anche dei risultati biochimici di *A. maxima*, la presenza delle microplastiche non sembra aumentare la tossicità del glifosato; rispetto al solo trattamento con glifosato, sono paragonabili la riduzione drastica del contenuto in ficocianina, livelli più o meno stabili di carotenoidi e la presenza dopo 42 giorni di trattamento di una popolazione di individui resistenti alla formulazione Glifosato/PET/PP. Le osservazioni citologiche hanno rilevato la presenza di contaminazioni da parte di altre specie di cianobatteri opportunisti, molto probabilmente appartenenti al genere *Anabaena* (Tavola 2, D), in entrambe le colture trattate con glifosato e microplastiche dopo i 35 giorni di coltura. L'ipotesi più attendibile è che la contaminazione fosse accidentalmente presente già nelle colture di controllo, ma la cui proliferazione era impedita dalla concorrenza della specie dominante *A. maxima* sulla disponibilità di nutrienti e di luce. A seguito del trattamento con gli inquinanti è stata rallentata la crescita di *A. maxima* e le specie opportuniste hanno potuto così svilupparsi. Un dato interessante sembra essere quello riguardante la possibile resistenza dei cianobatteri opportunisti al trattamento combinato con glifosato e microplastiche; questo conforterebbe l'ipotesi che si tratti di *Anabaena spp* in quanto è ben noto che a questo genere appartiene la specie *A. mirabilis* che mostra resistenza al glifosato (Powel et al., 1992) e *A. variabilis* (Drzyzgaand Lipok, 2018) che è in grado di degradare il glifosato. Un ultimo dato da sottolineare è che, al pari di quanto accade nelle colture trattate col solo glifosato, al trattamento combinato glifosato/PET/PP sopravvive una popolazione di *A. maxima* che può quindi considerarsi resistente.

### 6.2. Analisi del proteoma di *Arthrospira maxima* e le sue variazioni durante il trattamento con inquinanti

L'analisi delle proteine cianobatteriche è stata tradizionalmente condotta impiegando approcci basati sull'elettroforesi (Norling et al., 1998) e più di recente applicata a *Arthrospira platensis* (Hongsthong et al., 2009; Matallana-Surget et al., 2014).

Il sequenziamento dell'intero genoma del ceppo PCC 8005 e la relativa annotazione sono stati recentemente completati e forniscono risorse chiave per facilitare gli approcci proteomici di questa specie (Jaetnssen et al., 2010). In lavori precedenti sono state

identificate migliaia di proteine che hanno ampliato la copertura del proteoma di *A. platensis*. Prendendo vantaggio da queste conoscenze pregresse, in questa progetto di ricerca è stato riportato lo studio del proteoma di *A. maxima* utilizzando l'elettroforesi unidimensionale su gel (SDS-PAGE) unito alla LC-MS/MS delle frazioni proteiche sia solubili che legate alle membrane; sono state identificate proteine differenzialmente espresse alle diverse condizioni di trattamento con solo glifosato o in combinazione con le microplastiche, suggerendo che l'espressione differenziale è una risposta del cianobatterio all'ambiente ad al contenuto di inquinante.

*A. maxima* risponde al trattamento con glifosato probabilmente attraverso la modulazione della regolazione osmotica, poiché vedono sovraregolate numerose proteine appartenenti a questo metabolismo, quali la Istidina chinasi, numerosi enzimi del *pathway* di biosintesi della prolina, laglicolato ossidasi e proteine trasportatrici di ioni potassio. È noto che l'accumulo intracellulare di prolina è indotto da vari stress anche in cianobatteri (Deniz et al., 2011); i risultati hanno indicato anche che la Istidina chinasi è sovraespressa; in *Synechocystis sp* una istidina kinasi (Hik33) risulta indotta sia dallo stress osmotico che dallo stress da freddo. Come risposta allo stress da glifosato numerose proteine legate alla metilazione del DNA e come modificazione post-trasduzionale delle proteine sono sottoregolate; la metilazione del DNA è legata alle modificazioni epigenetiche e sono ben note come collegate a molti importanti processi biologici. Nel cianobatterio modello *Synechocystis sp*. PCC 6803 è stata studiata la variazione del "metiloma" (che comprende quindi sia metilazione del DNA che delle proteine) suggerendo che carenze nutrizionali, come l'azoto, possono indurre modificazioni epigenetiche che vengono "ereditate" attraverso le generazioni (Lang et al., 2018). Possiamo ipotizzare che il glifosato induca una inibizione dei processi di metilazione che comportano una riorganizzazione del "metiloma" di *A. maxima* e ad una riorganizzazione della trascrizione; questo dato è in accordo con il dato di sovraespressione di proteine coinvolte nella Regolazione negativa della trascrizione e alla sottoregolazione di proteine coinvolte nel metabolismo della Trascrizione. A completare il quadro della risposta da stress indotta dal glifosato c'è la sovraregolazione di proteine appartenenti al metabolismo delle Risposta alle sostanze tossiche, quali la Arsenic resistance protein, la ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC, la Cation/multidrug efflux pump.

L'aggiunta di microplastiche al trattamento con glifosato determina una sovraregolazione di proteine connesse al signaling della risposta di difesa come la trypsin-like serine protease, la calcium-binding protein, la radical SAM protein e la Membrane protein

insertion efficiency factor YidD.

Proteine legate alla omeostasi redox cellulare sono sottoregolate dal trattamento con glifosato e microplastiche come la GRRM system radical SAM/SPASM domain protein, TIGR04222 domain-containing membrane protein, leganti ioni ferro-zolfo e altri metalli, la FAD-dependent oxidoreductase; a questa famiglia appartiene la FAD-dependent glyphosate oxidase caratterizzata in *Bacillus aryabhattai*, un promettente ceppo batterico in grado di manipolare i residui di erbicida glifosato (Nagwa et al., 2020), la glutathione synthase della via biosintetica che porta alla produzione di glutathione importante per una varietà di funzioni biologiche, compresa la protezione delle cellule dal danno ossidativo dei radicali liberi, la disintossicazione degli xenobiotici e il trasporto di membrana. La proteina codificata da questo gene funziona come un omodimero per catalizzare la seconda fase della biosintesi del glutathione, che è la conversione ATP-dipendente della gamma-L-glutamyl-L-cisteina in glutathione. Infine la rubredoxin, una classe di proteine contenenti ferro che svolgono un ruolo importante nella riduzione del superossido in alcuni batteri anaerobi e agiscono anche come trasportatori di elettroni in molti processi biochimici quali la fotosintesi (Kiss et al., 2019); metallothionein e le SDR family NAD(P)-dependent oxidoreductase completano il quadro della omeostasi redox cellulare che viene sottoregolata durante il trattamento. Anche il trasporto transmembrana è significativamente affetto dal trattamento con numerosissime proteine intrinseche di membrana sottoregolate (per i dettagli si veda la relativa Tabelle supplementari B-N).

Anche il metabolismo primario della gluconeogenesi è affetto dal trattamento in quanto l'enzima RuBisCo risulta sotto regolato; anche se non ci sono evidenze in letteratura su questo effetto in cianobatteri, nelle piante superiori il glifosato ha, infatti, effetti negativi sull'assimilazione del carbonio, sull'attività del ribulosio bisfosfato carbossilasi e sui livelli dei metaboliti nello zucchero (Nagib et al., 2018).

### 6.3 Meccanismi di resistenza ai pesticidi di *A. maxima* e il ruolo dell'enzima EPSPS

La resistenza ai pesticidi da parte di microorganismi è nota da tempo. Dopo l'individuazione e caratterizzazione dell'enzima glifosato-tollerante 5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase dal cianobatterio *Anabaena variabilis* (Powell et al,1992) gli studi, sulle basi molecolari della resistenza, hanno assunto sempre maggiore rilevanza. Questa tolleranza riportava un notevole significato in molti ceppi, con proliferazione cellulare che è risultata completamente non influenzata dall'erbicida da

concentrazioni micromolari fino a millimolari. L'ingegnerizzazione di colture transgeniche resistenti all'ampio spettro dell'erbicida glifosato ha notevolmente migliorato l'efficienza agricola in tutto il mondo. Piante Roundup Ready portano, infatti, il gene che codifica per una forma insensibile al glifosato di questo enzima, ottenuto da *Agrobacterium sp.* ceppo CP4. Una volta incorporato nel genoma della pianta, il prodotto genico, CP4 EPSP sintasi, conferisce alle colture resistenza al glifosato. Il meccanismo di azione è stato elucidato attraverso la costruzione di un gene sintetico che codifica per EPSP CP4 sintasi che è caratterizzato nella cinetica e nella struttura attraverso cristallografia (Funke et al., 2006). L'enzima CP4 ha una cinetica inaspettata e proprietà strutturali che lo rendono unico tra le EPSP sintasi noti. Il glifosato si lega alla sintasi CP4 EPSP in una conformazione che fa restare l'enzima nella sua forma attiva (Figura 59).

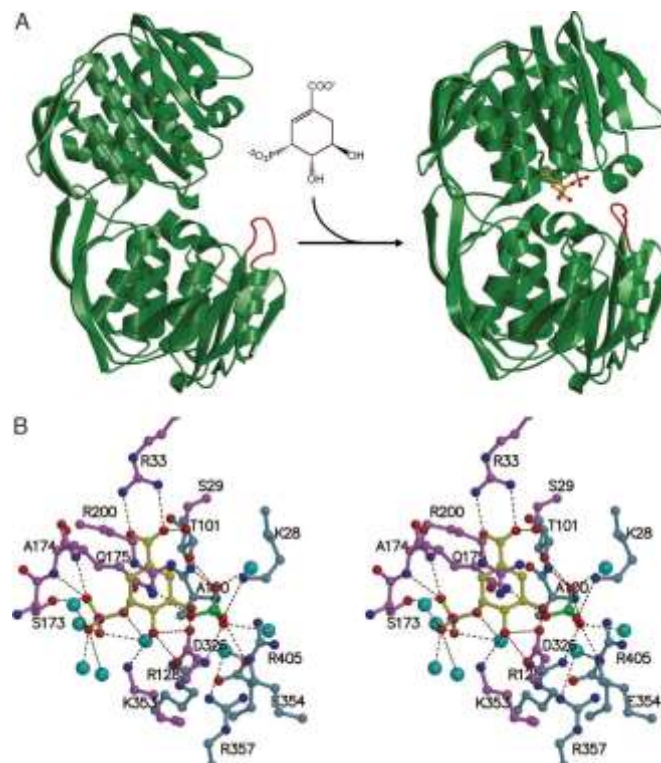


Figura 59. Struttura tridimensionale della CP4 EPSP sintasi. (A) (Sinistra) La sintasi EPSP CP4 non legata esiste in una conformazione aperta. (A destra) Dopo l'interazione con il glifosato, l'enzima subisce un grande cambiamento conformazionale in uno stato chiuso. Questo ciclo contiene i residui di sintasi EPSP rigorosamente conservati Glu-354 e Arg-357, che sono coinvolti nel legame del glifosato PEP. (B) Stereoview mostrando che, nel complesso binario, S3P (giallo) si lega ai residui enzimatici mostrati in magenta attraverso interazioni elettrostatiche multiple di legame idrogeno (linee tratteggiate nere). Inoltre, la frazione cicloesene di S3P è racchiusa tra Arg-200 e Gln-175. I residui mostrati in azzurro costituiscono il Sito di legame del glifosato PEP. Da Funke et al 2006.

La sensibilità al glifosato può essere ripristinata attraverso una mutazione a sito singolo nel sito attivo (Ala-100– Gly), permettendo al glifosato di legarsi nella sua estesa e inibitoria conformazione. Dato questo modello di interazione glifosato-EPSPS, tuttavia, il

meccanismo, attraverso il quale i cianobatteri mostrano la tolleranza, sembra essere ampiamente vario e dipendente dalla specie. L'assorbimento del glifosato, indipendente dal vettore, è stato suggerito come meccanismo di resistenza a concentrazioni a livello micromolare.

Una notevole capacità di degradare il glifosato è stata identificata da alcuni ceppi di cianobatteri come *Spirulina spp.* dove il percorso degradativo è stato segnalato essere diverso da quelli esibiti in altri batteri. Nel lavoro si è inteso indagare l'espressione dell'enzima nel trattamento combinato glifosato con microplastiche per poter aggiungere informazioni a quelle già esistenti. I risultati hanno evidenziato che i livelli di ben 22 IDs corrispondenti all'EPSPS e all'enzima Corismato sintasi variano significativamente durante il trattamento. Se l'espressione dell'enzima è correlata alla resistenza ai trattamenti, nelle date condizioni la massima espressione si ha nelle prime due settimane di trattamento, per poi essere sottoregolati nelle settimane successive. Questo potrebbe indurre all'ipotesi che le colture trattate non siano state in grado di mantenere livelli di espressione dell'enzima compatibili con la sopravvivenza degli individui. A questo, però, va aggiunto che i livelli di espressione dell'EPSPS diminuiscono anche nel controllo negli stessi periodi indagati e si mantengono al di sotto dei livelli presenti nei campioni trattati. Nel complesso ciò suggerisce che la popolazione di *A. maxima* persistente in coltura dopo 42 giorni di trattamento possiede un grado di resistenza che si manifesta attraverso l'espressione dei due enzimi. I dati ottenuti non ci consentono, al momento, di identificare la forma enzimatica di EPSPS presente in questa popolazione resistente, ma il dato appare di interesse per studi futuri. A completamento dell'informazione c'è da supporre se le specie cianobatteriche opportuniste, individuate come contaminanti delle colture trattate, possano contribuire alla espressione di alcune IDs enzimatiche studiate.

#### *6.4 Separazione e purificazione della ficocianina da A. maxima attraverso processi a membrana*

L'uso della tecnologia a membrana per la separazione della ficocianina è stato applicato per la prima volta da Herrera et al. (1989) che utilizzano l'adsorbimento del carbone attivo, precipitazioni in solfato d'ammonio, l'ultrafiltrazione e dialisi. Altre applicazioni a membrana si sono succedute nel tempo ottenendo il più alto rapporto di purezza dell'estratto di ficocianina quando la biomassa fresca è stata utilizzata come materia prima e la cui purificazione è stata fatta mediante microfiltrazione e ultrafiltrazione su membrana

(Chaiklahan et al., 2011). Recentemente Brião et al., 2020, utilizzando un metodo di estrazione con tampone fosfato seguita da ultrafiltrazione a membrana e un passaggio di diafiltrazione, hanno ottenuto una resa del 76 % con perdita del 30% dell'attività antiossidante della ficocianina. Questi studi, sebbene non conclusivi, hanno in comune il vantaggio di purificare la ficocianina per alimenti utilizzando un solo sistema strumentale.

Il protocollo estrattivo messo a punto in questo progetto di ricerca ha ottenuto una resa molto elevata di proteine dalla biomassa di *A. maxima*. Il profilo elettroforetico ha dimostrato che la maggioranza delle proteine corrisponde ai pesi molecolari identificati per i monomeri di ficobiliproteine, la C-ficocianina (20-30 kDa), altre ficocianine (20 kDa), la ficoeritrina (40-50 kDa) e l'alloficocianina (105 kDa), che differiscono nelle loro proprietà spettrali (Mulders et al., 2014). Oltre ad essere coloranti alimentari naturali, le ficobiliproteine sono marcatori fortemente fluorescenti, hanno proprietà antiossidanti (de Jesus Raposo et al., 2013) e possono neutralizzare le specie reattive dell'ossigeno (ROS) a causa delle loro strutture chimiche e proprietà chelanti, riducendo così lo stress ossidativo (Rodriguez-Sanchez et al., 2012).

Gli estratti si presentano quindi ricchi nella componente altamente solubile dei ficobilisomi; l'alloficocianina, infatti è presente in piccola quantità. Questi estratti, a questo stadio, sarebbero già adatti per la commercializzazione nell'industria cosmetica, ma non validi per il consumo alimentare. Infatti, oltre all'estrazione della componente proteica con elevata solubilità, gli estratti risultano contaminati da acidi nucleici, in particolare di DNA e mRNA.

Il processo di estrazione a membrana si è dimostrato efficace sia nella purificazione della C-ficocianina che della sua concentrazione di cinque volte nelle condizioni sperimentali, indipendentemente dalla biomassa di partenza e dal tempo di incubazione; il dato sperimentale, infatti, documenta la reiezione dell'estratto pari al 98 % in tutti i casi e l'analisi elettroforetica dei campioni di retentato evidenziano un'unica banda intorno ai 35 kDa, peso molecolare corrispondente alla C-ficocianina; questo risultato è migliore rispetto a quanto riportato attualmente in letteratura attraverso l'uso di sistemi a membrana (Brião et al., 2020). La ultrafiltrazione, inoltre, ha risolto la contaminazione da acidi nucleici rendendo il prodotto ultrafiltrato e concentrato in un'ottima base di partenza per la produzione di C-ficocianina, valida sia per uso alimentare umano che per la sperimentazione nelle terapie antitumorali (Maryati et al., 2020).

---

## Conclusioni

Su scala laboratorio è stato possibile coltivare popolazioni di *A. maxima* che hanno mostrato un ciclo vitale endogeno di 42 giorni senza aggiunta di ulteriori nutrienti. Tali condizioni colturali sono state la base per il trattamento con due inquinanti di grande rilevanza ambientale, il Glifosato e le microplastiche secondarie. Utilizzate a concentrazioni riscontrabili in natura (0,2 mM e 1, 7 g/L rispettivamente) il trattamento singolo o combinato ha fornito dati interessanti sulla capacità della popolazione di *A. maxima* di mostrare gradi di resistenza nei confronti di entrambi gli inquinanti. Benché la crescita delle colture sia stata significativamente ridotta, una popolazione residua considerata resistente agli inquinanti, è sopravvissuta dopo 42 giorni di trattamento. Meccanismi molecolari, in grado di spiegare questa resistenza sono, senza dubbio, la sovraespressione di metabolismi legati alla risposta allo stress osmotico, allo stress ossidativo, alla riorganizzazione del “metiloma” cellulare. Il meccanismo di resistenza non sembra, inoltre, essere legato all' espressione degli enzimi EPSPS e Corismato sintasi della via di biosintesi degli aminoacidi aromatici, responsabili della resistenza molecolare al glifosato in cianobatteri.

Sulla base dei risultati ottenuti possiamo definire il comportamento di *A. maxima* nei confronti del glifosato come una azione “depurativa” e “detossificante”, dal momento che dopo trattamento sopravvive una popolazione resistente o adattata alle nuove condizioni. Esistono dati in letteratura che dimostrano, seppur non in maniera definitiva, che spirulina è in grado di “metabolizzare” il glifosato come sorgente nutritiva di fosforo (Drzyzga & Lipok, 2018); sebbene in questo lavoro di tesi non sia stato possibile fornire ulteriori parametri, possiamo qui ipotizzare che *A. maxima* possa avere caratteristiche metaboliche analoghe a quanto riscontrato per altri cianobatteri del genere *Arthrospira*. *A. maxima* appare quindi un buon candidato come biofiltro in sistemi di depurazione del tipo MBBR (Moving-bed Biofilm Reactor), sia negli impianti a biomassa adesa e sia in quelli a funzionamento ibrido (Barwal & Chaudhary, 2014), fermo restando che occorrerà definire parametri, quali ad esempio i tempi di detenzione per la specie (Lipok et al., 2007). Sempre sulla base dei nostri risultati e sull'esperienza dell'Azienda Biorisi srl, *A. maxima* potrebbe essere impiegata anche nel biorimedia di acque in cui la sostanza inorganica, soprattutto nitrati, nitriti e fosfati, raggiunge concentrazioni di molto superiori a quelle consentite per l'immissione nei corpi idrici; ne sono un esempio le acque in uscita dei depuratori civili che pur assicurando un abbattimento della sostanza organica, sono ricchi



in sali inorganici estremamente eutrofizzanti. A nostro avviso *A. maxima* potrebbe trovare, quindi, una interessante applicazione in questo segmento trascurato della depurazione, ma molto importante per gli equilibri ecosistemici dei corpi idrici (Ngatia et al, 2019).

Infine, il protocollo estrattivo e la purificazione a membrana messa a punto in questo progetto di ricerca danno una prospettiva di implementazione molto promettente e rispondono ampiamente alla domanda di innovazione richiesta dall'azienda. Ulteriori sperimentazioni saranno avviate in un progetto di trasferimento tecnologico e scientifico che vedrà impegnati diversi partners coinvolti nella ricerca.

---

## Bibliografia

- Andrady A.L. (2011). Microplastics in the marine environment. *Marine Pollution Bulletin* 62, 1596-1605.
- Arunakumara, K.K.I.U., Walpola, B.C., Yoon, M.H. (2013). Metabolism and degradation of glyphosate in aquatic cyanobacteria: a review *African Journal of Microbiology Research*, 7 (32), pp. 4084-4090
- Ashour M., El-Shafei A., Khairy H.M., Abd-Elkader D.Y., Mattar M.A., Alataway A., Hassan S.M. (2020). Effect of *Pterocladia capillacea* seaweed extracts on growth parameters and biochemical constituents of Jew's Mallow. *Agronomy*, 10, 420.
- Auta H.S., Emenike C.U, Fauziah S.H. (2017). Distribution and importance of microplastics in the marine environment: A review of the sources, fate, effects, and potential solutions. *Environ Int.* 2017 May; 102:165-176. doi: 10.1016/j.envint.2017.02.013. Epub 2017 Mar 9. PMID: 28284818.
- Barnes D.K.A., Galgani F., Thompson R.C., Barlaz M. (2009). Accumulation and fragmentation of plastic debris in global environments. *Philos. Trans. R.Soc. B Biol. Sci.* 364: 1985–1998.
- Barriuso J., Marin S., Mellado R.P. (2011). Potential accumulative effect of the herbicide glyphosate on glyphosate-tolerant maize rhizobacterial communities over a three-year cultivation period. *PLoS One.* 2011;6(11): e27558. doi: 10.1371/journal.pone.0027558.
- Barwal A., Chaudhary R. , (2014), To study the performance of biocarriers in moving bed biofilm reactor (MBBR) technology and kinetics of biofilm for retrofitting the existing aerobic treatment systems: a review *Rev. Environ. Sci. Biotechnol.*, 13 (3) (2014), pp. 285-299
- Belay A. (2002). The potential application of *Spirulina (Arthrospira)* as a nutritional and therapeutic supplement in health management. *The Journal of the American Nutraceutical Association*, 5, 27-48.
- Belay A. (2013). Biology and industrial production of *arthrospira (spirulina)* *Handbook of Microalgal Culture*, John Wiley & Sons, Ltd, pp. 339-358, 10.1002/9781118567166.ch17.
- Benbrook C.M. (2016). Trends in glyphosate herbicide use in the United States and globally. *Environmental Sciences Europe*, 28.
- Bennett, A., Bogorad, L., 1973. Complementary chromatic adaptation in a filamentous bluegreen alga. *J. Cell Biol.* 58, 419–435. <http://dx.doi.org/10.1083/jcb.58.2.419>.
- Bergmann M., Gutow L., Klages M. (2015). *Marine anthropogenic litter* (p. 447). Springer Nature.
- Berry C. (2020) Glyphosate and cancer: the importance of the whole picture. *Pest Manag Sci*; 76: 2874–2877
- Blumwald E., Tel-or E. (1982). Osmoregulation and cell composition in salt-adaptation of *Nostoc muscorum*. *Arch. Microbiol.* 132: 168–172, 1982.
- Bradford M.M., (1976). A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical biochemistry* 72.1-2, 248-254.
- Brião V.B., Sbeghen A.L., Colla L.M. et al. (2020). Is downstream ultrafiltration enough for production of

food-grade phycocyanin from *Arthrospira platensis*? J Appl Phycol 32, 1129–1140.  
<https://doi.org/10.1007/s10811-019-02006-1>.

- Browne M.A., Crump P., Niven S.J., Teuten E., Tonkin A., Galloway T., Thompson R. (2011). Accumulation of Microplastic on Shorelines Worldwide: Sources and Sinks. *Environmental Science & Technology* 45, 9175-9179.
- Candela L., Caballero J., Ronen D. (2010). Glyphosate transport through weathered granite soils under irrigated and non-irrigated conditions—Barcelona, Spain. *Science of the total environment*, 408(12), 2509-2516.
- Castañeda R.A., Avlijas S., Simard M.A., Ricciardi A. (2014). Microplastic pollution in St. Lawrence River sediments. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 71(12): 1767-1771.  
<https://doi.org/10.1139/cjfas-2014-0281>.
- Castle L.A., Siehl D.L., Gorton R., Patten P.A., Chen Y.H., Bertain S., et al. (2004). Discovery and directed evolution of a glyphosate tolerance gene. *Science* 304:1151–4.
- Çelekli A., Yavuzatmaca M., Bozkurt H. (2009). Modeling of biomass production by *Spirulina platensis* as function of phosphate concentrations and pH regimes, *Bioresource Technology*, 100(14).  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2009.02.055>.
- Chaiklahan R., Chirasuwan N., Loha V., Tia S., Bunnag B. (2011). Separation and purification of phycocyanin from *Spirulina* sp. using a membrane process, *Bioresource Technology*, 102(14).  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2011.04.067>.
- Chaiklahan R., Chirasuwan N., Loha V., Tia S., Bunnag B. (2011). Separation and purification of phycocyanin from *Spirulina* sp. using a membrane process. *Bioresour Technol* 102:7159–7164.
- Congestri R., Savio S., Farrotti S., Amati A., Krasojevic K., Perini N., Costa F. (2020). Developing a microbial consortium for removing nutrients in dishwasher wastewater: towards a biofilter for its up-cycling. *Water Science and Technology* 82 (6), 1142-1154.
- Costa J.A.V., Barbieri Moro G. M., Daza de Moraes Vaz Batista Filgueira, Corsini E., Elita Bertolin T. (2017). The Potential of *Spirulina* and Its Bioactive Metabolites as Ingested Agents for Skin Care. *Industrial Biotechnology*, 13, 244-252.
- Crawford C.B., Quinn B. (2017). *Microplastic Pollutants* 1st Edition, Elsevier Science Publishing. ISBN: 9780128094068.
- Dabrowska J. (1988). Glyphosate: Herbicidal Effects, Mode of Action and Degradation in Soil. *The American Biology Teacher*. 50, 296–299.
- Davoren M. J., Schiestl R. H. (2018) Glyphosate-based herbicides and cancer risk: a post-IARC decision review of potential mechanisms, policy and avenues of research, *Carcinogenesis*, Volume 39, Issue 10, Pages 1207–1215, <https://doi.org/10.1093/carcin/bgy105>
- Deniz F., Saygideger S.D., Karaman S. (2011). Response to Copper and Sodium Chloride Excess in *Spirulina* sp. (Cyanobacteria) *Bull Environ Contam Toxicol* (2011) 87:11—15. doi: 10.1007/s00128-011-0300-5.
- Deshnium P., Paithoonrangarid K., Suphatrakul Amporn, Meesapyodsuk D., Tanticharoen M., Cheevadhanarak S. (2000). Temperature-independent and -dependent expression of desaturase genes in filamentous cyanobacterium *Spirulina platensis* strain C1. *Microbiol. Lett.* 184, 207-213.

- Dianratri, I. & Hadiyanto, H. & Khoironi, Adian. (2020). The influence of polypropylene- and polyethylene microplastics on the quality of *Spirulina* sp. harvests. *Food Research*. 4. 1739-1743. 10.26656/fr.2017.4(5).157.
- Drzyzga D., Lipok J. (2018). Glyphosate dose modulates the uptake of inorganic phosphate by freshwater cyanobacteria *J Appl Phycol* 30:299–309. doi: 10.1007/s10811-017-1231-2
- Duke S., Powles S. (2008). Mini-review. Glyphosate: a once-in-a-century herbicide. *Pest Manag Sci*, 64, 319–325.
- Duke S.O. (1985). Biosynthesis of phenolic compounds-chemical manipulation in higher plants. *American Chemical Society Symposium Series*, 268, 113-131.
- Duke S.O., Baerson S.R., Rimando A.M. (2003). Herbicides: glyphosate. In: Plimmer J.R., Gammon D.M., Ragsdale N.N., editors. *Encyclopedia of agrochemicals*. New York: John Wiley. 708-869.
- Duran Q.C., Ventura A., Lépine O., Pruvost J. (2021). Eco-design of spirulina solar cultivation: Key aspects to reduce environmental impacts using Life Cycle Assessment, *Journal of Cleaner Production*, 299. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2021.126741>.
- El-Kassas H.Y., Heneash A.M.M., Hussein N.R. (2015). Cultivation of *Arthrospira* (*Spirulina*) *platensis* using confectionary wastes for aquaculture feeding, *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, Volume 13, Issue 2, 2015, Pages 145-155, ISSN 1687-157X, <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2015.08.003>.
- El-Shenody R.A., Ashour M., Ghobara M.M.E. (2019). Evaluating the chemical composition and antioxidant activity of three Egyptian seaweeds *Dictyota dichotoma*, *Turbinaria decurrens*, and *Laurencia obtusa*. *Braz. J. Food Technol.* 22, e2018203.
- Fan J.Y., Genga J.J., Rena H.Q., Wang X.R., Han C. (2013). Herbicide Roundup® and its main constituents cause oxidative stress and inhibit acetylcholinesterase in liver of *Carassius auratus*. *J. Environ. Sci. Health, Part B: Pesticides, Food contaminants, and agricultural wastes*. 48, 844–850.
- Fendall L.S., Sewell M.A. (2009). Contributing to marine pollution by washing your face: Microplastics in facial cleansers. *Marine Pollution Bulletin* 58, 1225-1228.
- Folmar L.C., Sanders H.O., Julin A.M. (1979). Toxicity of the herbicide glyphosate and several of its formulations to fish and aquatic invertebrates. *Arch. Environ. Contam. Toxicol.* 8, 269-278.
- Funke T., Han H., Healy-Fried M.L., Fischer M., Schonbrunn E. (2006). Molecular basis for the herbicide resistance of Roundup Ready crops. *PNAS*, 103(35): 13010–13011. doi\_10.1073\_pnas.0603638103.
- Galgani F., Hanke G., Werner S., Oosterbaan L., Nilsson P., Fleet D., Kinsey S., Thompson R., Van Franeker J., Vlachogianni T., et al. (2013). Monitoring guidance for marine litter in European seas. MSFD GES Technical Subgroup on Marine Litter (TSG-ML). DRAFT REPORT, 120p.
- Galgani F., Léauté J.P., Moguedet P., Souplet A., Verin Y., Carpentier A., Goraguer H., Latrouite D., Andreal B., Cadiou Y., Mahe J.C., Poulard J.C., Nerisson P. (2000). Litter on the Sea Floor Along European Coasts. *Marine Pollution Bulletin* 40, 516-527.
- Giesey J.P., Dobson S., Solomon K.R. (2000). Ecotoxicological risk assessment for Roundup herbicide. *Rev. Environ. Contam. Toxicol.* 167, 35-120.
- Gresshoff P.M. (1979). Growth inhibition by glyphosate and reversal of its actions by phenylalanine and tyrosine. *Aust J Plant Physiol.*, 6:177-185.

- Guo X., Wang J. (2019). The chemical behaviors of microplastics in marine environment: A review. *Marine pollution bulletin*, 142, 1-14.
- Hadiyanto H., Muslihuiddin M., Khoironi A. et al. (2021). The effect of salinity on the interaction between microplastic polyethylene terephthalate (PET) and microalgae *Spirulina* sp. *Environ Sci Pollut Res*. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-16286-z>.
- Halden R.U. (2010). Plastics and Health Risks. *Annual Review of Public Health* 2010 31:1, 179-194. doi: 10.1146/annurev.publhealth.012809.103714.
- Herrera A., Boussiba S., Napoleone V. et al. (1989). Recovery of c-phycoerythrin from the cyanobacterium *Spirulina maxima*. *J Appl Phycol* 1, 325–331. <https://doi.org/10.1007/BF00003469>.
- Hongsthong A., Sirijuntarut M., Yutthanasirikul R., Senachak J., Kurdrud P., et al. (2009). Subcellular proteomic characterization of the high-temperature stress response of the cyanobacterium *Spirulina platensis*. *Proteome Sci* 7: 33.
- Hu L., Peng X., Yongguang J., Mingjie D., Zixi C., Hui L., Zhangli H., Anping L., Wang J. (2018). Transgenerational Epigenetic Inheritance Under Environmental Stress by Genome-Wide DNA Methylation Profiling in Cyanobacterium. *Frontiers in Microbiology* 9: 1479. doi: 10.3389/fmicb.2018.01479.
- Iltis A. (1969) Phytoplankton des eaux natronées du Kanem (Tchad). I. Les lacs permanents à Spirulines. *Cah ORSTOM, sér Hydrobiol.* 3, 29–44.
- Jambeck J.R., Geyer R., Wilcox C., Siegler T.R., Perryman M., Andrady A., Narayan R., Lavender K., Law K.L. (2015). Plastic waste inputs from land into the ocean. *SCIENCE*, Vol 347, Issue 6223 pp. 768-771. doi: 10.1126/science.1260352.
- Janssen P.J., Morin N., Mergeay M., Leroy B., Wattiez R., et al. (2010). Genome sequence of the edible cyanobacterium *Arthrospira* sp. PCC 8005. *J Bacteriol* 192:2465–2476.
- JRC (2011). MSFD GES Technical Subgroup on Marine Litter. Technical Recommendations for the Implementation of MSFD Requirements. [www.publications.jrc.ec.europa.eu](http://www.publications.jrc.ec.europa.eu)
- Kadlubowska, J. Z. (1984). Süßwasserflora von Mitteleuropa. Band 16, Chlorophyta VIII. Conjugatophyceae I: Zygnemales. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart
- Kaewdam S., Jaturonglumlert S., Varith J., Nitatwichit C., Narkprasom K. (2019). Kinetic models for phycoerythrin production by fed-batch cultivation of the *Spirulina platensis*. *International Journal of Geomatics, Sept.*, Vol.17, Issue 61, pp. 187 – 194. doi: <https://doi.org/10.21660/2019.61.89205>.
- Karasali H., Maragou N. (2016). Pesticides and Herbicides: Types of Pesticide. Benjamin Caballero, Paul M. Finglas, Fidel Toldrá, *Encyclopedia of Food and Health*, Academic Press, 319-325.
- Khalil Z.I., Asker M.M.S., El-Sayed S., Kobbia I.A. (2010). Effect of pH on growth and biochemical responses of *Dunaliella bardawil* and *Chlorella ellipsoidea*. *World J Microbiol Biotechnol*, 26, 1225-1231.
- Kiss É., Knoppová J., Aznar G.P., et al. (2019). A Photosynthesis-Specific Rubredoxin-Like Protein Is Required for Efficient Association of the D1 and D2 Proteins during the Initial Steps of Photosystem II Assembly. *Plant Cell*. 31(9):2241-2258. doi:10.1105/tpc.19.00155.
- Kjaer J., Olsen P., Ullum M., Grant R. (2005). Leaching of glyphosate and mono methylphosphonic acid from Danish agricultural field sites. *J Environ Qual*, 34, pp. 608-620.

- Komárek J. & Hauer T. (2011). CyanoDB.cz - On-line database of cyanobacterial genera. - Word-wide electronic publication, Univ. of South Bohemia & Inst. of Botany AS CR, <http://www.cyanodb.cz>
- Komárek J., Anagnostidis K. (2005). Cyanoprokaryota 2. Teil: Oscillatoriales. Elsevier GmbH, Munchen, 759 p.
- Kovač Viršek M., Palatinus A., Koren Š., Peterlin M., Horvat P., Kržan A. (2016). Protocol for Microplastics Sampling on the Sea Surface and Sample Analysis, *Journal of Visualized Experiments* 2016(118), DOI:10.3791/55161
- Kumar S., Cheng J., Kubar A.A., Guo W., Song Y., Liu S., Chen S., Tian J. (2021). Orange light spectra filtered through transparent colored polyvinyl chloride sheet enhanced pigment content and growth of *Arthrospira* cells. *Bioresource Technology*, Volume 319, 124179, ISSN 0960-8524, <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2020.124179>.
- Laemmli U.K. (1970). Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*. Aug 15;227(5259):680-5. doi: 10.1038/227680a0. PMID: 5432063.
- Law K.L. (2017). Plastics in the marine environment. *Annual Review of Marine Science* 2017 9:1, 205-229.
- Lee S., Kim J., Kennedy I.R., Park J., Kwon G., Koh S., Kim J.E. (2003). Biotransformation of an organochlorine insecticide, endosulfan, by *Anabaena* species. *J. Agric. Food Chem.* 51: 1336-1340.
- Liao H., Li X., Yang Q., Bai Y., Cui P., Wen C., Liu C., Chen Z., Tang J., Che J., Yu Z., Geisen S., Zhou S., Friman Y.P., Zhu Y.G. (2021). Herbicide Selection Promotes Antibiotic Resistance in Soil Microbiomes. *Mol Biol Evol*;38(6):2337-2350. doi:10.1093/molbev/msab029.
- Lipok J., Owsiak T., Młynarz P., Forlani G., Kafarski P. (2007). Phosphorus NMR as a tool to study mineralization of organophosphonates—The ability of *Spirulina* spp. to degrade glyphosate. *Enzyme and Microbial Technology* 41, 286–291.
- Lipok J., Studnik H., Gruyaert S., (2010) The toxicity of Roundup® 360 SL formulation and its main constituents: Glyphosate and isopropylamine towards non-target water photoautotrophs, *Ecotoxicology and Environmental Safety*, Volume 73, Issue 7,
- Lu T., Xu N., Zhang Q., Zhang Z., Debognies A., Zhou Z., Qian H. (2020). Understanding the influence of glyphosate on the structure and function of freshwater microbial community in a microcosm. *Environmental Pollution*, 260, 114012.
- Lu W., Li L., Chen M., Zhou Z., Zhang W., Ping S., Yan Y., Wang J., Lin M. (2013), Genome-wide transcriptional responses of *Escherichia coli* to glyphosate, a potent inhibitor of the shikimate pathway enzyme 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase. *Mol BioSyst.* 9, 522.
- Magni S., Binelli A., Pittura L., Avio C.G., Della Torre C., Parenti C.C., Gorbi S., Regoli F. (2019). The fate of microplastics in an Italian Wastewater Treatment Plant. *Sci Total Environ.* 2019 Feb 20; 652:602-610. doi: 10.1016/j.scitotenv.2018.10.269. Epub 2018 Oct 21. PMID: 30368189.
- Manen J., Falquet J. (2002). The *cpcB–cpcA* locus as a tool for the genetic characterization of the genus *Arthrospira* (Cyanobacteria): evidence for horizontal transfer. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 52, 861-867.
- Marrs T.C., Ballantyne B. (2004). *Pesticide Toxicology and International Regulation*, 554 pp. John Wiley & Sons, Ltd., Chichester, West Sussex, England. ISBN 0-471-49644-8.

- Maryati M., Saifudin A., Wahyuni S., Rahmawati J., Arrum A., Priyunita O., Aulia A., Putra F.P.H., As'hari Y., Rasyidah U.M., Fadhilah A., Muflihah C.H., Da'I M. (2020). Cytotoxic effect of *Spirulina platensis* extract and *Ulva compressa* Linn. on cancer cell lines. *Food Research* 4 (4): 1018 – 1023, 2020. [https://doi.org/10.26656/fr.2017.4\(4\).389](https://doi.org/10.26656/fr.2017.4(4).389).
- Matallana-Surget S., Derock J., Leroy B., Badri H., Deschoenmaeker F., et al. (2014). Proteome-Wide Analysis and Diel Proteomic Profiling of the Cyanobacterium *Arthrospira platensis* PCC 8005. *PLoS ONE* 9(6): e99076. doi: 10.1371/journal.pone.0099076.
- Mi H., Dong Q., Muruganujan A., Gaudet P., Lewis S. and Thomas P.D. (2010). PANTHER version 7: improved phylogenetic trees, orthologs and collaboration with the Gene Ontology Consortium. *Nucl. Acids Res.* 38: D204-D210.
- Mitsunori I. (1987). Kinetic analysis of the growth of *Spirulina* sp. in batch culture. 65(3), 267–275.
- Mostafa M.S. Ismaïela, Piercey-Normorea M.D., Rampitsch C. (2018). Proteomic analyses of the cyanobacterium *Arthrospira* (*Spirulina*) *platensis* under iron and salinity stress. *Environmental and Experimental Botany* 147 63–74. ISSN 0098-8472, <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2017.11.013>.
- Motta E.V.S., Raymann K., Moran N.A. (2018). Glyphosate perturbs the gut microbiota of honey bees. *Proc Natl Acad.* 115, 10305-10310.
- Mulders K.J., Lamers P.P., Martens D.E., Wijffels R.H. (2014). Phototrophic pigment production with microalgae: biological constraints and opportunities. *J Phycol.* 50(2):229-42. doi: 10.1111/jpy.12173. Epub 2014 Mar 15. PMID: 26988181.
- Nagib A., Dong-Gi L., Ki-Won L., Iftekhar A., Sang-Hoon L., Bahk J.D., Byung-Hyun L. (2008). Glyphosate-induced oxidative stress in rice leaves revealed by proteomic approach, *Plant Physiology and Biochemistry*, 46, Issue 12, 2008. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2008.07.002>.
- Nagwa I.E., Abdelhadi A., Rasha H.A., Saleh I., Arif I.A., Osman G., Ahmed S.D. (2020). *Bacillus aryabhatai* FACU: A promising bacterial strain capable of manipulate the glyphosate herbicide residues. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 27(9). <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.06.050>.
- Newton M., Howard K.M., Kelpas B.R., Danhaus R., Lottman C.M., Dubelman S. (1984). Fate of glyphosate in Oregon forest ecosystem. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 32, 1144-1151.
- Ngatia, L., Grace, J. M. III, Moriasi, D., and Taylor, R. (2019). "Nitrogen and phosphorus eutrophication in marine ecosystems," in *Monitoring of Marine Pollution*, ed. H. B. Fouzia (London: IntechOpen), doi: 10.5772/intechopen.81869
- Niangoran N.U.F., Buso D., Zisis G., Prudhomme T. (2021). Influence of light intensity and photoperiod on energy efficiency of biomass and pigment production of *Spirulina* (*Arthrospira platensis*). *OCL* 28 37. doi: 10.1051/ocl/2021025.
- Norling B., Zak E., Andersson B., Pakrasi H. (1998). 2D-isolation of pure plasma and thylakoid membranes from the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803. *FEBS Lett* 436: 189–192.
- Padan E., Zilberstein D., Schuldiner S. (1981). pH Homeostasis in bacteria. *Biochim Biophys Acta.* 650, 151-166.
- Peter G.F., Thornber J.P. (1991). Biochemical composition and organization of higher plant photosystem II light-harvesting pigment-proteins. *J Biol Chem.* Sep 5;266(25):16745-54. PMID: 1885603.

- Pollegioni L., Schonbrunn E., Siehl D. (2011). Molecular basis of glyphosate resistance—different approaches through protein engineering, *FEBS Journal* 278 2753–2766.
- Pöppe J., Bote K., Ramesh A., Murugaiyan J., Kuroпка B., Kühl M., Johnston P., Roesler U., Makarova O. (2020). Selection for resistance to a glyphosate-containing herbicide in *Salmonella enterica* does not result in a sustained activation of the resistance response of increased cross-resistance and cross-resistance to clinically important antibiotics. *Appl Environ Microbiol.* 86, 01204-20.
- Powell H.A., Kerby N.W., Rowell P., Mousdale D.M., Coggins J.R. (1992). Purification and properties of a glyphosate-tolerant 5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase from the cyanobacterium *Anabaena variabilis*. *Planta*.188(4):484-90. doi: 10.1007/BF00197039. PMID: 24178379.
- Raposo M.F., de Morais R.M., Bernardo de Morais A.M. (2013). Bioactivity and applications of sulphated polysaccharides from marine microalgae. *Mar Drugs.* 11(1):233-252. Published 2013 Jan 23. doi:10.3390/md11010233.
- Rochman C.M., Brookson C., Bikker J., Djuric N., Earn A., Bucci K., Athey S., Huntington A., McIlwraith H., Munno K. (2019). Rethinking microplastics as a diverse contaminant suite, *Environmental Toxicology and Chemistry* 38(4):703-711.
- Rodríguez-Sánchez R., Ortiz-Butrón R., Blas-Valdivia V., Hernández-García A., Cano-Europa E. (2012). Phycobiliproteins or C-phycoyanin of *Arthrospira (Spirulina) maxima* protect against HgCl<sub>2</sub>-caused oxidative stress and renal damage. *Food Chemistry*, 135, ( 4). <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2012.07.063>.
- Saling P., Gyuzeleva L., Wittstock K., Wessolowski V., Griesshammer R. (2020). Life cycle impact assessment of microplastics as one component of marine plastic debris. *Int J Life Cycle Assess* 25, 2008–2026 (2020). <https://doi.org/10.1007/s11367-020-01802-z>.
- Seghiri R., Legrand J., Hsissou R., Essamri A. (2021), *Algal Res*, 53 Article 102165, Comparative study of the impact of conventional and unconventional drying processes on phycobiliproteins from *Arthrospira platensis*
- Sellner K.G. (1997). Physiology, ecology, and toxic properties of marine cyanobacteria blooms. *Limnol. Oceanogr.* 42: 1089-1104.
- Sharma A. et al. (2018). Potential of Endophytic Bacteria in Heavy Metal and Pesticide Detoxification. In: Egamberdieva D., Ahmad P. (eds) *Plant Microbiome: Stress Response*. Microorganisms for Sustainability, vol 5. Springer, Singapore. [https://doi.org/10.1007/978-981-10-5514-0\\_14](https://doi.org/10.1007/978-981-10-5514-0_14).
- Tabagari I., Kurashvili M., Varazi T., Adamia G., Gigolashvili G., Pruidze M., Chokheli L., Khatisashvili G., von Fragstein und Niemsdorff, P. (2019). Application of *Arthrospira (Spirulina) platensis* against Chemical Pollution of Water. *Water* 11, 1759.
- Tomaselli L., Giovannetti L., Sacchi A., Bocci F. (1988). Effects of temperature on growth and biochemical composition in *Spirulina platensis* strain M2. In: Staedler T., Mollion J., Verdus M.C., Karamanos Y., Morvan H., Christiaen D. (eds) *Algal biotechnology*. Elsevier Applied Sciences, London/New York, 305–314.
- Tomaselli L., Palandri M.R., Tredici M.R. (1996). On the correct use of the *Spirulina* designation. *Arch Hydrobiol Suppl* 116 *Algol Stud* 1996, 83, 539–548.
- Van Eykelenburg C. (1978). A glucan from the cell wall of the cyanobacterium *Spirulina platensis*. *Antonie van Leeuwenhoek J. Microbiol. Serol.* 44, 321-327.



- Vonshak A., Abeliovich A., Boussiba S., Arad S., Richmond A. (1982). Production of *Spirulina* biomass: effects of environmental factors and population density. *Biomass*. 2, 175–185.
- Vonshak A., Boussiba S., Abeliovich A., Richmond A. (1983). Production of *Spirulina* biomass: maintenance of monoalgal culture. *Biotechnol Bioeng*. 25, 341–351.
- Vonshak A., Tomaselli L. (2000). *Arthrospira*/*Spirulina*: Systematics and Ecophysiology. In: Whitton A, Potts M, editors. *The ecology of cyanobacteria*. The Netherlands: Kluwer Academic Publishers; pp. 505–522.
- WHO (1994). *Environmental Health Criteria 159, Toxicological Evaluations - Glyphosate*; International Programme on Chemical Safety, World Health Organization: Geneva, Switzerland.
- Wided O., Khazri A., Mezni A., Samir T. (2021). Protective role of *Spirulina platensis* against glyphosate induced toxicity in marine mussel *Mytilus galloprovincialis*, *Journal of Environmental Science and Health, Part C*, DOI: 10.1080/26896583.2021.1954833.
- Wilm M., Shevchenko A., Houthaeve T., Breit S., Schweigerer L., Fotsis Th, Mann M., (1996). Femtomole sequencing of proteins from polyacrylamide gels by nanoelectrospray mass spectrometry. *Nature*, 379:466-469. EMBL Protein and Peptide Group.
- Yaakob Z., Ali E., Zainal A., Mohamad M., Takriff M.S. (2014). An overview: biomolecules from microalgae for animal feed and aquaculture *J. Biol. Res. Thessaloniki*, 21, 6.
- Yadav I.C., Devi N.L. (2017). Pesticides classification and its impact on human and environment, *Environmental Science and Engineering*, Vol. 6: Toxicology, pp. 140-158.
- Yu H., Peng J., Cao X., Wang Y., Zhang Z., Xu Y., Qi W. (2021). Effects of microplastics and glyphosate on growth rate, morphological plasticity, photosynthesis, and oxidative stress in the aquatic species *Salvinia cucullata*, *Environmental Pollution*, 279. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.116900>.
- Zabed H.M., Akter S., Yun J., Zhang G., Zhang Y., Qi X. (2020). Biogas from microalgae: Technologies, challenges and opportunities. *Renew. Sustain. Energy Rev*. 117, 109503.
- Zaki M.A., Ashour M., Heneash A.M.M., Mabrouk M.M., Alprol A.E., Khairy H.M., Nour A.M., Mansour A.T., Hassanien H.A., Gaber A., Elshobary M.E. (2021). Potential Applications of Native Cyanobacterium Isolate (*Arthrospira platensis* NIOF17/003) for Biodiesel Production and Utilization of Its Byproduct in Marine Rotifer (*Brachionus plicatilis*) Production. *Sustainability*, 13, 1769.
- Zarrouk, C. (1966). Contribution à l'étude d'une cyanophycée. Influence de divers facteurs physiques et chimiques sur la croissance et la photo-synthèse de *Spirulina maxima*. Ph.D. Thesis, Paris.
- Zhang Y., Kang S., Allen S., Allen D., Gao T., Sillanpää M. (2020). Atmospheric microplastics: A review on current status and perspectives, *Earth-Science Reviews*, Volume 203, 103118, ISSN 0012-8252, <https://doi.org/10.1016/j.earscirev.2020.103118>.
- Zocchi M., Sommaruga R. (2019). Microplastics modify the toxicity of glyphosate on *Daphnia magna*. *Sci Total Environ*. 697:134194. doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134194.

UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA



Dipartimento di CHIMICA  
E TECNOLOGIE CHIMICHE – CTC

Al Direttore del Dipartimento

- SEDE -

**Oggetto: comunicazione accordo di riservatezza**

Gent.ma Direttrice,

sollecitata dagli uffici dell'Avvocatura di Ateneo, trasmetto per opportuna conoscenza l'accordo di riservatezza tra il responsabile scientifico Prof.ssa Silvia Mazzuca e l' Ing Francesco Antonio Fagà Direttore Tecnico e Scientifico della Impresa Biorisi srls, con domicilio in via Jan Palach n.1, Lamezia Terme (CZ) stipulata in data 15 Aprile 2019, con l'obiettivo di realizzare il progetto di cui all'allegato 1 dell'accordo.

Si precisa che la stesura del presente accordo di riservatezza in tutte le sue parti e le procedure in tutte le fasi sono state definite e monitorate in accordo con gli uffici dell'Avvocatura di Ateneo nella persona del suo Dirigente Avv. Giovanni Macri.

Il presente accordo è stato redatto in triplice copia, di cui una copia è depositata negli uffici dell'Avvocatura di Ateneo, una presso la Ditta Biorisi e la terza è allegata alla presente comunicazione

*Rende 4 Marzo 2020*

Cordialmente

Prof.ssa Silvia Mazzuca

## Generale Accordo di Divulgazione di Riservatezza

Questo accordo, in data 15 Aprile 2019 ("Data Effettiva"), è tra:

- (1) UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA, Laboratorio di Biologia e Proteomica vegetale (Lab.Bio.Pro.Ve.), Dipartimento di Chimica e Tecnologie Chimiche, con domicilio in Cubo 12C Ponte Bucci, Università della Calabria, 87036 Rende (CS), Italia, agendo con e attraverso il Professore Associato in Biologia Vegetale Silvia MAZZUCA,

d'ora in poi **UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA**,

- (3) Ing. Francesco Antonio Fagà, Direttore Tecnico e Scientifico della Impresa BIORISI srls, impresa "start up innovativa", con domicilio in Via Jan Palach n.1, Lamezia Terme (CZ) Italia, P.IVA 03669780797;

d'ora in poi **BIORISI**.

UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA e BIORISI saranno di seguito individualmente o collettivamente denominati "Parte" o "Parti".

### CONSIDERANDO

- (A) UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA. Il Laboratorio di Biologia e Proteomica Vegetale è un laboratorio attivo nello studio dei meccanismi di risposta verso eventi di stress di specie vegetali marine e acquatiche attraverso l'analisi biochimica, genomica e del pattern proteico finalizzate alla loro conservazione e monitoraggio con preziose informazioni di natura segreta e riservata relativo ad esso;
- (B) BIORISI è una impresa concessionaria di Brevetto industriale dell'impresa argentina Oil Fox S.A., regolarmente registrato, nei termini del Trattato di Parigi (1883), presso le competenti autorità argentine, identificato con numero AR70504B1 del 19.02.2016 sotto il titolo "ISTALLAZIONE PER LA COLTIVAZIONE ESTENSIVA ED INTENSIVA DI MICROALGHE IN SERRE TUBOLARI TIPO CAROSELLO", in lingua spagnola: "Patente de Invencion" en idioma español, identificado con numero AR70504B1 del 19.02.2016 bajo el titulo "INSTALACION PARA EL CULTIVO EXTENSIVO E INTENSIVO DE MICROALGAS EN INVERNADEROS DE ESTRUCTURA TUBOLAR TIPO CARUSEL" ed appunto intestato a Oil Fox S.A. con domicilio in Avenida Belgrano 1683 1er piso, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina, número di fax + 54 11 43837799, CUIT 30-70605015-5, e mail [correoik@oilfox.com.ar](mailto:correoik@oilfox.com.ar); sito web [www.oilfox.com.ar](http://www.oilfox.com.ar).
- (C) BIORISI desidera acquisire nuove conoscenze sulla variazione della componente proteica di cianobatteri e alghe in relazione a condizioni colturali e ciclo vitale, sulla espressione e qualità di metaboliti secondari e sull'efficienza fotosintetica, d'ora in poi riferito come "**Progetto 1**";
- (D) Le Parti hanno convenuto di attuare il presente accordo, che formalizza la situazione per il Progetto 1, e che prevede la protezione della riservatezza per i futuri rapporti di ricerca, e anche commerciali, tra le Parti, di seguito denominati "Progetti"
- (E) Ogni Parte intende divulgare determinate "Informazioni Riservate" all'altra Parte. Lo "Scopo" di tale divulgazione è di consentire a ciascuna Parte (i) di valutare i Progetti e i relativi rapporti di ricerca e commerciali potenziali. Il Progetto 1 e ogni nuovo Progetto che rientrerà in futuro nel presente accordo saranno elencati separatamente nella "Appendice" allegata e gli obblighi previsti dal presente accordo per il Progetto avranno una data effettiva equivalente alla data di inizio indicata nell'Appendice per quel Progetto, come recitato sotto paragrafo 14 del presente accordo. In considerazione di ciascuna Parte che rende tali informazioni riservate disponibili all'altra parte, le Parti concordano quanto segue:

In questo accordo:

1. **Informazioni Riservate** indicano lo Scopo e tutte le informazioni relative alla sua attività, attività e prodotti, rese disponibili dal Comunicante (come in seguito definito) o da una delle sue Persone

Correlate (come qui di seguito definito) al Destinatario (come di seguito definito) o qualsiasi delle relative Persone Correlate incluse (a titolo esemplificativo) tecniche e processi produttivi e operativi, informazioni scientifiche e know-how tecnico relativi a qualsiasi materiale, prodotto o processo, incluse le invenzioni (brevettabili o meno) e ridotte o meno alla scrittura o registrate in qualsiasi altra forma tangibile, piani aziendali, informazioni commerciali, l'esistenza delle attuali discussioni tra le parti, questo accordo e le disposizioni del presente documento, sia divulgate oralmente, sia per iscritto o mediante ispezione visiva o in qualsiasi altra forma (compresa la forma magnetica o digitale), prodotto, materiale campione o prototipo, ma escludendo le informazioni che sono:

- i. al momento della divulgazione al Destinatario, pubblicamente disponibile o successivamente diventi tale, diversamente da qualsiasi violazione del presente Accordo da parte del Destinatario o delle sue Persone Correlate o qualsiasi altro obbligo di riservatezza dovuto dal Destinatario o dalle sue Persone Correlate al Comunicante;
- ii. noto al Destinatario prima della data in cui viene divulgato dal Comunicante o dalle sue Persone Correlate o ottenuto legalmente dal Destinatario dopo tale data, diverso dal Comunicante o da una delle sue Persone Correlate e che, in entrambi i casi, non è stato ottenuto in violazione di qualsiasi obbligo di riservatezza per il Comunicante;
- iii. scoperto individualmente dopo la data di questo accordo dal Destinatario o dalle sue Persone Correlate senza l'aiuto, l'applicazione o l'uso di alcuna Informazione Riservata; o
- iv. approvato per il rilascio previa autorizzazione scritta del Comunicante;

Le Informazioni Riservate non si ritengono comprese nelle eccezioni sopra specificate ("Eccezioni") semplicemente perché sono recepite da informazioni più generali contenute nelle Eccezioni.

2. "**Comunicante**" indica UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA o BIORISI, a seconda dei casi, nella sua qualità di divulgatore di Informazioni riservate all'altra;
3. "**Destinatario**" indica UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA o BIORISI, a seconda dei casi, in qualità di destinatario di Informazioni riservate dall'altro;
4. "**Persone Correlate**" indica, nei confronti di un individuo, i consulenti, agenti, clienti, effettivi e potenziali e anche personale di ricerca delle Parti; nei confronti di una società, delle società collegate, delle imprese controllate, delle imprese madri, degli amministratori e dei dipendenti in qualsiasi tempo durante il periodo in cui si applicano le disposizioni del presente accordo.
5. In considerazione che il Comunicante accetta di divulgare Informazioni Riservate al Destinatario, il Destinatario si impegna nei confronti del Comunicante a:
  - a. mantenere segrete tutte le informazioni riservate;
  - b. utilizzare le Informazioni riservate solo per lo Scopo del presente accordo;
  - c. divulgare le Informazioni riservate solo alle Persone Correlate del Destinatario solo se strettamente necessario allo Scopo e altre persone che il Comunicante ha concordato per iscritto che possono riceverlo;
  - d. fare copie delle Informazioni riservate solo se potrebbero essere necessarie per raggiungere lo Scopo;
  - e. assicurare che ogni Persona Correlata o persona a cui sono divulgate Informazioni Riservate sia pienamente consapevole degli obblighi del Destinatario ai sensi del presente accordo e richieda che ciascuna Persona Correlata o persona in questione rispetti gli obblighi come se fossero parte di questo accordo. A scanso di equivoci, il Destinatario rimarrà responsabile nei confronti del Comunicante in caso di mancato rispetto da parte di una delle sue Persone Correlate o delle sue persone dei termini e delle condizioni del presente accordo in merito all'uso e alla riservatezza delle Informazioni Riservate;
  - f. fornire tutta l'assistenza ragionevolmente richiesta dal Comunicante per consentire al Comunicante di impedire qualsiasi uso improprio delle Informazioni Riservate da parte di qualsiasi Persona Correlata del Destinatario.
6. Il Destinatario può divulgare le Informazioni Riservate nella misura richiesta da un ordine di qualsiasi tribunale di giurisdizione competente o qualsiasi autorità giudiziaria, governativa, regolamentare o di

vigilanza competente o dalle regole di qualsiasi autorità di quotazione o borsa valori o dalle leggi o regolamenti di qualsiasi paese con giurisdizione sugli affari del Destinatario o del Comunicante. In tali casi, il Destinatario (nella misura consentita dalla legge, regolamento, ordine o norma e ragionevolmente praticabile) informa il Comunicante delle circostanze complete e delle informazioni richieste da divulgare e consulta il Comunicante in merito a possibili misure da evitare o limitare la divulgazione.

7. Se il Comunicante lo richiede in forma scritta, il Destinatario deve restituire al Comunicante o distruggere tutti i documenti originali e di copia contenenti Informazioni riservate e analisi, studi, compilazioni e altri materiali derivati dalle Informazioni Riservate. Nonostante le disposizioni contenute nel presente paragrafo, il Destinatario ha il diritto di conservare una copia di ciascuna voce di Informazioni riservate esclusivamente ai fini della sua documentazione.
8. Nessuna dichiarazione o garanzia è concessa o fornita in merito all'accuratezza o alla completezza delle Informazioni Riservate o alla ragionevolezza delle ipotesi su cui si fondano le stesse, e il Destinatario accetta, per sé e per conto delle Persone Correlate, con il Comunicante, per sé e per ciascuna delle sue Persone Correlate, che (fatta salva qualsiasi responsabilità per frode) né il Comunicante né alcuna delle sue Persone Correlate avrà alcuna responsabilità nei confronti del Destinatario o di una delle sue Persone Correlate derivanti da l'uso di informazioni riservate.
9. Il presente accordo non deve essere interpretato come prova di alcun intento contrattuale e ciascuna delle Parti può scegliere di non concludere un rapporto commerciale o contrattuale con l'altro o di avviare simili discussioni o rapporti contrattuali con terze parti in relazione alle informazioni riservate che ha divulgato ai sensi del presente accordo.
10. La divulgazione da parte di una delle Parti qui di seguito all'altra delle Informazioni riservate non conferisce alcun diritto di proprietà sull'altra ed è solo per lo scopo di questo accordo. In particolare (senza limitazioni) si concorda che questo accordo non richiede ad alcuna delle Parti di sviluppare, annunciare o consegnare alcun prodotto e nessuna licenza è concessa direttamente o indirettamente da una delle Parti all'altra sotto qualsiasi brevetto, marchio, copyright o altro proprietà intellettuale attualmente detenuta da o che può essere ottenuta da o che è o può essere concessa in licenza da esso.
11. Il Destinatario non utilizzerà le Informazioni Riservate o i risultati di alcun test, analisi, indagine o sviluppo basati su alcuna Informazione Riservata (indipendentemente dal fatto che sia stata ottenuta o meno nell'ambito dello Scopo) per richiedere o acquisire diritti di proprietà intellettuale registrati in qualsiasi nazione. Nella misura in cui il Destinatario è in violazione dei suoi obblighi nel presente paragrafo, il Destinatario deve detenere tale diritto o richiesta di conseguenza sul trust al Comunicante.
12. Fatti salvi eventuali altri diritti e rimedi che una parte possa avere, il Destinatario (per sé stesso e per conto delle persone collegate) riconosce e accetta che i soli danni non costituirebbero un rimedio adeguato per eventuali violazioni da parte del Destinatario o di uno qualsiasi delle sue Persone Correlate delle disposizioni del presente accordo, e che i rimedi per ingiunzioni e prestazioni specifiche, nonché qualsiasi altro equo rilievo per qualsiasi violazione minacciata o effettiva delle disposizioni del presente accordo da parte del Destinatario e / o una delle sue persone collegate sarebbero rimedi più appropriati e che nessuna prova di danni speciali sarà necessaria per l'applicazione del presente accordo.
13. Nessuna violazione da parte di una delle Parti nell'esercizio di qualsiasi diritto, potere o privilegio costituisce una rinuncia da parte di tale Parte a qualsiasi diritto, potere o privilegio, né un suo esercizio singolo o parziale preclude qualsiasi ulteriore esercizio di tale diritto, potere o privilegio.
14. Questo accordo diventerà effettivo alla data di entrata in vigore. Gli obblighi previsti dal presente accordo rimarranno in vigore per un periodo di quattro (4) anni dopo la data di validità, salvo che l'obbligo del Destinatario di restituire informazioni riservate al Comunicante sopravviverà fino al completo adempimento. La data di validità di ciascun Progetto è la data di inizio menzionata nell'Appendice per quel Progetto. Questo accordo non è trasferibile o cedibile ad altri soggetti.
15. Il presente contratto è regolato e interpretato in conformità con le leggi italiane e le Parti concordano di presentare tutte le controversie derivanti o in connessione con l'interpretazione, l'esecuzione e / o la risoluzione del presente accordo, che non può essere risolta in modo amichevole tra le parti, alla giurisdizione dei tribunali di Cosenza.


Eseguito in tre (3) copie originali.

UNIVERSITÀ DELLA BIORISI  
CALABRIA

Data:

Silvia MAZZUCA

Associate Professor  
in Plant Biology



Data:

Ing. Francesco Antonio  
FAGA'

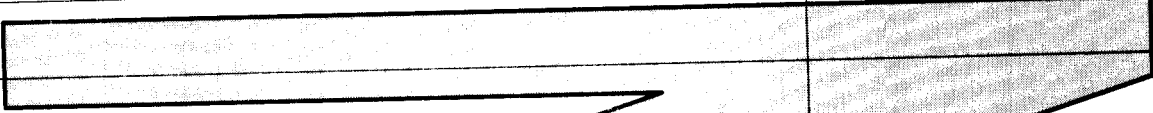

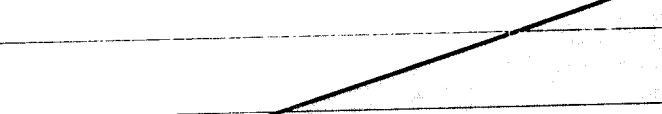
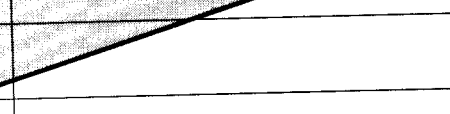


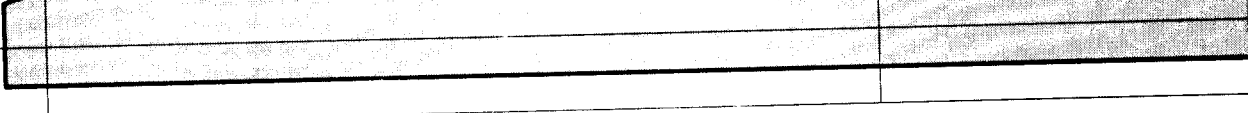
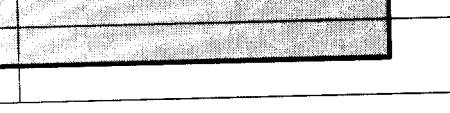
Direttore Tecnico-Scientifico



**BIORISI S.R.L.**

Via Jan Palach n° 1  
88046 Lamezia Terme - CZ  
Partita Iva: 03669780797  
Codice Univoco: W7YVJK9

**APPENDIX General Confidentiality Agreement  
between Azienda BIORISI and UNIVERSITA DELLA CALABRIA  
dated 15 Aprile 2019**

No.	Progetto	Data di inizio
1	Variazione della componente proteica di cianobatteri e alghe in relazione a condizioni colturali e ciclo vitale, sulla espressione e qualità di metaboliti secondari e sull'efficienza fotosintetica	15 Aprile 2019
		
		
		
		

**UNIVERSITÀ DELLA CALABRIA**

**BIORISI**

Data:

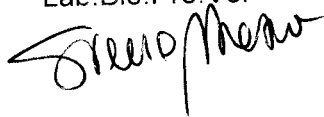
Data:

Prof. Silvia MAZZUCA

Ing. Francesco Antonio FAGA'

Responsabile scientifico  
Lab. Bio. Pro. Ve.

Direttore Tecnico-Scientifico

**BIORISI S.R.L.**  
Via Jan Palach n° 1/  
88046 Lamezia Terme - CZ  
Partita Iva: 03669780797  
Codice Univoco: W7YVJK9

**Tabella Supplementare A:**

Tutti i dati biochimici relativi ai grafici inseriti nel testo. A) Biomassa CTRL-Gly; B) Biomassa CTRL – Gly + Microplastiche; C) Clorofilla “a” CTRL-Gly; D) Clorofilla “a” – CTRL- Gly+Microplastiche; E) Carotenoidi CTRL-Gly; F) Carotenoidi CTRL – Gly + Microplastiche; G) Ficocianina CTRL-Gly; H) Ficocianina CTRL – Gly + Microplastiche.

**A)**

Controllo (Abs 680 nm)								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media controllo	SD	
0	0,327	0,296	0,395	0,331	0,304	0,3306	0,02592	
7	0,374	0,297	0,403	0,396	0,317	0,3574	0,04032	
14	0,792	0,757	0,703	0,602	0,508	0,6724	0,09392	
21	1,03	0,982	0,752	0,701	0,694	0,8318	0,13936	
28	1	1,15	0,932	1	1,1	1,0364	0,07088	
35	0,897	0,795	0,727	0,889	0,932	0,848	0,0696	
42	0,42	0,4	0,603	0,52	0,68	0,5246	0,09352	
Glifosato 0,2 mM (Abs 680 nm)								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media	SD	P value T-student Gly vs controllo
0	0,421	0,302	0,241	0,312	0,289	0,313	0,0432	0,340468
7	0,568	0,601	0,498	0,578	0,502	0,5494	0,03952	0,002232
14	0,517	0,603	0,501	0,585	0,523	0,5458	0,03856	0,041405
21	0,291	0,301	0,321	0,268	0,279	0,292	0,0152	0,000767
28	0,274	0,256	0,249	0,276	0,267	0,2644	0,00952	1,99E-05
35	0,221	0,198	0,207	0,232	0,183	0,2082	0,01464	3,86E-05
42	0,214	0,167	0,203	0,212	0,233	0,2058	0,01664	0,001184
p value sull'intera matrice di dati								2,27E-06

**B)**

Controllo (Abs 680 nm)								
Giorni di trattamento	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media	SD	
0	0,2530	0,2600	0,2900	0,2900	0,2230	0,2632	0,0214	
7	0,5270	0,5330	0,5280	0,5630	0,4970	0,5296	0,0147	
14	0,6120	0,6450	0,6330	0,6750	0,5820	0,6294	0,0259	
21	0,8520	0,7890	0,8100	0,8190	0,8220	0,8184	0,0151	
28	0,8880	0,8940	0,8490	0,9240	0,8580	0,8826	0,0233	
35	1,2010	1,1680	1,7000	1,1980	1,1710	1,2876	0,1650	
42	0,7350	0,6880	0,7670	0,7180	0,7050	0,7226	0,0227	
Glifosato 0,2 mM + MPs (Abs 680 nm)								
Giorni di trattamento	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media	SD	P value T-student Gly vs controllo
0	0,4510	0,4380	0,4330	0,4210	0,4080	0,4302	0,0126	9,9675E-05
7	0,5010	0,4750	0,4620	0,4710	0,4450	0,4708	0,0138	0,00264493
14	0,6710	0,6270	0,6680	0,6410	0,5970	0,6408	0,0230	0,26929251
21	0,7100	0,7050	0,7050	0,6800	0,6750	0,6950	0,0140	0,00027952
28	0,6370	0,6120	0,6120	0,6070	0,5820	0,6100	0,0124	1,9335E-05
35	0,4500	0,5630	0,4530	0,4200	0,5330	0,4838	0,0514	0,00112094
42	0,2250	0,2320	0,2400	0,1950	0,2020	0,2188	0,0162	1,2101E-06
p value sull'intera matrice di dati								0,00011673



**Tabella Supplementare A:**

Tutti i dati biochimici relativi ai grafici inseriti nel testo. A) Biomassa CTRL-Gly; B) Biomassa CTRL – Gly + Microplastiche; C) Clorofilla “a” CTRL-Gly; D) Clorofilla “a” – CTRL- Gly+Microplastiche; E) Carotenoidi CTRL-Gly; F) Carotenoidi CTRL – Gly + Microplastiche; G) Ficocianina CTRL-Gly; H) Ficocianina CTRL – Gly + Microplastiche.

**C)**

Chla (mg/L) colture di controllo								
Giorni di coltura	repl.1	repl.2	repl.3	repl.4	repl.5	media	SD	
0	3,8209	2,7197	3,5549	3,8209	3,6309	3,5095	0,3159	
7	3,5875	2,7197	3,5549	3,8209	3,0875	3,3541	0,3604	
14	3,3501	3,5138	2,7605	2,5979	3,1010	3,0647	0,3084	
21	3,3501	3,1764	3,4858	2,9561	2,7855	3,1508	0,2240	
28	4,2146	3,2589	2,7597	3,1336	3,3146	3,3363	0,3513	
35	2,1651	0,8984	1,0839	1,1595	1,8650	1,4344	0,4645	
42	1,9061	2,3220	2,8312	1,6713	1,2061	1,9873	0,4714	
Chla (mg/L) - Glifosato								
Giorni di coltura	repl.1	repl.2	repl.3	repl.4	repl.5	media controllo	SD	P value T-student glifosato vs controllo
0	4,3545	3,9828	4,0893	3,8574	4,2361	4,1040	0,1530	0,019235
7	4,9783	4,2103	3,9621	4,3565	2,9856	4,0986	0,4998	0,03526
14	4,7235	3,9856	4,2569	3,1255	4,3570	4,0897	0,4273	0,004646
21	2,3265	2,1025	1,6589	2,2366	1,2570	1,9163	0,3667	0,001641
28	1,9852	1,5687	0,9855	1,6599	2,5468	1,7492	0,4134	0,001335
35	1,1250	0,9256	0,6585	1,5490	1,8955	1,2307	0,3932	0,226987
42	0,8256	0,6546	0,8569	0,9855	1,5648	0,9775	0,2381	0,034501
p value sull'intera matrice di dati								0,109788

**D)**

Chla (mg/L) colture di controllo								
Giorni di coltura	repl.1	repl.2	repl.3	repl.4	repl.5	media	SD	
0	3,8209	2,7197	3,5549	3,8209	3,6309	3,5095	0,31592	
7	3,5875	2,7197	3,5549	3,8209	3,0875	3,3541	0,36041	
14	3,3501	3,5138	2,0605	2,5979	3,1010	2,9247	0,476371	
21	3,3501	3,1764	3,4858	2,9561	2,7855	3,1508	0,223983	
28	4,2146	3,2589	2,7597	3,1336	3,3146	3,3363	0,35133	
35	2,1651	0,8984	1,0839	1,1595	1,8650	1,4344	0,464535	
42	1,9061	2,3220	3,8312	1,6713	1,2061	2,1873	0,711401	
Chla (mg/L) Gly+MPs								
Giorni di trattamento	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media Gly	SD Gly	p value T-student (gly+MPs vs controllo)
0	5,5945	5,2983	5,9893	5,7862	5,2567	5,5850	0,2460	<b>0,000181</b>
7	3,8783	4,1831	4,1032	4,0154	3,7543	3,9869	0,1365	0,023922
14	4,5918	3,3324	4,8330	3,9546	3,4589	4,0341	0,5426	0,046203
21	3,4123	4,0218	5,1990	3,9546	3,8569	4,0889	0,4440	0,011918
28	1,8596	2,9919	2,1737	1,7954	2,0547	2,1751	0,3267	0,016099
35	4,4745	4,4628	3,1693	3,2568	3,1356	3,6998	0,6151	0,001804
42	1,2594	1,2346	1,2330	1,3251	1,2015	1,2507	0,0332	0,053466
Test T-Student sulle matrici di dati								0,003450

**Tabella Supplementare A:**

Tutti i dati biochimici relativi ai grafici inseriti nel testo. A) Biomassa CTRL-Gly; B) Biomassa CTRL – Gly + Microplastiche; C) Clorofilla “a” CTRL-Gly; D) Clorofilla “a” – CTRL- Gly+Microplastiche; E) Carotenoidi CTRL-Gly; F) Carotenoidi CTRL – Gly + Microplastiche; G) Ficocianina CTRL-Gly; H) Ficocianina CTRL – Gly + Microplastiche.

**E)**

Carotenoidi (mg/L) Controllo								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media controllo	SD	
0	0,9440	1,0020	1,3680	1,4160	0,9800	1,1420	0,2000	
7	0,9440	1,0020	1,3680	1,4160	1,1000	1,1660	0,1808	
14	0,8760	1,3100	0,8720	0,9560	0,9200	0,9868	0,1293	
21	1,1640	1,3700	1,6680	1,4200	1,3200	1,3884	0,1245	
28	1,8320	2,2460	1,6080	1,7080	1,8300	1,8448	0,1605	
35	1,5320	0,9020	1,5880	0,9600	1,0200	1,2004	0,2877	
42	0,9800	1,8140	2,2800	1,4960	1,3510	1,5842	0,3702	
Carotenoidi (mg/L) Glifosato								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media	SD	P value T-student Gly vs controllo
0	0,8940	0,9520	1,3180	1,5160	1,7800	1,2920	0,2952	0,20746
7	0,8940	0,9520	1,3180	1,4060	1,3980	1,1936	0,2165	0,352887
14	0,8260	1,2600	0,8220	1,1460	1,7200	1,1548	0,2682	0,182684
21	1,1140	1,3200	1,6180	1,6230	1,4540	1,4258	0,1670	0,265572
28	1,7820	2,1960	1,5580	1,1080	1,0300	1,5348	0,3726	0,064393
35	1,4820	0,8520	1,5380	1,9800	1,9200	1,5544	0,3165	0,113413
42	0,9300	1,7640	2,2300	1,4960	1,3510	1,5542	0,3542	0,035242
p value sull'intera matrice di dati								0,175061

**F)**

Carotenoidi (mg/L) controllo								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media controllo	SD	
0	0,9440	1,0020	1,3680	1,4160	0,9800	1,1420	0,20000	
7	0,9440	1,0020	1,3680	1,4160	1,1000	1,1660	0,18080	
14	0,8760	1,3100	0,8720	0,9560	0,9200	0,9868	0,12928	
21	1,1640	1,3700	1,6680	1,4200	1,3200	1,3884	0,12448	
28	1,8320	2,2460	1,6080	1,7080	1,8300	1,8448	0,16048	
35	1,5320	0,9020	1,5880	0,9600	1,0200	1,2004	0,28768	
42	0,9800	1,8140	2,2800	1,4960	1,3510	1,5842	0,37024	
Carotenoidi (mg/L) Gly+MPs								
Giorni di trattamento	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media Gly+MPs	SD	P value T-student Gly+MPs vs controllo
0	1,6640	1,6560	1,8680	1,7561	1,6352	1,7159	0,0770	0,00056262
7	1,4400	1,4960	1,4080	1,4026	1,4213	1,4336	0,0275	0,03493168
14	1,8280	1,3040	1,8440	1,5231	1,7568	1,6512	0,1901	0,01097361
21	1,4280	1,7560	2,3240	2,1785	1,9856	1,9344	0,2739	0,00218453
28	0,9240	1,4200	1,0240	0,8951	1,2569	1,1040	0,1876	0,00020427
35	2,4440	2,4800	1,8160	1,5487	1,8569	2,0291	0,3463	0,01014252
42	1,0720	0,9800	0,9840	0,8912	1,0256	0,9906	0,0466	0,0320218
p value T-student su tutta la matrice di dati								0,02978827

**Tabella Supplementare A:**

Tutti i dati biochimici relativi ai grafici inseriti nel testo. A) Biomassa CTRL-Gly; B) Biomassa CTRL – Gly + Microplastiche; C) Clorofilla “a” CTRL-Gly; D) Clorofilla “a” – CTRL- Gly+Microplastiche; E) Carotenoidi CTRL-Gly; F) Carotenoidi CTRL – Gly + Microplastiche; G) Ficocianina CTRL-Gly; H) Ficocianina CTRL – Gly + Microplastiche.

**G)**

Ficocianina (g/L) controllo								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media	SD	
0	2,6697	1,3191	2,5002	1,5951	2,4954	2,1159	0,5271	
7	1,2242	2,1414	1,2311	2,4184	1,1424	1,6315	0,5187	
14	6,1267	3,6299	5,8767	4,6549	6,0639	5,2704	0,9024	
21	7,6764	3,8022	6,4543	4,2509	6,5499	5,7467	1,3762	
28	9,1902	4,8955	8,8709	5,0562	8,7724	7,3570	1,9049	
35	9,7699	4,8167	9,5285	5,0602	9,4300	7,7211	2,2261	
42	4,9134	2,4451	6,1063	2,4451	5,5178	4,2855	1,4723	
Ficocianina (g/L) Glifosato								
Giorni di trattamento	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media glifosato	SD	P value T-student Gly vs controllo
0	2,9988	2,1083	2,1415	2,4038	6,5824	2,4131	0,2928	0,123737
7	3,2604	1,6745	2,9649	1,9700	5,6367	3,1013	1,0778	0,09289
14	9,9001	2,2655	9,6046	2,5610	5,2715	5,9206	3,0654	0,319436
21	0,8630	0,4827	0,5675	0,7782	0,7116	0,6806	0,1244	0,000988
28	0,6895	0,5516	0,3940	0,8471	0,7491	0,5960	0,1232	0,002642
35	0,4728	0,3743	0,1773	0,6698	0,3371	0,4063	0,1320	0,001744
42	0,1084	0,0591	1,1225	0,3546	0,3558	0,4114	0,3555	0,003491
p value sull'intera matrice di dati								0,00011

**H)**

Ficocianina (g/L) controllo								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media	SD	
0	2,6697	1,3191	2,5002	1,5951	1,6168	0,7745	0,5158	
7	1,2242	2,1414	1,2311	2,4184	2,8030	1,6788	0,5888	
14	6,1267	3,6299	5,8767	4,6549	6,8576	2,8569	1,0294	
21	7,6764	3,8022	6,4543	4,2509	8,6368	4,9453	1,7101	
28	9,1902	4,8955	8,8709	5,0562	11,2026	6,7190	2,2938	
35	9,7699	4,8167	9,5285	5,0602	12,8351	8,8660	2,7709	
42	4,9134	2,4451	6,1063	2,4451	11,5820	12,1672	2,6766	
Ficocianina (g/L) Gly+MPs								
Giorni di coltura	repl. 1	repl. 2	repl. 3	repl. 4	repl. 5	media gly+MPs	SD gly+MPs	p value T-student Gly+MPs vs controllo
0	2,4383	2,1603	2,1308	2,4186	2,4078	2,3112	0,1325	0,12439172
7	3,2604	1,8618	1,6282	3,2407	2,2807	2,4544	0,6370	0,17038991
14	4,9632	2,2655	2,6723	4,7584	2,2017	3,3722	1,1908	0,03495633
21	2,1245	0,4827	0,8276	1,9156	0,4679	1,1637	0,6851	0,0039662
28	0,6895	0,5516	0,5221	0,6698	0,5448	0,5956	0,0673	0,00217195
35	0,4728	0,3743	0,3448	0,4531	0,3793	0,4049	0,0465	0,0032337
42	0,1084	0,1931	0,1566	0,0887	0,1350	0,1363	0,0308	0,0165548
p value t-student intera matrice di dati								<b>1,0397E-06</b>

## Tabella Supplementare B:

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

Protein name	Statistics parameters						Protein IDs	Total Spectrum Count																	
	FC (Gly /CT RL) 7 days	FC (Gly /CT RL) 14 days	FC (Gly /CT RL) 21 days	Log FC (Gly /CT RL) 7 days	Log FC (Gly /CT RL) 14 days	Log FC (Gly /CT RL) 21 days		CTRL									Glifosato								
								CT RL 7- 1	CT RL 7- 2	CT RL 7- 3	CT RL1 4-1	CT RL1 4-2	CT RL1 4-3	CT RL2 1-1	CT RL2 1-2	CT RL2 1-3	GI if 7- 1	GI if 7- 2	GI if 7- 3	G li f 1 4 -1	G li f 1 4 -2	G li f 1 4 -3	G li f 1 2 -1	G li f 1 2 -2	G li f 1 2 -3
serine/threonin e protein kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,14	0,40	1,05	- 2,81	- 1,32	0,07	GCE93494.1	7	6	8	5	4	6	8	7	5	1	0	2	2	1	3	7	6	8
light-dependent NADPH-protochlorophyllide oxidoreductase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,20	0,17	1,64	- 2,32	- 2,58	0,71	GCE92151.1	5	4	6	6	5	7	3	2	6	1	0	2	1	1	1	6	7	5
carbamoyl phosphate synthase large subunit [Pseudohongiella spirulinae]	0,20	0,20	0,64	- 2,32	- 2,32	- 0,64	GCE94644.1	5	4	6	5	4	6	5	4	5	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES3787_26590 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,20	0,20	0,64	-2,32	-2,32	-0,64	GCE95909.1	5	4	6	5	4	6	5	4	5	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,20	0,22	1,04	-2,32	-2,17	0,05	GCL51811.1	10	9	11	9	8	10	9	8	9	2	2	2	2	2	2	2	9	9	9
SNF2 helicase homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	0,25	0,25	0,55	-2,00	-2,00	-0,87	ALO46492.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	1	1	1	1	1	1	2	2	2	
amino acid adenylation domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,25	1,67	0,75	-2,00	0,74	-0,42	ALO47433.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	1	1	1	5	4	6	3	3	3	
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,25	0,25	0,55	-2,00	-2,00	-0,87	EKD08078.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	1	1	1	1	1	1	2	2	2	

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	0,25	0,25	0,27	- 2,00	- 2,00	- 1,87	GCE93388.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein PS2015_1794 [Pseudohongiella spirulinae]	0,25	1,00	0,50	- 2,00	0,00	- 1,00	GCE94237.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	1	1	1	3	4	2	2	2	2	2
hypothetical protein NIES46_31150 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,25	0,25	0,82	- 2,00	- 2,00	- 0,29	GCE94359.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
copper amine oxidase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,25	0,67	4,50	- 2,00	- 0,58	2,17	GCL49010.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	0	0	1	1	2	3	1	5	
hypothetical protein NIES3806_33510 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,25	0,33	0,25	- 2,00	- 1,58	- 2,00	GCL50970.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	1	0	2	1	1	1	1	1	2	0
conserved hypothetical protein	0,25	1,00	0,75	- 2,00	0,00	- 0,42	GCL53432.1	4	3	5	1	0	2	6	5	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Limnospira indica PCC 8005]																											
DNA topoisomerase I [Arthrospira platensis NIES-46]	0,25	0,67	0,25	-2,00	-0,58	-2,00	SMN23020.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	1	1	1	2	2	2	1	1	1		
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJS092]	0,25	0,25	0,27	-2,00	-2,00	-1,87	VTS02576.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
cobalamin biosynthesis protein CobD [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,25	1,00	1,15	-2,00	0,00	0,21	VTS09788.1	4	3	5	2	1	3	6	5	2	1	1	1	2	2	2	5	4	6		
excinuclease ABC subunit A [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,25	0,25	0,27	-2,00	-2,00	-1,87	VTT98366.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
permease [Pseudohongiiella spirulinae]	0,33	0,67	0,75	-1,58	-0,58	-0,42	ALO45219.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	2	2	2		
Oxidoreductase , short chain dehydrogenase /reductase family protein	0,33	0,33	0,75	-1,58	-1,58	-0,42	ALO45564.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2		

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Pseudohongiell a spirulinae]																											
potassium channel protein : Kef-type K+ transport system, putative NAD- binding component OS=Moorea producens 3L GN=LYNGBM3L _73440 PE=4 SV=1: TrkA_N: TrkA_C: TrkA_N [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,33	1,00	0,75	- 1,58	0,00	- 0,42	ALO45651.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	3	3	3	2	2	2		
hypothetical protein NIES46_01860 [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,33	0,67	0,75	- 1,58	- 0,58	- 0,42	ALO45763.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2
solanesyl diphosphate synthase [Arthrospira	0,33	0,33	0,38	- 1,58	- 1,58	- 1,42	ALO45819.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1



**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascuno campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

platensis NIES-46]																																
calcium-translocating p-type pmca-type : Calcium-translocating P-type ATPase, PMCA-type OS=bacterium UASB270 GN=U27_05217 PE=4 SV=1: Cation_ATPase_ N: E1- E2_ATPase: Hydrolase: Cation_ATPase_ C [Gemmataceae bacterium]	0,33	0,33	0,38	-1,58	-1,58	-1,42	ALO45978.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,67	0,38	-1,58	-0,58	-1,42	ALO46118.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	2	0	4	1	1	1	1	1	1	1	1		
apoptotic protease-activating factor 1 like protein [Microcystis	0,33	0,33	0,38	-1,58	-1,58	-1,42	ALO46369.1	3	2	4	3	2	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		



**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

aeruginosa NIES-3804]																																										
HEAT domain protein repeat- containing protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,25	0,86	- 1,58	- 2,00	- 0,22	ALO47296.1	3	2	4	4	3	5	2	1	4	1	0	2	1	2	0	2	1	3																	
preprotein translocase SecY subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,60	0,30	- 1,58	- 0,74	- 1,74	ALO47299.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
sulfotransferase [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	0,60	1,20	- 1,58	- 0,74	0,26	CDM95584.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	1	1	0	2	4	3	5																
WD-40 repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	EKD05820.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
Elongation factor G 1 [Pseudohongiell a spirulinae]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	EKD05876.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
DNA primase [Pseudohongiell a spirulinae]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	EKD06564.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

tpr repeat-containing protein : Peptidase S1 and S6 chymotrypsin/Hap OS=Cyanotheca sp. (strain PCC 8802) GN=Cyan8802_1328 PE=4 SV=1: TPR_12: TPR_1 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	EKD07445.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
excinuclease ABC subunit A [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	1,13	-1,58	-1,87	0,17	EKD08619.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
tpr-repeat-containing protein : TPR-repeat protein OS=Methanosarcina acetivorans (strain ATCC 5969 / DSM 3671 / JCM 10134 / NBRC 103675 / OCM 69 / GP-6) GN=MCON_279	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	EKD09207.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

0 PE=4 SV=1: HTH_3: NB- ARC: TPR_12: TPR_12: TPR_12 [Gemmata massiliana]																											
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,33	0,82	1,50	- 1,58	- 0,29	0,58	EKD09935.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	3	3	3	4	4	4		
permeases of the major facilitator superfamily protein : Uncharacterize d protein OS=Hyalangium minutum GN=DB31_6149 PE=4 SV=1 [Tuwongella immobilis]	0,33	0,55	0,75	- 1,58	- 0,87	- 0,42	EKD10616.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	2	2	2		
hypothetical protein B9S53_17355, partial	0,33	1,80	0,38	- 1,58	0,85	- 1,42	EKD11399.1	3	2	4	1	2	2	4	3	1	1	2	0	3	4	2	1	1	1		



### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES3807_30750 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,33	0,18	0,50	-1,58	-2,50	-1,00	GCE93126.1	3	2	4	5	6	6	1	0	5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_01500 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE93203.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES46_30390 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE93244.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_09600 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,60	0,30	-1,58	-0,74	-1,74	GCE93333.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,64	1,71	-1,58	-0,64	0,78	GCE93452.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	0	2	3	2	4	4	4	5	3	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES3806_3044 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,21	0,86	- 1,58	- 2,22	- 0,22	GCE93639.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	2	0	1	1	1	2	1	3	
unnamed protein product [Erwinia phage PEp14]	0,33	0,38	0,33	- 1,58	- 1,42	- 1,58	GCE93641.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
hypothetical protein SPLC1_S082910 [Arthrospira platensis C1]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCE93709.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
hypothetical protein NIES46_35500 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	1,13	1,33	- 1,58	0,17	0,42	GCE93729.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	0	2	3	1	5	4	4	4	
4-vinyl reductase 4VR OS=Isosphaera pallida (strain ATCC 43644 / DSM 9630 / IS1B) GN=Isop_2221 PE=4 SV=1: V4R	0,33	0,38	1,00	- 1,58	- 1,42	0,00	GCE94471.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3



**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Gemmataceae bacterium]																										
tyrosine recombinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE94488.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
TPR repeat-containing protein [Arthrospira maxima CS-328]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE94745.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_17870 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,18	1,00	-1,58	-2,50	0,00	GCE94891.1	3	2	4	5	6	6	1	0	5	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2
hypothetical protein NIES46_35390 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,38	0,67	-1,58	-1,42	-0,58	GCE94993.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2
putative phosphoenolpyruvate synthase [Arthrospira	0,33	0,27	1,13	-1,58	-1,87	0,17	GCE95008.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	0	2	1	1	1	1	3	3	3



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

Chaperone protein HtpG [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE96021.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
phycocyanin beta subunit [Arthrospira platensis FACHB-341]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE96360.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Type II restriction endonuclease [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,82	0,75	-1,58	-0,29	-0,42	GCE96373.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	3	3	3	2	2	2	2
putative glutathione S-transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE96404.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Histidine protein kinase NIK1 OS=Fusarium oxysporum OX=5507 PE=4 SV=1	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCE96574.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
DNA polymerase III alpha subunit [Microcystis]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	GCE96829.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

aeruginosa NIES-3804]																										
DNA mismatch repair protein MutL [Arthrospira platensis YZ]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCL48436.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
von Willebrand factor type A [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCL48484.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3806_0300 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,18	1,50	- 1,58	- 2,50	0,58	GCL48599.1	3	2	4	5	6	6	1	0	5	1	0	2	1	1	1	3	5	1	
glutamate 5- kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,38	1,33	- 1,58	- 1,42	0,42	GCL48859.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	0	2	4	5	3	
hypothetical protein B9S53_03180 [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	0,43	0,43	- 1,58	- 1,22	- 1,22	GCL48920.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	0	2	2	1	3	1	1	1	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

Valine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,21	1,29	- 1,58	- 2,22	0,36	GCL49218.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	2	0	1	1	1	3	5	1
Crm2 family CRISPR-associated protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,38	1,00	- 1,58	- 1,42	0,00	GCL49327.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	3	2	4
methylmalonyl-CoA mutase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,38	0,33	- 1,58	- 1,42	- 1,58	GCL49495.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	0	2	1	1	1	1	2	0
type IV pilus assembly protein PilO [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,38	0,67	- 1,58	- 1,42	- 0,58	GCL49534.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	0	2	2	1	3
HAD-superfamily hydrolase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,55	0,75	- 1,58	- 0,87	- 0,42	GCL49713.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	2	2	2
diguanylate cyclase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCL49853.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

precorrin-3B C17-methyltransferase [Arthrospira platensis C1]	0,33	0,82	1,88	-1,58	-0,29	0,91	GCL49876.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	3	3	3	5	5	5	
DNA polymerase I [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,55	0,38	-1,58	-0,87	-1,42	GCL49990.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	1	1	1	
isoleucyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCL50246.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
ferrous iron transport protein B [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	GCL50294.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2
hypothetical protein NIES46_49320 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,75	0,67	-1,58	-0,42	-0,58	GCL50462.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	2	2	2	2	2	2	
hypothetical protein B9553_21710, partial	0,33	0,55	0,38	-1,58	-0,87	-1,42	GCL50477.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	1	1	1	

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Arthrospira sp. O9.13F]																																					
hypothetical protein AP285_01110 [Arthrospira platensis YZ]	0,33	0,21	0,86	-1,58	-2,22	-0,22	GCL50560.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2										
short-chain dehydrogenase/reductase SDR [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,33	0,82	1,13	-1,58	-0,29	0,17	GCL50589.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3									
outer membrane adhesin like protein [Arthrospira platensis C1]	0,33	1,20	0,60	-1,58	0,26	-0,74	GCL50615.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2										
type 2 NADH dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCL50732.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1										
O-methyltransferase family 2 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,21	0,43	-1,58	-2,22	-1,22	GCL50796.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1										

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

Cobyric acid synthase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	1,50	- 1,58	- 1,87	0,58	GCL50963.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
hypothetical protein NIES3804_26510 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCL51032.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_08290 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCL51082.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_12810 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,75	0,35	- 1,58	- 0,42	- 1,50	GCL51432.1	6	5	7	4	3	5	7	6	4	2	1	3	3	4	2	2	1	3	
hypothetical protein NIES46_31890 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	GCL51744.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

adenine specific DNA methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	1,13	-1,58	-1,87	0,17	GCL51885.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_25390 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,75	0,33	-1,58	-0,42	-1,58	GCL51909.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	2	2	2	2	1	1	1
two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	GCL51911.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2
hypothetical protein NIES3806_27090 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,21	1,29	-1,58	-2,22	0,36	GCL51955.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein SPLC1_S032970 [Arthrospira platensis C1]	0,33	0,38	0,27	-1,58	-1,42	-1,87	GCL52256.1	3	2	4	2	3	3	5	4	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

pyridine nucleotide-disulfide oxidoreductase domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,82	0,75	-1,58	-0,29	-0,42	GCL54257.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	3	3	3	2	2	2
type I restriction-modification system R subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	GCL54360.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,21	0,86	-1,58	-2,22	-0,22	GCL55369.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	1	1	1	1	1	2	2	2
nucleotide exchange factor GrpE [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCL55544.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1
serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis YZ]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	GCL55919.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

putative methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,60	0,75	-1,58	-0,74	-0,42	GCL55921.1	3	2	4	1	2	2	4	3	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2
cell division control protein CDC48 homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,38	0,33	-1,58	-1,42	-1,58	GCL55992.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
lipopolysaccharide biosynthesis protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	GCL58939.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2
DNA polymerase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	GCL60054.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
triosephosphate isomerase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,55	0,38	-1,58	-0,87	-1,42	GCL60907.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	2	1	1	1
hypothetical protein PS2015_1418 [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	RAQ38879.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES3804_26900 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,75	0,33	-1,58	-0,42	-1,58	RAQ39425.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_19230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,33	0,27	1,50	-1,58	-1,87	0,58	RAQ41462.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	4	4	4
hypothetical protein B9S53_12515 [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	RAQ43317.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2
hypothetical protein NIES46_08070 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	1,09	1,50	-1,58	0,13	0,58	RAQ44173.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	4	4	4	4	4	4
putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,33	0,27	0,75	-1,58	-1,87	-0,42	RAQ47850.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

Multicopper oxidase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,43	0,43	-1,58	-1,22	-1,22	RAQ48988.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	1	1	1	2	2	2	1	1	1
transcription termination factor NusA [Arthrospira platensis C1]	0,33	0,38	0,67	-1,58	-1,42	-0,58	tr A0A2N9DMR5 A0A2N9DMR5_FU SOX	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2
phosphoribosyl glycinamide formyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	0,38	-1,58	-1,87	-1,42	TVU52697.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Peptidase M48 Ste24p [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,60	0,30	-1,58	-0,74	-1,74	TVU54640.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
two-component response regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	0,33	0,55	0,38	-1,58	-0,87	-1,42	VTR93808.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	1	1	1
maturase [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	1,20	1,20	-1,58	0,26	0,26	VTR94017.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	2	2	2	4	4	4
peptidoglycan-binding protein	0,33	0,38	0,67	-1,58	-1,42	-0,58	VTR96031.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Arthrospira sp. O9.13F]																												
helicase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	0,33	0,27	0,38	- 1,58	- 1,87	- 1,42	VTR96211.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3806_1636 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	0,55	0,75	- 1,58	- 0,87	- 0,42	VTR97771.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,33	1,80	0,60	- 1,58	0,85	- 0,74	VTS00916.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	2	2	2
tyrosine protein kinase [Pseudohongiella spirulinae]	0,33	0,27	0,75	- 1,58	- 1,87	- 0,42	VTU01064.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	2	0	4	
molecular chaperone GroEL [Pseudohongiella spirulinae]	0,40	1,00	0,40	- 1,32	0,00	- 1,32	GCE92103.1	5	4	6	2	1	3	7	6	2	2	0	4	2	2	2	2	2	2	1	3	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmid_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	0,40	0,25	1,13	- 1,32	- 2,00	0,18	GCE94908.1	5	4	6	4	3	5	6	5	4	2	2	2	1	1	1	6	4	7
type III-A CRISPR-associated RAMP protein Csm5 [Arthrospira sp. O9.13F]	0,40	0,25	0,60	- 1,32	- 2,00	- 0,74	GCL49253.1	5	4	6	4	3	5	6	5	4	2	1	3	1	0	2	3	1	5
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,40	0,75	0,60	- 1,32	- 0,42	- 0,74	VTR96478.1	5	4	6	4	3	5	6	5	4	2	2	2	3	3	3	3	3	3
WD-40 repeat protein [Microcystis]	0,44	0,50	0,33	- 1,17	- 1,00	- 1,58	ABF61892.1	3	2	4	2	1	3	4	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebntificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

aeruginosa NIES-3787]																										
heat repeat- containing protein : Putative uncharacterized protein OS=[Oscillatoria ] sp. PCC 6506 GN=OSCI_4400 25 PE=4 SV=1: HEAT_2 [Tuwongella immobilis]	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	ALO45063.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
aldolase/epime rase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	2,40	- 1,00	- 1,42	1,26	ALO45161.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
hypothetical protein NIES46_05410 [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	ALO45326.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
ATP-dependant zinc metalloproteas e FtsH	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	ALO45355.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3





### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

heat repeat-containing protein : HEAT repeat-containing protein OS=Leptolyngbya sp. PCC 7375 GN=Lepto7375 DRAFT_2567 PE=4 SV=1: HEAT_2 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,50	0,75	1,80	-1,00	-0,42	0,85	ALO46586.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	2	0	2	1	3	3	4	2	
putative colanic acid biosynthesis acetyltransferase wcaF [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	1,13	0,60	-1,00	0,17	-0,74	ALO46882.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
hypothetical protein [ORF-B] [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	ALO46899.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2
hypothetical protein NIES46_13250 [Arthrospira]	0,50	0,75	3,00	-1,00	-0,42	1,58	ALO47421.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	0	2	2	2	2	2	5	3	7

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

platensis NIES-46]																										
glycosyl transferase family 2 [Arthrospira platensis C1]	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	ALO47558.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_28620 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	ALO47667.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-39]	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	AMW27306.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
carbamoyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	AMW28495.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
Dihydropyruvylsuccinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	CDM96902.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	0	2	3	5	1	1	1	1	

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Pseudohongiell a spirulinae]																									
hypothetical protein NIES3804_35720 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	EKD06063.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1
bifunctional aconitate hydratase 2/2-methylisocitrate dehydratase [Pseudohongiell a spirulinae]	0,50	1,13	1,20	- 1,00	0,17	0,26	EKD09463.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	2	2	2
AAA family ATPase [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	GCE92453.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3
cytosine-specific methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,33	0,75	- 1,00	- 1,58	- 0,42	GCE92501.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	2	2	2	1	0	2	3	2	4

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

cation:proton antiporter, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	0,50	0,33	0,50	-1,00	-1,58	-1,00	GCE93483.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	2	1	3	1	0	2	2	2	2
Tetratricopeptide repeat protein [Arthrospira maxima CS-328]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCE93593.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3
L-alanyl-gamma-D-glutamyl-mesodiaminopimelate ligase [Pseudohongiella spirulinae]	0,50	1,13	0,60	-1,00	0,17	-0,74	GCE93773.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1
phosphate transport ATP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,60	2,50	-1,00	-0,74	1,32	GCE93998.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	1	1	1	1	0	2	5	3	7
hypothetical protein NIES3804_08240 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,75	1,80	-1,00	-0,42	0,85	GCE94007.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	2	2	2	3	4	2

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebntificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES3787_23680 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,50	1,80	1,50	-1,00	0,85	0,58	GCE94322.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	1	1	1	3	2	4	3	3	3
putative type II DNA modification enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	1,60	0,50	-1,00	0,68	-1,00	GCE95054.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	1	1	1	3	1	4	1	1	1
ATPase GET3 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCE95294.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3
pilus assembly protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCE95385.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3
chromosome segregation protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	2,40	-1,00	-1,42	1,26	GCE95530.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	4	4	4
PBS lyase heat-like repeat protein [Microcystis	0,50	0,75	2,40	-1,00	-0,42	1,26	GCE96060.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	2	2	2	4	4	4



**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

aeruginosa NIES-3804]																										
putative transcriptional regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	GCL45642.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
lytic transglycosylas e catalytic precursor [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	2,40	- 1,00	- 1,42	1,26	GCL46959.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
dihydropteroat e synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	2,40	1,00	- 1,00	1,26	0,00	GCL48872.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	1	0	2	4	3	5	2	1	3	
ATP-dependent zinc metalloproteas e FtsH [Pseudohongiell a spirulinae]	0,50	0,27	2,25	- 1,00	- 1,87	1,17	GCL48974.1	2	1	3	3	4	4	1	0	3	1	2	0	1	1	1	1	3	5	1
hypothetical protein NIES46_36060 [Arthrospira	0,50	1,20	2,00	- 1,00	0,26	1,00	GCL49272.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	1	1	1	2	2	2	4	5	3	





### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

P700 apoprotein subunit la [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	1,33	1,00	- 1,00	0,42	0,00	GCL49956.1	4	3	5	3	2	4	5	4	3	2	1	3	4	3	5	4	5	3	
tetratricopeptid e tpr_1 repeat-containing protein : Tetratricopeptid de domain protein OS=Pirellula staleyi (strain ATCC 27377 / DSM 6068 / ICPB 4128) GN=Psta_3954 PE=4 SV=1: TPR_11 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	GCL50087.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES46_43800 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,50	1,13	0,60	- 1,00	0,17	- 0,74	GCL50116.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1
phenylalanyl-tRNA synthetase	0,50	0,38	1,80	- 1,00	- 1,42	0,85	GCL50191.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebntificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Microcystis aeruginosa NIES-3804]																										
hypothetical protein NIES3804_36910 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCL50243.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
WD-repeat protein Hat [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCL50247.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
hypothetical protein NIES46_04420 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,50	1,13	1,20	-1,00	0,17	0,26	GCL50275.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	2	2	2	
transposase IS204/IS1001/IS1096/IS1165 family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCL50371.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
membrane-fusion protein [Microcystis	0,50	0,38	2,40	-1,00	-1,42	1,26	GCL50623.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	4	4	4	





### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

pentapeptide repeat family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	GCL60619.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_42910 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	RAQ40775.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
60 kDa molecular chaperonin 2 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	2,40	-1,00	-1,42	1,26	RAQ47071.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
putative restriction enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	1,13	1,80	-1,00	0,17	0,85	RAQ48331.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	3	3	3	3	3	3	3
type I DNA topoisomerase, partial [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	RAQ48678.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmid_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	VTR91003.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
dihydrodipicolinate reductase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,50	0,38	1,80	-1,00	-1,42	0,85	VTR99319.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
wd40 repeat-containing protein : (Myosin heavy-chain) kinase OS=Calothrix sp. PCC 6303 GN=Cal6303_2739 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40	0,50	0,38	1,50	-1,00	-1,42	0,58	VTS11136.1	2	1	3	2	3	3	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Gemmataceae bacterium]																										
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJS091]	0,50	0,38	1,50	- 1,00	- 1,42	0,58	VTS12076.1	2	1	3	2	3	3	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_42510 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,50	0,75	1,50	- 1,00	- 0,42	0,58	YP_005098423.1	2	1	3	2	3	3	2	2	2	1	1	1	2	2	2	3	3	3	
hypothetical protein SPLC1_S411120 [Arthrospira platensis C1]	0,53	0,67	0,38	- 0,91	- 0,58	- 1,42	GCE93338.1	5	4	6	3	2	4	7	6	3	3	1	4	2	1	3	2	0	4	
hypothetical protein PS2015_2802 [Pseudohongiella spirulinae]	0,67	1,80	2,00	- 0,58	0,85	1,00	ABV54998.1	2	1	3	1	2	2	1	0	1	1	1	2	3	3	3	1	1	2	
hypothetical protein NIES46_39260 [Arthrospira]	0,67	0,75	1,80	- 0,58	- 0,42	0,85	ALO45046.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	1	2	1	2	2	2	3	3	3	





### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Arthrospira platensis C1]																									
serine/threonin e protein kinase [Arthrospira platensis C1]	0,67	0,43	0,43	-0,58	-1,22	-1,22	BAI88801.1	3	2	4	4	5	5	2	1	4	2	1	3	2	3	1	1	0	2
hypothetical protein NIES3807_2221 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,67	0,60	0,60	-0,58	-0,74	-0,74	GCE93215.1	3	2	4	1	2	2	5	4	1	2	2	2	1	1	1	2	2	2
dihydrofolate reductase [Pseudohongiella spirulinae]	0,67	0,27	0,38	-0,58	-1,87	-1,42	GCE93544.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	1	1	1	1	1	1
serine/threonin e protein kinase containing TPR domain [Arthrospira platensis NIES-46]	0,67	0,27	0,75	-0,58	-1,87	-0,42	GCE95485.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	1	1	1	2	2	2
Endoglucanase OS=Fusarium oxysporum OX=5507 PE=4 SV=1	0,67	0,27	0,75	-0,58	-1,87	-0,42	GCE95775.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	1	1	1	2	2	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

wd-40 repeat protein : (Myosin heavy-chain) kinase OS=Calothrix sp. PCC 6303 GN=Cal6303_27 39 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	0,67	1,13	0,33	- 0,58	0,17	- 1,58	GCL48589.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	2	0	4	3	1	5	1	1	1
imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit HisF [Arthrospira platensis NIES-46]	0,67	0,75	0,67	- 0,58	- 0,42	- 0,58	GCL48737.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	2	1	3	2	3	1	2	2	2
secretion protein HlyD family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,67	0,18	0,50	- 0,58	- 2,50	- 1,00	GCL50397.1	3	2	4	5	6	6	1	0	5	2	2	2	1	1	1	1	1	1
two-component hybrid histidine kinase [Arthrospira]	0,67	0,38	0,33	- 0,58	- 1,42	- 1,58	GCL50932.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	2	1	3	1	0	2	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

platensis NIES-46]																											
na-ca exchanger integrin-beta4 : Na-Ca exchanger/inte grin-beta4 OS=Trichodesmi um erythraeum (strain IMS101) GN=Tery_1772 PE=4 SV=1: Calx-beta: Calx- beta: Calx-beta: Calx-beta: Calx- beta: Calx-beta: PKD: PKD: HemolysinCabin d: HemolysinCabin d [Gemmata massiliana]	0,67	0,55	1,13	- 0,58	- 0,87	0,17	GCL55246.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	
hypothetical protein NIES3806_1811 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,67	0,55	0,38	- 0,58	- 0,87	- 1,42	GCL55691.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	
hypothetical protein NIES3804_3598	0,67	0,55	0,38	- 0,58	- 0,87	- 1,42	GCL60156.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	



### **Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovrappreso nel trattato) rispetto al controllo.

platensis NIES-46]																										
type I restriction enzyme EcoEI M protein homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,67	0,27	0,38	-0,58	-1,87	-1,42	WP_084831741.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1
putative pyroglutamyl-peptidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	3,00	1,33	-0,42	1,58	0,42	AAX68410.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	5	6	4	1	2	1
DNA polymerase III alpha subunit [Arthrospira platensis C1]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO44782.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3807_22200 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO44808.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein SPLC1_S131720	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO44907.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Arthrospira platensis C1]																									
Trigger factor [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	1,80	1,00	-0,42	0,85	0,00	ALO45025.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
PD-(D/E)XK nuclease family protein [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO45039.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	0	2	1	1	1	3	1	5
LysR family transcriptional regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO45052.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2
Diguanylate cyclase with PAS/PAC and GAF sensors [Arthrospira sp. SRM16]	0,75	1,20	3,00	-0,42	0,26	1,58	ALO45077.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
F420H(2):quinone oxidoreductase [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,60	1,20	-0,42	-0,74	0,26	ALO45091.1	4	3	5	5	4	6	3	2	5	3	3	3	3	3	3	4	4	4
beta-ketoacyl synthase [Microcystis]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO45107.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

aeruginosa NIES-3806]																									
hypothetical protein NIES46_03550 [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	1,80	1,00	- 0,42	0,85	0,00	ALO45129.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,80	0,75	- 0,42	0,85	- 0,42	ALO45165.1	1	1	2	1	2	2	2	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
non-ribosomal peptide synthetase/poly ketide synthase hybrid enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	1,80	1,00	- 0,42	0,85	0,00	ALO45202.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	4	2	1	1	1
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	0,60	3,00	- 0,42	- 0,74	1,58	ALO45262.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3



### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

Lipopolysaccharide core heptose(I) kinase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	1,80	1,00	-0,42	0,85	0,00	ALO45281.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
beta-ketoacyl synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	1,20	3,00	-0,42	0,26	1,58	ALO45547.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
hypothetical protein NIES46_29680 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,80	1,00	-0,42	0,85	0,00	ALO45583.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
phosphomethyl pyrimidine synthase ThiC [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	1,80	1,00	-0,42	0,85	0,00	ALO45594.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
(myosin heavy-chain) kinase : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4	0,75	1,80	1,00	-0,42	0,85	0,00	ALO45639.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	3	1	5	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]																										
WD-40 repeat-containing protein [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO45702.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_03990 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO45739.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
hypothetical protein NIES46_01380 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO45889.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
heat shock protein DnaJ domain protein [Arthrospira platensis C1]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO46075.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES46_13980 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO46176.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_2443 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,20	3,00	-0,42	0,26	1,58	ALO46207.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
hypothetical protein ARTHRO_41311 [Limnospira indica PCC 8005]	0,75	0,60	3,00	-0,42	-0,74	1,58	ALO46267.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
peptidase c14 caspase catalytic subunit p20 : Peptidase C14 caspase catalytic subunit p20 OS=Methylobacterium nodulans (strain ORS2060 / LMG 21967) GN=Mnod_618 2 PE=4 SV=1:	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	ALO46318.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

Peptidase_C14: TPR_9: TPR_2: TPR_11: TPR_9: TPR_1: TPR_19 [Tuwongella immobilis]																									
IMP dehydrogenase [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	ALO46353.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
cyanobacterial phytochrome [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	3,00	1,00	- 0,42	1,58	0,00	ALO46371.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	3	5	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_4223 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	ALO46420.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
NADP- dependent malic enzyme [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	ALO46433.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES46_44690 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	ALO46533.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
adenylate/guanylate cyclase with GAF and PAS/PAC sensor [Arthrospira platensis C1]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	ALO46628.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4
Chaperone protein DnaK [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	ALO46673.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	0	2	3	2	4	1	1	1	
methionine synthase [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	ALO46677.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	5	3
PAS-PAS-GGDEF-EAL domain protein [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	ALO46685.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

steroid 5-alpha reductase : Uncharacterized protein OS=Flavobacterium subsaxonicum WB 4.1-42 = DSM 21790 GN=Q766_0776 0 PE=4 SV=1: DUF1295 [Gemmata massiliana]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	ALO46692.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_2452 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	ALO46930.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
putative monooxygenase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	ALO46935.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
helicase domain-containing protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	1,50	2,25	-0,42	0,58	1,17	ALO47031.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

LOG family protein ygdH [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	ALO47074.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_35610 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	ALO47106.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4
D-alanine--D-alanine ligase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	ALO47194.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
CRISPR-associated protein Crm2 family [Arthrospira platensis C1]	0,75	2,25	3,00	-0,42	1,17	1,58	ALO47371.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4	3	4	2	
hypothetical protein NIES46_38410 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	5,00	-0,42	-0,42	2,32	ALO47614.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	5	5	5
ferredoxin-dependent glutamate synthase	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	AMW26801.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Microcystis aeruginosa NIES-3804]																												
hypothetical protein SPLC1_S208680 [Arthrospira platensis C1]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	AMW27573.1 (+7)	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1				
Helicase c2 [Pseudohongiiella spirulinae]	0,75	4,50	0,75	-0,42	2,17	-0,42	AMW28500.1 (+8)	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	3	2	4	1	1	1				
Heterocyst differentiation protein [Arthrospira sp. SRM16]	0,75	1,50	4,00	-0,42	0,58	2,00	AMW28956.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	0	2	2	2	2	4	5	3			
penicillin-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	AMW29926.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2			
wd-40 repeat protein : Uncharacterized protein OS=Methanosaeta harundinacea (strain 6Ac) GN=Mhar_2360 PE=4 SV=1:	0,75	3,75	1,00	-0,42	1,91	0,00	AMW30968.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	5	6	4	1	1	1				



## Tabella Supplementare B:

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: Ras [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]																									
two-component response regulator OmpR subfamily protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	2,00	- 0,42	1,17	1,00	CDM92508.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2
cobalt- chelata se subunit CobN [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	CDM94031.1 (+10)	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4	1	1	1
Glycosyl transferase group 1 OS=Acidithioba cillus caldus (strain SM-1) GN=Atc_0781 PE=4 SV=1: Glycos_transf_2 :	0,75	1,50	3,00	- 0,42	0,58	1,58	CDM95413.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

Glyco_tranf_2_3: Glyco_trans_4_4: Glycos_transf_1 [Tuwongella immobilis]																										
hypothetical protein NIES3804_22170 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	CDM96906.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein B9S53_18735, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	EDZ92891.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
proline oxidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	1,50	- 0,42	0,58	0,58	EDZ94485.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
HoxH, partial [Arthrospira platensis FACHB-440]	0,75	0,75	6,00	- 0,42	- 0,42	2,58	EDZ95376.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	6	6	6	
hypothetical protein NIES46_24140 [Arthrospira]	0,75	0,75	4,00	- 0,42	- 0,42	2,00	EKD07239.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES3804_04710 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	EKD11426.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	EKD11466.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_20300 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCE92190.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
hypothetical protein NIES46_36660 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,25	0,27	-0,42	-2,00	-1,87	GCE92236.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	3	3	3	1	1	1	1	1	1
flavoprotein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE92253.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

Methyltransferase regulatory domain-containing protein [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE92329.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
putative alpha-mannosidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	4,00	-0,42	0,58	2,00	GCE92335.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	4	2	6
hypothetical protein NIES3807_24540 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,75	0,75	5,00	-0,42	-0,42	2,32	GCE92360.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	5	4	6
chorismate synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCE92370.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	5	3
primosomal protein N' [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	4,50	1,50	-0,42	2,17	0,58	GCE92402.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	2	0	3	4	2	2	2	2	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

wd-40 repeat protein : WD40 repeat-containing protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_5385 PE=4 SV=1: PSCyt1: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	0,75	1,50	4,00	-0,42	0,58	2,00	GCE92418.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	4	4	4
hypothetical protein NIES3806_32770 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE92484.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
amino acid adenylation participated protein like [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE92487.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

helicase domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE92520.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
conserved hypothetical protein : [Limnospira indica PCC 8005]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE92583.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
Acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCE92614.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJS091]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE92711.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
putative glycosyl transferase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCE92821.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein PS2015_2397 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE92987.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
putative multifunctional protein glycosyl transferase, tetratricopeptide domains and SAM methyltransferase domains [Limnospira indica PCC 8005]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCE93275.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
polyketide synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE93280.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
transcription-repair coupling factor [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	2,67	-0,42	-0,42	1,42	GCE93320.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	0	2	1	1	1	1	3	0	5
tetratricopeptide repeat protein [Arthrospira sp. TJS091]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCE93348.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

glycosyltransferase [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE93416.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein AP285_05915 [Arthrospira platensis YZ]	0,75	1,50	2,25	-0,42	0,58	1,17	GCE93470.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4
DUF4115 domain-containing protein [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE93558.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_13650 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	GCE93780.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4	2	2	2	
TIGR02710 family CRISPR-associated protein [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE93839.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein, partial : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_1079 PE=4 SV=1: DUF790 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE93947.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	1	5
putative methionine adenosyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	2,25	-0,42	0,58	1,17	GCE93984.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
Pyruvate dehydrogenase E1 component [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE94252.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4	
hypothetical protein NIES3804_25050 [Microcystis	0,75	2,25	3,00	-0,42	1,17	1,58	GCE94284.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2	3	4	2	

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

aeruginosa NIES-3804]																									
hemolysin secretion protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	GCE94500.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
methyltransferase FkbM [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94569.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94610.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
putative transcriptional regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,50	1,09	- 0,42	- 1,00	0,13	GCE94615.1	4	3	5	4	3	5	4	3	4	3	3	3	2	2	2	4	4	4
4-alpha- glucanotransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94620.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

integrase [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94651.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
Nitroreductase [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94674.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	1	5
hypothetical protein NIES46_25580 [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94810.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein PS2015_894 [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE94920.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein PS2015_524 [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE95043.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	2	3	1	5
RNA polymerase beta prime subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE95050.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub> FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

undecaprenyl-phosphate galactose phosphotransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,33	-0,42	1,17	0,42	GCE95099.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	2	1
two-component hybrid histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,33	-0,42	1,17	0,42	GCE95127.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4	1	1	2
DNA gyrase A subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE95132.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	0	2	3	3	3	1	1	1
hydroxypyruvate isomerase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,50	4,50	-0,42	-1,00	2,17	GCE95143.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_23870 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE95152.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

menaquinone biosynthesis protein MenD [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	2,00	- 0,42	1,17	1,00	GCE95183.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2
Protein GrpE [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE95191.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
ABC-transporter ATP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	3,00	1,00	- 0,42	1,58	0,00	GCE95330.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	1	1	1
hypothetical protein NIES46_03740 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE95511.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
multi-sensor signal transduction histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE95584.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein AP285_11470 [Arthrospira platensis YZ]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE95614.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES46_37260 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	3,00	2,00	-0,42	1,58	1,00	GCE95660.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	2	2	2
DNA gyrase B subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE95812.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
band 7 protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE95975.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
Crm2 family CRISPR-associated protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE95992.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
radical SAM domain protein [Arthrospira	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE96032.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

putative dolichol-phosphate mannosyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE96053.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
Amidophosphoribosyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE96070.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4
50S ribosomal protein L13 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE96111.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis C1]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE96183.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
PQQ enzyme repeat domain protein OS=Haloferax sp. ATCC BAA-645 GN=C459_1569	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCE96231.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4



**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

1 PE=4 SV=1: PQQ_2: PQQ_2 [Gemmataceae bacterium]																										
hypothetical protein PS2015_2044 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCE96260.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmi ds_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	GCE96268.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES3806_2339 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	2,25	4,00	- 0,42	1,17	2,00	GCE96346.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	4	3	5	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

DNA polymerase [Arthrospira platensis YZ]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCE96452.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
protein-export membrane protein SecD [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE96527.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1
UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE96775.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1
GTP-binding protein LepA [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCE96823.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1
DNA mismatch repair protein [Microcystis	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCL44552.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

wd-40 repeat : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmi ds_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2 [Gemmata massiliana]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL46949.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hydrogenase expression/for mation protein HypD [Arthrospira platensis C1]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL48505.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	2	3	4	2
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,50	4,50	- 0,42	- 1,00	2,17	GCL48514.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	1	1	1	1	2	0	3	3	3
DUF3883 domain- containing protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,75	1,50	3,00	- 0,42	0,58	1,58	GCL48555.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	0	2	2	1	3	3	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

two-component hybrid sensor and regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	4,50	1,50	-0,42	2,17	0,58	GCL48566.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	3	5	1	2	1	3
Nitrilase/cyanid e hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	1,50	2,25	-0,42	0,58	1,17	GCL48598.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	2	0	3	2	4
hypothetical protein NIES46_46700 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCL48792.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2	1	1	1
ferredoxin-nitrite reductase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	2,25	-0,42	0,58	1,17	GCL48917.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4
hypothetical protein NIES46_30540 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCL48934.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	1	5	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

ATPase [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL49031.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	2	3	5	1
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	0,50	4,50	- 0,42	- 1,00	2,17	GCL49037.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	2	3	1	5
hypothetical protein B9S53_21815, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	1,50	2,25	- 0,42	0,58	1,17	GCL49141.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	0	3	1	5
hypothetical protein NIES46_46130 [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	2,25	2,00	- 0,42	1,17	1,00	GCL49269.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	1	5	2	3	1
two-component response regulator [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL49275.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	0	2	1	1	1	3	1	5
universal stress protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,17	4,50	- 0,42	- 2,58	2,17	GCL49341.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	3	4	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES46_08940 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	2,25	- 0,42	0,58	1,17	GCL49355.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	2	0	1	1	1	3	4	2
putative tetratricopeptid e TPR_2 [Arthrospira platensis C1]	0,75	1,50	2,25	- 0,42	0,58	1,17	GCL49368.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	2	0	1	1	1	3	4	2
competence protein ComE [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	3,00	- 0,42	0,58	1,58	GCL49431.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	1	3	3	4	2
cobyric acid ac-diamide synthase [Arthrospira platensis C1]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL49505.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	0	2	1	2	0	3	4	2
hypothetical protein NIES46_18320 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL49615.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein B9S53_14905	0,75	0,50	4,50	- 0,42	- 1,00	2,17	GCL49622.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	0	2	1	1	1	3	4	2

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Arthrospira sp. O9.13F]																										
hypothetical protein NIES3804_19380 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL49725.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	2	4
hypothetical protein NIES3804_33410 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCL49811.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
(myosin heavy-chain) kinase : WD-40 repeat protein OS=Nostoc punctiforme (strain ATCC 29133 / PCC 73102) GN=Npun_F1222 PE=4 SV=1: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCL49992.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	
Putative PAS/PAC sensor protein	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCL50140.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	



### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Pseudohongiella spirulinae]																									
threonyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCL50142.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
signal recognition particle protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCL50187.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
protein of function DUF820 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	GCL50277.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2
hypothetical protein NIES3806_27180 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL50356.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
NADH dehydrogenase subunit 7 [Microcystis	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL50548.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

aeruginosa NIES-3804]																										
hypothetical protein PS2015_2472 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL50711.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
hypothetical protein NIES3804_35940 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCL50769.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCL50816.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	
phosphate acetyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCL50871.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	5	3	
putative peptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL50889.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2	
Glutathione synthase	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL50957.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	



### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein B9S53_24895, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL51295.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
heat shock protein DnaJ-like [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL51402.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_31110 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	GCL51419.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	
restriction endonuclease [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL51534.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
putative transposase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCL51556.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	
proline iminopeptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	GCL51576.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES3806_28610 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	2,25	2,00	- 0,42	1,17	1,00	GCL51588.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2
Methylamine utilization protein MauE [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	1,50	3,00	- 0,42	0,58	1,58	GCL51760.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
tyrosyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	GCL51774.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
1-pyrroline-5 carboxylate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL51779.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL51834.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

group 1 glycosyl transferase : Glycosyltransferase OS=Microcoleus sp. PCC 7113 GN=Mic7113_5759 PE=4 SV=1: Glyco_trans_4_4: Glycos_transf_1 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL51860.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3806_25970 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	3,00	1,00	-0,42	1,58	0,00	GCL51984.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	1	1	1	
hypothetical protein EA414_12290 [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL51985.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
wd40 repeat-containing protein : WD-40 repeat protein OS=Arthrospira maxima CS-328 GN=AmaxDRAFT_0527 PE=4	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL52006.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascuno campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Tuwongella immobilis]																											
Phosphoribosyl ormylglycinami dine synthase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL52010.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
carboxysome formation protein CcmA [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	GCL52032.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1		
adenylate cyclase [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	4,50	0,75	- 0,42	2,17	- 0,42	GCL52091.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1		
Transporter, OMR family [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	4,00	- 0,42	- 0,42	2,00	GCL52209.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4		
CRISPR- associated protein	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL52402.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3		

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Arthrospira sp. TJSD091]																											
two-component sensor histidine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	3,00	2,25	- 0,42	1,58	1,17	GCL52530.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3		
molecular chaperone DnaK [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	2,25	- 0,42	0,58	1,17	GCL52553.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	2	0	1	1	1	3	3	3		
DNA topoisomerase IV [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	1,50	2,25	- 0,42	0,58	1,17	GCL52835.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3		
wd-40 repeat : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmid_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40: WD40	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	GCL52956.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3		





### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES46_05240 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL54137.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
type II restriction enzyme EcoRI homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	GCL54469.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
tetratricopeptide repeat family protein : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_5030 PE=4 SV=1: Transglut_core2 : TPR_9 [Gemmataceae bacterium]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL54487.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

Aculeacin A acylase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	1,50	3,00	-0,42	0,58	1,58	GCL54821.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
putative ferrous iron transport protein A [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	3,75	1,00	-0,42	1,91	0,00	GCL54996.1 (+1)	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	5	5	5	1	1	1
hypothetical protein NIES46_12520 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL55041.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_27100 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCL55249.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4
hypothetical protein NIES46_31040 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	GCL55361.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	2	6
cobalamin biosynthesis protein CobD	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	GCL55796.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3





### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

m1 family peptidase : Peptidase, M1 (Aminopeptidase N) family OS=Myxococcus xanthus (strain DK 1622) GN=MXAN_064 4 PE=4 SV=1: Peptidase_M1: HEAT_2 [Tuwongella immobilis]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	RAQ38716.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein PS2015_1718 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	RAQ38817.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	2,25	2,00	-0,42	1,17	1,00	RAQ39680.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	
hypothetical protein NIES3804_06950 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	1,50	2,25	-0,42	0,58	1,17	RAQ39932.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

putative ABC transporter ATP-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	RAQ40448.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
transglutaminase-like domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	RAQ40522.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	2
hypothetical protein AP285_29220 [Arthrospira platensis YZ]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	RAQ42588.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
AAA family ATPase central region [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	RAQ43332.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

wd-40 repeat-containing protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmid_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	0,75	1,50	3,00	- 0,42	0,58	1,58	RAQ45356.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
glycogen synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	RAQ45823.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES46_07520 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	RAQ45915.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
methionyl-tRNA formyltransferase [Microcystis	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	RAQ47004.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3





### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

serine protease [Arthrospira sp. O9.13F]	0,75	3,00	1,00	- 0,42	1,58	0,00	TVU53692.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	1	1	1
DNA repair protein RecN [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	TVU54284.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_0149 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,00	3,00	- 0,42	1,00	1,58	TVU55119.1	1	1	2	2	3	1	0	1	1	1	1	1	4	4	4	2	2	2
hypothetical protein NIES46_29800 [Arthrospira platensis NIES- 46]	0,75	1,50	3,00	- 0,42	0,58	1,58	TVU55427.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3
ferredoxin : Ferredoxin OS=Isosphaera pallida (strain ATCC 43644 / DSM 9630 / IS1B) GN=Isop_2222 PE=4 SV=1: Fer2 [Tuwongella immobilis]	0,75	4,50	1,50	- 0,42	2,17	0,58	VIP01172.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein SPLC1_S201550 [Arthrospira platensis C1]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	VIP01439.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
peptidase M16 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	VIP01757.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	2,25	2,00	- 0,42	1,17	1,00	VIP03488.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2
cation-transporting P-type ATPase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	0,75	0,75	3,00	- 0,42	- 0,42	1,58	VIP03920.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein PS2015_627 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	2,25	1,00	- 0,42	1,17	0,00	VTR92413.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
magnesium chelatase H subunit [Arthrospira platensis]	0,75	2,25	3,00	- 0,42	1,17	1,58	VTR92544.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

glycosyl transferase family 1 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	VTR94710.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES46_40990 [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	1,50	5,00	-0,42	0,58	2,32	VTR98805.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	5	4	6
glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A [Arthrospira platensis NIES-46]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	VTS03217.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_39920 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	VTS11826.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
HAD family hydrolase [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	VTT99252.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

lytic transglycosylase and catalytic precursor [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	VTU00757.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein PS2015_213 [Pseudohongiella spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	VTU01302.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3
multidrug efflux transporter [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	2,25	1,00	-0,42	1,17	0,00	VTU01377.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	0	2
exonuclease SbcC homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	VTU01960.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	5	3
hypothetical protein NIES3804_05880 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	0,75	0,75	4,00	-0,42	-0,42	2,00	WP_046320831.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	2	6
50S ribosomal protein L6	0,75	0,75	2,67	-0,42	-0,42	1,42	WP_046320891.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	4	1

### Tabella Supplementare B:

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Pseudohongiell a spirulinae]																										
hypothetical protein NIES3787_26490 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	0,75	1,50	3,67	-0,42	0,58	1,87	WP_046321251.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	4	2	5	
group II intron reverse transcriptase/maturationase [Arthrospira sp. TJS092]	0,75	1,50	1,00	-0,42	0,58	0,00	WP_052741562.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	2	1	1	1	1	
ATPase AAA [Pseudohongiell a spirulinae]	0,75	0,75	3,00	-0,42	-0,42	1,58	WP_108614978.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	
sec-c motif domain protein : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_6242 PE=4 SV=1: SEC-C: TPR_19:	0,89	1,00	1,67	-0,17	0,00	0,74	ALO46090.1	3	2	4	2	1	3	4	3	2	3	1	4	2	2	2	5	4	6	

## Tabella Supplementare B:

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

TPR_16 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]																										
Protein containing DUF288 OS=Rhodopirella maiorica SM1 GN=RMSM_051 82 PE=4 SV=1: Glycos_transf_2 : DUF288 [Gemmataceae bacterium]	1,00	0,75	2,40	0,00	- 0,42	1,26	AAQ63963.1	1	1	2	2	3	3	1	2	2	1	1	2	2	1	3	4	3	5	
hypothetical protein PS2015_1028 [Pseudohongiella spirulinae]	1	0,6	2,25	0,00	- 0,74	1,17	ALO44744.1	1	1	2	1	2	2	2	1	1	1	2	1	1	1	1	3	3	3	
hypothetical protein NIES39_A00470 [Arthrospira platensis NIES- 39]	1	1,8	0,75	0,00	0,85	- 0,42	ALO45265.1	1	1	2	1	2	2	2	1	1	1	2	1	3	2	4	1	1	1	

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

serine/threonin e protein kinase with WD-40 repeats [Arthrospira platensis NIES-46]	1	0,375	1,8	0,00	-1,42	0,85	ALO45310.1	1	1	2	2	3	3	1	2	2	1	1	2	1	1	1	3	3	3
glycosyl transferase family 2 [Arthrospira platensis C1]	1	1,125	2,4	0,00	0,17	1,26	ALO45693.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	3	3	3	4	4	4
TonB-dependent outer membrane receptor [Pseudohongiella spirulinae]	1	0,375	1,8	0,00	-1,42	0,85	ALO45920.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein PS2015_1942 [Pseudohongiella spirulinae]	1,00	0,75	2,40	0,00	-0,42	1,26	ALO47131.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	1	3	2	2	2	4	3	5
hypothetical protein SPLC1_S030930 [Arthrospira platensis C1]	1,00	0,55	0,75	0,00	-0,87	-0,42	EKD07734.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	3	3	3	2	2	2	2	2	2



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES3807_29560 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	1,00	0,75	1,80	0,00	-0,42	0,85	EKD09731.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3
hypothetical protein NIES46_17790 [Arthrospira platensis NIES-46]	1,00	1,09	0,75	0,00	0,13	-0,42	GCE92316.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	3	3	3	4	3	5	2	2	2
ATP-dependent DNA helicase RecQ [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,00	0,27	0,75	0,00	-1,87	-0,42	GCE94196.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	3	3	3	1	1	1	2	2	2
Secretion protein HlyD family protein OS=Planctomyces limnophilus (strain ATCC 43296 / DSM 3776 / IFAM 1008 / 290) GN=Plim_1596 PE=4 SV=1: HlyD_2 [Gemmata]	1,00	1,13	0,60	0,00	0,17	-0,74	GCE95860.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	3	3	3	1	1	1



### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

GTPase SAR1 [Pseudohongiell a spirulinae]	1,00	1,50	2,40	0,00	0,58	1,26	RAQ46791.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	4	4	4	4	4	4
putative sulfotransferase [Arthrospira platensis NIES- 46]	1,00	1,88	1,20	0,00	0,91	0,26	SMN35255.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	5	5	5	2	2	2
(P)ppGpp synthetase, RelA/SpoT family [Pseudohongiell a spirulinae]	1,00	0,38	1,80	0,00	- 1,42	0,85	VTS06586.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	2	2	2	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3804_1178 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,00	1,13	1,00	0,00	0,17	0,00	VTS10532.1	2	1	3	2	3	3	2	2	2	2	2	2	3	3	3	2	2	2
PspA/IM30 family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,33	0,50	1,29	0,42	- 1,00	0,36	ALO44718.1	3	2	4	4	3	5	2	1	4	4	3	5	2	2	2	3	3	3
glucose 6- phosphate dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,33	1,13	0,67	0,42	0,17	- 0,58	EKD10387.1	3	2	4	2	3	3	4	3	2	4	3	5	3	2	4	2	2	2

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES3804_41440 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,33	0,21	2,00	0,42	- 2,22	1,00	GCE92993.1	2	1	3	4	5	5	0	-1	4	3	1	4	1	1	1	2	2	2
pantothenate metabolism flavoprotein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,33	0,27	1,50	0,42	- 1,87	0,58	GCL56477.1	3	2	4	3	4	4	3	2	3	4	4	4	1	1	1	4	4	4
ATP-dependent DNA helicase [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	0,375	3	0,58	- 1,42	1,58	ALO44826.1	1	1	2	2	3	3	1	2	2	2	2	2	1	1	1	5	5	5
hypothetical protein NIES46_27030 [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,6	1,5	0,58	- 0,74	0,58	ALO44998.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	3	2	4	1	1	1	3	4	2
phosphoenolpyruvate synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,6	3	0,58	- 0,74	1,58	ALO45068.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	2	4
hypothetical protein NIES46_25800 [Arthrospira	1,5	1,125	1,8	0,58	0,17	0,85	ALO45119.1	1	1	2	2	3	3	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

platensis NIES-46]																									
putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,375	0,6	0,58	-1,42	-0,74	ALO45210.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_08260 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,6	3	0,58	-0,74	1,58	ALO45541.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
glycosyl transferase group 1 [Arthrospira platensis C1]	1,5	0,375	1,8	0,58	-1,42	0,85	ALO46022.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	3	3	3
cation-transporting P-type ATPase [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	1,8	1	0,58	0,85	0,00	ALO46158.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	2	2	2	3	3	3	1	1	1
type I restriction-modification system deoxyribonucle	1,5	1,125	1,2	0,58	0,17	0,26	ALO46232.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	3	5	1	2	2	2

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

ase [Arthrospira sp. SRM16]																															
protein of function [Limnospira indica PCC 8005]	1,5	0,75	4	0,58	- 0,42	2,00	ALO46521.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	4	4					
Amine oxidase, flavin-containing protein [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	1,125	0,6	0,58	0,17	- 0,74	ALO46741.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	3	3	3	1	1	1						
Acriflavin resistance protein [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	ALO47132.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3						
Uncharacterized protein OS=Cystobacter violaceus Cb vi76 GN=Q664_20155 PE=4 SV=1: Pentapeptide: Pentapeptide_4: Pentapeptide: Pentapeptide: Pentapeptide	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	ALO47582.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3						

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Gemmata massiliana]																										
preprotein translocase SecA subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	EKD08222.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3	
Type II secretion system protein E [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	0,75	1,8	0,58	- 0,42	0,85	EKD09005.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	2	2	2	3	3	3	
hypothetical protein NIES3806_01260 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	1,5	3	3	0,58	1,58	1,58	EKD09492.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	4	4	4	3	3	3	
Queuine tRNA-ribosyltransferase	1,5	0,375	0,6	0,58	- 1,42	- 0,74	EKD11459.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1	





## Tabella Supplementare B:

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	1,5	3	0,58	0,58	1,58	GCE94353.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	3	2	4
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	4	0,58	-0,42	2,00	GCE94368.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	3	5
hypothetical protein NIES3804_18440 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	6	2,25	0,58	2,58	1,17	GCE94522.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	2	2	2	4	3	5	3	2	4
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJS091]	1,5	0,75	3	0,58	-0,42	1,58	GCE94563.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
protein-tyrosine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	3	0,58	-0,42	1,58	GCE94802.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
putative peptidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	3	0,58	-0,42	1,58	GCE95540.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

restriction endonuclease subunit R [Arthrospira platensis YZ]	1,5	2,25	3	0,58	1,17	1,58	GCE95600.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	3	3	3
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	GCE95897.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
protein containing peptidase domain [Arthrospira platensis C1]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	GCE96189.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
hypothetical protein NIES3806_31500 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	1,5	0,75	4	0,58	- 0,42	2,00	GCE96253.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	4	4
6-phosphogluconate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	1,5	6	0,58	0,58	2,58	GCE96312.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	6	5	7
penicillin-binding protein	1,5	0,75	6	0,58	- 0,42	2,58	GCE96397.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	6	6	6



**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebntificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Pseudohongiella spirulinae]																									
asparaginyl-tRNA synthetase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	GCL50164.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
penicillin-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	3	1	0,58	1,58	0,00	GCL50220.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	4	4	4	1	1	1
DNA topoisomerase IV subunit A [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	2,25	1	0,58	1,17	0,00	GCL50272.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein SPLC1_5531570 [Arthrospira platensis C1]	1,5	1,125	2,4	0,58	0,17	1,26	GCL50734.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	3	3	3	4	4	4
hypothetical protein NIES46_48480 [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,75	4	0,58	- 0,42	2,00	GCL50795.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	4	4

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

hypothetical protein NIES46_46460 [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,375	1,2	0,58	-1,42	0,26	GCL50879.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	2	1	3
Arsenic resistance protein ArSH [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	0,375	0,6	0,58	-1,42	-0,74	GCL50992.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1
cobyrinic acid synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	2,25	2	0,58	1,17	1,00	GCL51472.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	2	2	2
two-component sensor histidine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	4	0,58	-0,42	2,00	GCL51973.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	4	4
hypothetical protein NIES46_03680 [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,75	3	0,58	-0,42	1,58	GCL52551.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	2	4
alpha/beta hydrolase fold protein	1,5	1,5	3	0,58	0,58	1,58	GCL52629.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

[Arthrospira platensis NIES-46]																									
aspartyl-tRNA synthetase [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	0,27	0,75	0,58	- 1,87	- 0,42	GCL52972.1	2	1	3	3	4	4	1	0	3	3	3	3	1	1	1	1	1	1
TPP-binding enzymes family protein [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	GCL55554.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
GntR family transcriptional regulator [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	2,25	1	0,58	1,17	0,00	GCL58385.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	1	1	1
malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase : Malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 /	1,5	0,375	1,2	0,58	- 1,42	0,26	GCL59281.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	2	2	2

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici idebtificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

VKM B-2454 / MOB10 GN=Sinac_5854 PE=3 SV=1: CBM_48: Alpha-amylose: DUF3459 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]																									
endonuclease III [Pseudohongiella spirulinae]	1,5	3	1	0,58	1,58	0,00	RAQ38927.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	4	4	4	1	1	1
seryl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	0,75	3	0,58	-0,42	1,58	RAQ39445.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
phosphoenolpyruvate synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	2,25	1	0,58	1,17	0,00	RAQ40164.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	1	1	1
hypothetical protein NIES46_13830 [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	1,2	0,5	0,58	0,26	-1,00	RAQ48378.1	2	1	3	1	2	2	3	2	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	1,5	0,75	3	0,58	- 0,42	1,58	TVU53586.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3
transposase IS605 OrfB family [Arthrospira platensis C1]	1,5	0,375	1,2	0,58	- 1,42	0,26	VTR92436.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	1	1	1	2	2	2
urea ABC transporter ATP-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	1,5	3	2	0,58	1,58	1,00	VTS01204.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	4	4	4	2	2	2
putative transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	1,5	0,75	0,6	0,58	- 0,42	- 0,74	VTS10439.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	3	3	3	2	2	2	1	1	1
hypothetical protein PS2015_970 [Pseudohongiella spirulinae]	2	0,75	0,6	1,00	- 0,42	- 0,74	VIP03226.1	2	1	3	2	3	3	2	1	2	4	4	4	2	2	2	1	1	1
Oligopeptidase A [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	1,2	1,5	1,17	0,26	0,58	ALO44772.1	1	1	2	1	2	2	2	1	1	3	3	3	2	2	2	2	2	2



### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

radical SAM domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	0,75	0,6	1,17	-0,42	-0,74	ALO44964.1	1	1	2	2	3	3	1	2	2	3	3	3	2	2	2	1	1	1
putative type IIS restriction/modification enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	2,25	0,6	1	1,17	-0,74	0,00	ALO46243.1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	3	4	2	1	1	1	1	1	1
chromosome segregation protein SMC, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	2,25	0,75	2	1,17	-0,42	1,00	ALO47016.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	0	2	2	2	2
helicase [Arthrospira sp. O9.13F]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	ALO47092.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES46_21550 [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	ALO47109.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1
hypothetical protein NIES46_20500 [Arthrospira	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	ALO47378.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	0	2	1	2	0

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

platensis NIES-46]																									
Patatin [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	0,75	2	1,17	-0,42	1,00	ALO47599.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	2	2
putative glycosyl transferase [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	AMW26778.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1
1,4-alpha-glucan branching enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	2,25	1,5	0,75	1,17	0,58	-0,42	AMW31391.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	3	4	2	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES46_04580 [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	EKD06011.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_08230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	EKD10098.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

Serine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	GCE92368.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	
alpha-amylase [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	1,5	0,75	1,17	0,58	-0,42	GCE92766.1	1	1	2	0	1	1	2	1	1	3	1	5	1	1	1	1	1	0	2
hypothetical protein NIES3806_04650 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	2,25	0,75	2	1,17	-0,42	1,00	GCE92851.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	2	2	
hypothetical protein NIES3804_15180 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	GCE92904.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	
hypothetical protein NIES3804_14970 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	GCE93707.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	
Holliday junction DNA helicase RuvB [Arthrospira]	2,25	1,5	3	1,17	0,58	1,58	GCE93727.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	3	3	3	

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

platensis NIES-46]																											
beta ketoacyl-acyl carrier protein synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	GCE94186.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1
serine acetyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCE94250.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	2	1	1	1	1
GTPase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCE94464.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	4	2	2	2	2	2	1	1	1	1
serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis C1]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCE94922.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	2	1	1	1	1
hypothetical protein NIES46_01500 [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	2,25	1	1,17	1,17	0,00	GCE94942.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	1	5	3	3	3	3	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3804_0772	2,25	0,75	3	1,17	-0,42	1,58	GCE94979.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	3	3	3	3	3

**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

0 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]																									
tRNA lysidine(34) synthetase TiIS, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	2,25	0,75	1	1,17	- 0,42	0,00	GCE95263.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES46_04880 [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	0,75	3	1,17	- 0,42	1,58	GCE95474.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	3	3	3
putative voltage-gated chloride channel [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCE96028.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1

### Tabella Supplementare B:

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

(myosin heavy-chain) kinase : (Myosin heavy-chain) kinase., Histone acetyltransferase OS=Haliscomenobacter hydrossis (strain ATCC 27775 / DSM 1100 / LMG 10767 / O) GN=Halhy_2265 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: PQQ_2: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCE96129.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	
GAF domain-containing protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	GCE96222.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1
Glycosyl transferase OS=Oscillatoriales cyanobacterium JSC-12 GN=OscyDRAF	2,25	1,5	3	1,17	0,58	1,58	GCE96273.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	3	3	3	3



**Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di Log<sub>2</sub>FC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

[Arthrospira sp. O9.13F]																										
endoribonucleas e L-PSP [Arthrospira platensis C1]	2,25	0,75	2	1,17	- 0,42	1,00	GCL51228.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	2	2	
hypothetical protein NIES46_16090 [Arthrospira platensis NIES- 46]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCL52174.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	
Uncharacterized protein OS=Limnospira indica PCC 8005 OX=376219 GN=ARTHRO_1 300042 PE=4 SV=1	2,25	0,75	3	1,17	- 0,42	1,58	GCL52307.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	2	4	1	1	1	3	3	3	
Phosphoenolpyruvate synthase [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	1,5	1	1,17	0,58	0,00	GCL52445.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	
peptide deformylase [Arthrospira platensis NIES- 46]	2,25	2,25	1	1,17	1,17	0,00	GCL53423.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	1	1	1	



### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein NIES46_40420 [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	0,75	1	1,17	- 0,42	0,00	GCL54297.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	1	5	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES3787_0228 0 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	2,25	0,75	2	1,17	- 0,42	1,00	GCL54440.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	2	2
Type II secretory pathway, ATPase Pule/Tfp pilus assembly pathway, ATPase PilB [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	0,75	1	1,17	- 0,42	0,00	GCL55567.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	2	4	1	1	1	1	1	1
RNA polymerase sigma 70 subunit RpoD family [Arthrospira platensis C1]	2,25	1	1	1,17	0,00	0,00	GCL55791.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	2	1	1	1	1

### **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

hypothetical protein PS2015_363 [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	1,5	2	1,17	0,58	1,00	GCL56723.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	2	2	2	
16S rRNA methyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	2,25	0,75	10	1,17	-0,42	3,32	GCL59050.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	0	9	1
ATP-dependent DNA helicase [Arthrospira platensis NIES-46]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	RAQ42577.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein ARTHRO_41315 [Limnospira indica PCC 8005]	2,25	1,5	3	1,17	0,58	1,58	RAQ47585.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	3	3	3	
adenine specific DNA methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	2,25	0,75	1	1,17	-0,42	0,00	SMN35232.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1
hypothetical protein NIES46_04070 [Arthrospira]	2,25	0,75	2	1,17	-0,42	1,00	SMN35259.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	2	2	



## **Tabella Supplementare B:**

*Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di A. maxima in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log2 FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.*

aeruginosa NIES-3804]																									
dna helicase : DNA or RNA helicase of superfamily II OS=Candidatus Contendobacter odensis Run_B_J11 GN=BN874_168 0028 PE=4 SV=1: Methyltransf_2 6 [Gemmata massiliana]	3	1,5	5	1,58	0,58	2,32	BAI87888.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	4	5	3	2	2	2	5	4	6
transcription termination factor Rho [Pseudohongiell a spirulinae]	3	1,5	1	1,58	0,58	0,00	EKD11759.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	4	3	5	2	2	2	1	1	1
two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES- 46]	3	0,75	3	1,58	- 0,42	1,58	GCE92273.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	4	4	4	1	1	1	3	3	3
alpha/beta fold family hydrolase [Microcystis	3	1,5	2	1,58	0,58	1,00	GCL56355.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	4	4	4	2	2	2	2	2	2

**Tabella Supplementare B:**

Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato (Gly). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento; il Log<sub>2</sub> FC espresso come logaritmo del valore di FC per ciascuna proteina. La matrice di valori è stata ordinata per valori di LogFC (colonna in grigio) dal più negativo (sottoespresso nel trattato) al più positivo (sovraespresso nel trattato) rispetto al controllo.

aeruginosa NIES-3806]																									
hypothetical protein PS2015_2972 [Pseudohongiella spirulinae]	3,75	1,5	3	1,91	0,58	1,58	GCE94103.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	5	4	6	2	1	3	3	2	4
heat shock protein DnaJ- like [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	3,75	2,25	4	1,91	1,17	2,00	GCL56478.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	5	6	4	3	3	3	4	3	5
peptide chain release factor 1 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	4,5	3	1	2,17	1,58	0,00	VIP01864.1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	6	6	6	4	4	4	1	1	1

**Tabella Supplementare C:**

Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.

XLSTAT 2021.3.1.1193 - Heat maps - Start time: 30/09/2021 at 15:34:26 / End time: 30/09/2021 at 15:34:31  
 Features/Individuals table: Workbook = Proteine Glifosato-1.xlsx / Sheet = spectral count / Range = 'spectral count'!\$H\$3:\$Z\$663 / 661 rows and 18 columns  
 Center: Yes  
 Reduce: Yes  
 Color scale: Red to green through black  
 Color calibration:  
 Automatic(Min: -1 /  
 Max: 1)  
 Seed (random numbers): 1966758294

DAP Ids	Observations	Obs. with missing data	Obs. without missing data	Minimum	Maximum	Mean	Std. deviation
AAQ63963.1	18	0	18	1,000	5,000	2,167	1,150
AAX68410.1	18	0	18	1,000	6,000	1,889	1,530
ABF61892.1	18	0	18	1,000	4,000	1,889	1,079
ABV54998.1	18	0	18	0,000	3,000	1,667	0,907
ALO44718.1	18	0	18	1,000	5,000	3,056	1,110
ALO44744.1	18	0	18	1,000	3,000	1,611	0,778
ALO44772.1	18	0	18	1,000	3,000	1,889	0,676
ALO44782.1	18	0	18	1,000	3,000	1,500	0,786
ALO44808.1	18	0	18	1,000	3,000	1,500	0,786
ALO44826.1	18	0	18	1,000	5,000	2,278	1,406
Y1	18	0	18	1,000	4,000	1,944	1,162
ALO44907.1	18	0	18	1,000	3,000	1,500	0,786
ALO44964.1	18	0	18	1,000	3,000	1,944	0,802
ALO44998.1	18	0	18	1,000	4,000	2,111	1,023
ALO45025.1	18	0	18	1,000	3,000	1,500	0,786
ALO45039.1	18	0	18	0,000	5,000	1,500	1,098
ALO45046.1	18	0	18	1,000	3,000	2,111	0,758
ALO45052.1	18	0	18	1,000	4,000	1,500	0,857

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

ALO45063.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO45068.1	18	0	18	1,000	4,000	1,66 7	0,840
ALO45077.1	18	0	18	1,000	3,000	1,66 7	0,767
ALO45091.1	18	0	18	2,000	6,000	3,72 2	1,018
ALO45107.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45119.1	18	0	18	1,000	3,000	2,27 8	0,752
ALO45129.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45161.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,162
ALO45165.1	18	0	18	1,000	3,000	1,55 6	0,784
ALO45202.1	18	0	18	1,000	4,000	1,50 0	0,857
ALO45210.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO45219.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
ALO45224.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
ALO45262.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45265.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	0,850
ALO45281.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45310.1	18	0	18	1,000	3,000	1,83 3	0,857
ALO45326.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO45355.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO45541.1	18	0	18	1,000	3,000	1,66 7	0,767
ALO45547.1	18	0	18	1,000	3,000	1,66 7	0,767
ALO45564.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
ALO45583.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45594.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45639.1	18	0	18	1,000	5,000	1,50 0	1,043
ALO45651.1	18	0	18	1,000	4,000	2,44 4	0,922
ALO45685.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	0,873
ALO45693.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	0,922

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

ALO45702.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45710.1	18	0	18	2,000	5,000	2,94 4	1,110
ALO45739.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45763.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
ALO45819.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
ALO45828.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
ALO45858.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO45889.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO45920.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
ALO45978.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
ALO46022.1	18	0	18	1,000	3,000	2,22 2	0,878
ALO46075.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO46090.1	18	0	18	1,000	6,000	2,94 4	1,349
ALO46118.1	18	0	18	0,000	4,000	2,11 1	1,231
ALO46158.1	18	0	18	1,000	3,000	1,66 7	0,767
ALO46176.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO46207.1	18	0	18	1,000	3,000	1,66 7	0,767
ALO46232.1	18	0	18	1,000	5,000	2,38 9	0,979
ALO46243.1	18	0	18	1,000	4,000	1,50 0	0,857
ALO46267.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
ALO46318.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46353.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46369.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
ALO46371.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,195
ALO46420.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46433.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46441.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
ALO46444.1	18	0	18	0,000	4,000	1,77 8	1,060



**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

ALO46492.1	18	0	18	1,000	5,000	2,61 1	1,461
ALO46521.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
ALO46529.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
ALO46533.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
ALO46586.1	18	0	18	0,000	4,000	2,05 6	0,998
ALO46628.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
ALO46673.1	18	0	18	0,000	4,000	1,44 4	0,922
ALO46677.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,195
ALO46683.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
ALO46685.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46692.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46739.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
ALO46741.1	18	0	18	1,000	3,000	2,22 2	0,878
ALO46882.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO46893.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
ALO46899.1	18	0	18	1,000	4,000	1,88 9	0,963
ALO46908.1	18	0	18	0,000	6,000	2,50 0	1,917
ALO46909.1	18	0	18	0,000	4,000	2,11 1	1,079
ALO46930.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO46935.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO47016.1	18	0	18	0,000	3,000	1,61 1	0,850
ALO47031.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,916
ALO47074.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO47092.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO47106.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
ALO47109.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
ALO47131.1	18	0	18	1,000	5,000	2,38 9	1,037
ALO47132.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

ALO47194.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
ALO47225.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
ALO47296.1	18	0	18	0,000	5,000	2,22 2	1,437
ALO47299.1	18	0	18	1,000	5,000	1,83 3	1,295
ALO47371.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,060
ALO47378.1	18	0	18	0,000	3,000	1,44 4	0,922
ALO47421.1	18	0	18	0,000	7,000	2,38 9	1,577
ALO47433.1	18	0	18	1,000	6,000	3,33 3	1,455
ALO47558.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
ALO47582.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
ALO47599.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
ALO47614.1	18	0	18	1,000	5,000	1,77 8	1,517
ALO47667.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
AMW26778.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
AMW26801.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
AMW27306.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
AMW27573.1 (+7)	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
AMW28495.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
AMW28500.1 (+8)	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,916
AMW28956.1	18	0	18	0,000	5,000	1,77 8	1,215
AMW29926.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
AMW30968.1	18	0	18	1,000	6,000	1,77 8	1,555
AMW31391.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,916
BAI87888.1	18	0	18	1,000	6,000	2,44 4	1,653
BAI88801.1	18	0	18	0,000	5,000	2,50 0	1,465
CDM92508.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
CDM94031.1 (+10)	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
CDM95413.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

CDM95584.1	18	0	18	0,000	5,000	2,33 3	1,534
CDM96902.1	18	0	18	0,000	5,000	1,88 9	1,183
CDM96906.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
EDZ92891.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
EDZ94485.1	18	0	18	0,000	3,000	1,50 0	0,924
EDZ95376.1	18	0	18	1,000	6,000	1,94 4	1,893
EKD05820.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
EKD05876.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
EKD06011.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
EKD06063.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
EKD06564.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
EKD07239.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
EKD07445.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
EKD07734.1	18	0	18	2,000	4,000	2,72 2	0,752
EKD08078.1	18	0	18	1,000	5,000	2,61 1	1,461
EKD08222.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
EKD08619.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	1,145
EKD08754.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
EKD09005.1	18	0	18	1,000	3,000	2,38 9	0,698
EKD09207.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
EKD09463.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
EKD09492.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,132
EKD09731.1	18	0	18	1,000	3,000	2,22 2	0,647
EKD09794.1	18	0	18	1,000	5,000	1,94 4	1,474
EKD09935.1	18	0	18	1,000	4,000	2,88 9	1,079
EKD10098.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
EKD10387.1	18	0	18	2,000	5,000	2,94 4	0,938
EKD10398.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

EKD10616.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
EKD11263.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
EKD11392.1	18	0	18	0,000	5,000	1,44 4	1,097
EKD11399.1	18	0	18	0,000	4,000	2,05 6	1,211
EKD11426.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
EKD11459.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
EKD11466.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
EKD11562.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
EKD11759.1	18	0	18	1,000	5,000	1,77 8	1,166
GCE92103.1	18	0	18	0,000	7,000	3,00 0	1,940
GCE92115.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	1,145
GCE92151.1	18	0	18	0,000	7,000	3,77 8	2,390
GCE92190.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE92236.1	18	0	18	1,000	5,000	2,77 8	1,437
GCE92253.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92273.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,211
GCE92316.1	18	0	18	2,000	5,000	3,05 6	0,873
GCE92329.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92335.1	18	0	18	1,000	6,000	1,77 8	1,309
GCE92360.1	18	0	18	1,000	6,000	1,77 8	1,555
GCE92368.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92370.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,195
GCE92402.1	18	0	18	0,000	4,000	1,55 6	0,984
GCE92418.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCE92448.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE92453.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE92484.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92487.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCE92501.1	18	0	18	0,000	5,000	2,83 3	1,339
GCE92520.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92583.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92614.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCE92711.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92766.1	18	0	18	0,000	5,000	1,38 9	1,145
GCE92821.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE92851.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE92904.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92978.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCE92987.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE92993.1	18	0	18	-1,000	5,000	2,22 2	1,700
GCE93014.1	18	0	18	0,000	4,000	2,05 6	1,259
GCE93062.1	18	0	18	0,000	6,000	1,83 3	1,425
GCE93126.1	18	0	18	0,000	6,000	2,27 8	1,994
GCE93164.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCE93203.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE93215.1	18	0	18	1,000	5,000	2,16 7	1,150
GCE93244.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE93275.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCE93280.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE93320.1	18	0	18	0,000	5,000	1,38 9	1,145
GCE93333.1	18	0	18	1,000	5,000	1,83 3	1,295
GCE93338.1	18	0	18	0,000	7,000	3,33 3	1,879
GCE93348.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE93388.1	18	0	18	1,000	5,000	2,44 4	1,580
GCE93416.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE93438.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCE93452.1	18	0	18	0,000	5,000	3,00 0	1,495
GCE93470.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,916
GCE93483.1	18	0	18	0,000	5,000	2,66 7	1,372
GCE93494.1	18	0	18	0,000	8,000	4,77 8	2,669
GCE93544.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCE93558.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE93593.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE93639.1	18	0	18	0,000	5,000	2,33 3	1,534
GCE93641.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
GCE93654.1	18	0	18	0,000	6,000	1,77 8	1,353
GCE93707.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE93709.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE93727.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
GCE93729.1	18	0	18	0,000	5,000	2,77 8	1,309
GCE93773.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE93780.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	0,850
GCE93839.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCE93947.1	18	0	18	1,000	5,000	1,44 4	1,042
GCE93984.1	18	0	18	0,000	3,000	1,38 9	0,850
GCE93998.1	18	0	18	0,000	7,000	2,11 1	1,676
GCE94007.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	0,873
GCE94103.1	18	0	18	1,000	6,000	2,27 8	1,565
GCE94186.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94196.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	0,984
GCE94237.1	18	0	18	1,000	5,000	2,83 3	1,295
GCE94250.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE94252.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCE94284.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,060

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCE94322.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	0,963
GCE94353.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	0,808
GCE94359.1	18	0	18	1,000	5,000	2,77 8	1,437
GCE94368.1	18	0	18	1,000	5,000	1,77 8	1,166
GCE94464.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	0,850
GCE94471.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	1,074
GCE94488.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE94500.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94522.1	18	0	18	0,000	5,000	2,05 6	1,305
GCE94563.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE94569.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94610.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94615.1	18	0	18	2,000	5,000	3,44 4	0,922
GCE94620.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94644.1	18	0	18	1,000	6,000	3,27 8	1,873
GCE94651.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94674.1	18	0	18	1,000	5,000	1,44 4	1,042
GCE94745.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE94802.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE94810.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94891.1	18	0	18	0,000	6,000	2,44 4	1,917
GCE94908.1	18	0	18	1,000	7,000	3,77 8	1,927
GCE94920.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE94922.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE94942.1	18	0	18	1,000	5,000	1,77 8	1,166
GCE94979.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,943
GCE94993.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
GCE95008.1	18	0	18	0,000	4,000	2,38 9	1,195

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCE95043.1	18	0	18	0,000	5,000	1,44 4	1,097
GCE95050.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95054.1	18	0	18	1,000	4,000	1,72 2	0,958
GCE95099.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
GCE95127.1	18	0	18	1,000	4,000	1,50 0	0,857
GCE95132.1	18	0	18	0,000	3,000	1,44 4	0,856
GCE95143.1	18	0	18	0,000	3,000	1,50 0	0,924
GCE95152.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95183.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE95191.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95263.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95294.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE95330.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCE95372.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE95385.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE95474.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,943
GCE95485.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
GCE95511.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95530.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,162
GCE95540.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE95558.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE95584.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95600.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
GCE95614.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95660.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCE95770.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE95775.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
GCE95812.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784



**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCE95860.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
GCE95868.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
GCE95897.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE95909.1	18	0	18	1,000	6,000	3,27 8	1,873
GCE95975.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE95992.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96000.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCE96021.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE96028.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE96032.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96053.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96060.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,060
GCE96070.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCE96111.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96129.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE96183.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96189.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE96222.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96231.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCE96253.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCE96260.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96268.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96273.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
GCE96311.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE96312.1	18	0	18	1,000	7,000	2,27 8	1,809
GCE96346.1	18	0	18	1,000	5,000	1,94 4	1,259
GCE96360.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE96373.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	0,984

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCE96397.1	18	0	18	1,000	6,000	2,11 1	1,844
GCE96404.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE96417.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE96437.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE96452.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96527.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96541.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCE96574.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCE96598.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCE96775.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96823.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCE96829.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCE96857.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL44348.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL44353.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,060
GCL44552.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL44933.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL44962.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL45216.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL45642.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL45761.1 (+1)	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL46121.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL46670.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL46949.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL46959.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,162
GCL47232.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
GCL48436.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL48484.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL48505.1	18	0	18	0,000	4,000	1,44 4	0,922
GCL48514.1	18	0	18	0,000	3,000	1,50 0	0,985
GCL48555.1	18	0	18	0,000	3,000	1,61 1	0,916
GCL48566.1	18	0	18	0,000	5,000	1,55 6	1,149
GCL48572.1	18	0	18	0,000	4,000	1,44 4	0,922
GCL48589.1	18	0	18	0,000	5,000	2,44 4	1,338
GCL48597.1	18	0	18	0,000	4,000	1,61 1	1,145
GCL48598.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,979
GCL48599.1	18	0	18	0,000	6,000	2,61 1	2,062
GCL48667.1	18	0	18	0,000	5,000	1,55 6	1,199
GCL48737.1	18	0	18	1,000	4,000	2,44 4	0,856
GCL48792.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCL48859.1	18	0	18	0,000	5,000	2,44 4	1,338
GCL48872.1	18	0	18	0,000	5,000	2,11 1	1,231
GCL48917.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,916
GCL48920.1	18	0	18	0,000	5,000	2,33 3	1,534
GCL48934.1	18	0	18	1,000	5,000	1,44 4	1,042
GCL48974.1	18	0	18	0,000	5,000	2,00 0	1,455
GCL49010.1	18	0	18	0,000	5,000	1,44 4	1,247
GCL49031.1	18	0	18	0,000	5,000	1,44 4	1,097
GCL49037.1	18	0	18	0,000	5,000	1,50 0	1,200
GCL49110.1	18	0	18	0,000	4,000	1,94 4	0,998
GCL49141.1	18	0	18	0,000	5,000	1,38 9	1,145
GCL49218.1	18	0	18	0,000	5,000	2,50 0	1,654
GCL49253.1	18	0	18	0,000	6,000	3,33 3	1,847
GCL49269.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,092
GCL49270.1	18	0	18	0,000	5,000	1,94 4	1,162
GCL49272.1	18	0	18	1,000	5,000	2,11 1	1,132

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL49275.1	18	0	18	0,000	5,000	1,44 4	1,097
GCL49291.1	18	0	18	0,000	6,000	2,05 6	1,552
GCL49327.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	1,127
GCL49341.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	1,092
GCL49347.1	18	0	18	0,000	5,000	1,77 8	1,166
GCL49355.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,979
GCL49368.1	18	0	18	0,000	4,000	1,38 9	0,979
GCL49406.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,092
GCL49431.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	0,916
GCL49495.1	18	0	18	0,000	4,000	1,94 4	1,211
GCL49505.1	18	0	18	0,000	4,000	1,44 4	0,984
GCL49511.1	18	0	18	1,000	5,000	1,88 9	1,132
GCL49534.1	18	0	18	0,000	4,000	2,11 1	1,132
GCL49546.1	18	0	18	0,000	4,000	1,77 8	1,003
GCL49615.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL49622.1	18	0	18	0,000	4,000	1,50 0	1,043
GCL49713.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
GCL49725.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCL49807.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	0,878
GCL49811.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL49853.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL49876.1	18	0	18	1,000	5,000	3,05 6	1,305
GCL49937.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
GCL49956.1	18	0	18	1,000	5,000	3,50 0	1,150
GCL49958.1	18	0	18	1,000	4,000	1,88 9	0,963
GCL49990.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL49992.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCL50087.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL50116.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL50140.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50142.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50164.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50187.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50191.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL50220.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCL50243.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL50246.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL50247.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL50272.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50275.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
GCL50277.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50294.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL50356.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL50371.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL50397.1	18	0	18	0,000	6,000	2,44 4	1,917
GCL50462.1	18	0	18	1,000	4,000	2,27 8	0,895
GCL50477.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL50548.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL50560.1	18	0	18	1,000	5,000	2,33 3	1,455
GCL50589.1	18	0	18	1,000	4,000	2,72 2	0,958
GCL50615.1	18	0	18	1,000	5,000	2,16 7	1,150
GCL50623.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,162
GCL50649.1	18	0	18	1,000	7,000	2,38 9	1,577
GCL50711.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL50732.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL50734.1	18	0	18	1,000	4,000	2,72 2	0,895

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL50769.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50795.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCL50796.1	18	0	18	1,000	5,000	2,16 7	1,543
GCL50816.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL50870.1	18	0	18	1,000	3,000	2,11 1	0,900
GCL50871.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,195
GCL50879.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,873
GCL50889.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCL50932.1	18	0	18	0,000	4,000	2,11 1	1,132
GCL50957.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL50963.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	1,294
GCL50966.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL50970.1	18	0	18	0,000	5,000	2,33 3	1,609
GCL50992.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL51032.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL51057.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL51076.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51082.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL51114.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51164.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51166.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL51228.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL51295.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51402.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51409.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL51419.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL51432.1	18	0	18	1,000	7,000	3,77 8	1,896
GCL51467.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL51472.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,732
GCL51534.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51537.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL51556.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51576.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL51588.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL51744.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL51760.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL51774.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51779.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51811.1	18	0	18	2,000	11,000	6,77 8	3,541
GCL51834.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51860.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL51885.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	1,145
GCL51909.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
GCL51911.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL51955.1	18	0	18	1,000	5,000	2,50 0	1,465
GCL51973.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCL51984.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCL51985.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL52006.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL52010.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL52032.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL52091.1	18	0	18	0,000	3,000	1,38 9	0,850
GCL52103.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL52174.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL52209.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCL52256.1	18	0	18	1,000	5,000	2,05 6	1,305

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL52307.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,003
GCL52373.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL52402.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL52445.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL52530.1	18	0	18	0,000	3,000	1,55 6	0,856
GCL52551.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	0,850
GCL52553.1	18	0	18	0,000	3,000	1,38 9	0,916
GCL52629.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,732
GCL52800.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,162
GCL52835.1	18	0	18	0,000	3,000	1,38 9	0,850
GCL52956.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL52972.1	18	0	18	0,000	4,000	2,00 0	1,237
GCL53135.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
GCL53315.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL53423.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,943
GCL53432.1	18	0	18	0,000	6,000	2,33 3	1,749
GCL54043.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL54088.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL54123.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL54137.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL54257.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	0,984
GCL54297.1	18	0	18	1,000	5,000	1,44 4	1,042
GCL54360.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL54440.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL54469.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL54487.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL54821.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL54996.1 (+1)	18	0	18	1,000	5,000	1,77 8	1,517



**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL55041.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL55246.1	18	0	18	2,000	4,000	2,72 2	0,752
GCL55249.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
GCL55361.1	18	0	18	1,000	6,000	1,61 1	1,335
GCL55369.1	18	0	18	1,000	5,000	2,33 3	1,455
GCL55509.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
GCL55544.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL55554.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL55567.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
GCL55691.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
GCL55791.1	18	0	18	1,000	3,000	1,50 0	0,786
GCL55796.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL55834.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL55919.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL55921.1	18	0	18	1,000	4,000	1,88 9	1,023
GCL55992.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,110
GCL56109.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL56355.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,056
GCL56477.1	18	0	18	1,000	4,000	3,05 6	1,162
GCL56478.1	18	0	18	1,000	6,000	2,61 1	1,650
GCL56723.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,732
GCL56838.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL57440.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL57442.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL58385.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL58853.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL58939.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
GCL59014.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

GCL59050.1	18	0	18	1,000	11,000	2,94 4	3,351
GCL59051.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
GCL59281.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
GCL59779.1	18	0	18	1,000	7,000	2,11 1	2,272
GCL59897.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
GCL60054.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
GCL60156.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
GCL60619.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
GCL60907.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
RAQ38716.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ38817.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
RAQ38879.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
RAQ38927.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
RAQ39425.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
RAQ39445.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
RAQ39680.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
RAQ39932.1	18	0	18	0,000	3,000	1,38 9	0,850
RAQ40164.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
RAQ40448.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ40522.1	18	0	18	1,000	4,000	1,44 4	0,856
RAQ40775.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
RAQ41462.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	1,294
RAQ42577.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ42588.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ43317.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
RAQ43332.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ44173.1	18	0	18	1,000	4,000	3,05 6	1,162
RAQ45356.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778

**Tabella Supplementare C:**

Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.

RAQ45823.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ45915.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ46741.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	0,732
RAQ46791.1	18	0	18	1,000	4,000	2,72 2	1,074
RAQ47004.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
RAQ47071.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,162
RAQ47232.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
RAQ47549.1	18	0	18	2,000	5,000	3,05 6	1,162
RAQ47585.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
RAQ47850.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
RAQ48331.1	18	0	18	1,000	3,000	2,22 2	0,878
RAQ48378.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,802
RAQ48678.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
RAQ48988.1	18	0	18	1,000	5,000	2,33 3	1,455
RAQ49094.1	18	0	18	1,000	5,000	2,66 7	1,188
SMN23020.1	18	0	18	1,000	5,000	2,50 0	1,425
SMN35232.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
SMN35255.1	18	0	18	1,000	5,000	2,55 6	1,247
SMN35259.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
SPD79481.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
tr A0A2N9DMR0 A0A2N9DMR0_FUSOX	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
tr A0A2N9DMR5 A0A2N9DMR5_FUSOX	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
tr H1W8U7 H1W8U7_9CYAN	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145
TVU52697.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
TVU52963.1	18	0	18	1,000	4,000	1,77 8	1,114
TVU53417.1	18	0	18	0,000	3,000	1,50 0	0,924
TVU53586.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
TVU53692.1	18	0	18	1,000	4,000	1,61 1	1,145

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

TVU54284.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
TVU54640.1	18	0	18	1,000	5,000	1,83 3	1,295
TVU55119.1	18	0	18	0,000	4,000	1,83 3	1,200
TVU55427.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
VIP01172.1	18	0	18	0,000	3,000	1,55 6	0,856
VIP01439.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VIP01757.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VIP01864.1	18	0	18	1,000	6,000	2,44 4	1,977
VIP03226.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,060
VIP03488.1	18	0	18	1,000	3,000	1,61 1	0,778
VIP03920.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTR91003.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
VTR92413.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTR92436.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
VTR92544.1	18	0	18	1,000	3,000	1,77 8	0,943
VTR93808.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
VTR94017.1	18	0	18	1,000	5,000	2,50 0	1,339
VTR94710.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTR96031.1	18	0	18	1,000	4,000	2,11 1	1,023
VTR96211.1	18	0	18	1,000	4,000	2,05 6	1,211
VTR96478.1	18	0	18	2,000	6,000	3,66 7	1,283
VTR97771.1	18	0	18	1,000	4,000	2,38 9	0,979
VTR98805.1	18	0	18	1,000	6,000	1,94 4	1,514
VTR99319.1	18	0	18	1,000	3,000	1,88 9	0,900
VTS00916.1	18	0	18	1,000	5,000	2,33 3	1,188
VTS01204.1	18	0	18	1,000	4,000	1,94 4	1,056
VTS02576.1	18	0	18	1,000	5,000	2,44 4	1,580
VTS03217.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784

**Tabella Supplementare C:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

VTS06586.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
VTS09788.1	18	0	18	1,000	6,000	3,05 6	1,765
VTS10391.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTS10439.1	18	0	18	1,000	3,000	2,05 6	0,802
VTS10532.1	18	0	18	1,000	3,000	2,27 8	0,575
VTS11136.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
VTS11826.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTS12076.1	18	0	18	1,000	3,000	1,94 4	0,873
VTT98366.1	18	0	18	1,000	5,000	2,44 4	1,580
VTT99252.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTT99839.1	18	0	18	2,000	10,000	5,72 2	2,845
VTU00757.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTU01064.1	18	0	18	0,000	4,000	2,22 2	1,309
VTU01302.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
VTU01377.1	18	0	18	0,000	3,000	1,44 4	0,856
VTU01600.1	18	0	18	1,000	4,000	2,55 6	1,042
VTU01960.1	18	0	18	1,000	5,000	1,61 1	1,195
WP_046320831.1	18	0	18	1,000	6,000	1,61 1	1,335
WP_046320891.1	18	0	18	1,000	4,000	1,38 9	0,850
WP_046321251.1	18	0	18	1,000	5,000	1,72 2	1,127
WP_052741562.1	18	0	18	1,000	3,000	1,27 8	0,575
WP_084831741.1	18	0	18	1,000	4,000	2,22 2	1,114
WP_084831749.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
WP_108614728.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
WP_108614978.1	18	0	18	1,000	3,000	1,44 4	0,784
YP_005098423.1	18	0	18	1,000	3,000	2,11 1	0,758

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression - Start time: 22/09/2021 at 16:50:26 / End time: 22/09/2021 at 16:50:30

Y / Features/Individuals table: Workbook = Proteine Glifosato-1.xlsx / Sheet = Foglio2 / Range = Foglio2!\$A\$3:\$M\$663 / 660 rows and 13 columns

X / Qualitative: Workbook = Proteine Glifosato-1.xlsx / Sheet = Foglio2 / Range = Foglio2!\$O\$4:\$P\$16 / 12 rows and 2 columns

Test type: Parametric

Significance level (%): 5

p-values to keep: 663

Post-hoc corrections: None

**Results for factor Gly/Control:**

660 features with the lowest p-values (Gly/Control):

protein name	IDs	P-value	Significant	Gly	Control
DNA polymerase III alpha subunit [Arthrospira platensis C1]	ALO44782.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3807_22200 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	ALO44808.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein SPLC1_S131720 [Arthrospira platensis C1]	ALO44907.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
beta-ketoacyl synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO45107.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45262.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
WD-40 repeat-containing protein [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	ALO45702.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_03990 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45739.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_01380 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45889.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
heat shock protein DnaJ domain protein [Arthrospira platensis C1]	ALO46075.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES46_13980 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46176.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein ARTHRO_41311 [Limnospira indica PCC 8005]	ALO46267.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
IMP dehydrogenase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46353.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
NADP-dependent malic enzyme [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46433.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_44690 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46533.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3804_24520 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46930.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative monooxygenase [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46935.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
LOG family protein ygdH [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47074.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
D-alanine--D-alanine ligase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO47194.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_38410 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO47614.1	<0,0001	Yes	1 (b)	5 (a)
ferredoxin-dependent glutamate synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	AMW26801.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_22170 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	CDM96906.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_18735, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	EDZ92891.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
HoxH, partial [Arthrospira platensis FACHB-440]	EDZ95376.1	<0,0001	Yes	1 (b)	6 (a)
hypothetical protein NIES46_24140 [Arthrospira platensis NIES-46]	EKD07239.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3804_28050 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD08754.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3807_29560 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	EKD09731.1	<0,0001	Yes	2 (b)	3 (a)
Methionine synthase [Pseudohongiella spirulinae]	EKD10398.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Methyltransferase regulatory domain-containing protein [Pseudohongiella spirulinae]	GCE92329.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
helicase domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE92520.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
conserved hypothetical protein : [Limnospira indica PCC 8005]	GCE92583.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

Acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex [Pseudohongiella spirulinae]	GCE92614.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD091]	GCE92711.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_2397 [Pseudohongiella spirulinae]	GCE92987.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative multifunctional protein glycosyl transferase, tetratricopeptide domains and SAM methyltransferase domains [Limnospira indica PCC 8005]	GCE93275.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
polyketide synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCE93280.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
glycosyltransferase [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCE93416.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
DUF4115 domain-containing protein [Arthrospira sp. O9.13F]	GCE93558.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
methyltransferase FkbM [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE94569.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94610.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
4-alpha-glucanotransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94620.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
integrase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94651.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_25580 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94810.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_894 [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94920.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
RNA polymerase beta prime subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95050.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_23870 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95152.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Protein GrpE [Pseudohongiella spirulinae]	GCE95191.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_03740 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95511.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
multi-sensor signal transduction histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95584.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
radical SAM domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96032.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis C1]	GCE96183.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)



**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

PQQ enzyme repeat domain protein OS=Haloferax sp. ATCC BAA-645 GN=C459_15691 PE=4 SV=1: PQQ_2: PQQ_2 [Gemmataceae bacterium]	GCE96231.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
hypothetical protein PS2015_2044 [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96260.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
DNA polymerase [Arthrospira platensis YZ]	GCE96452.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_26320 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL44962.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_2475 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL46121.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
wd-40 repeat : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2 [Gemmata massiliana]	GCL46949.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_18320 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49615.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
(myosin heavy-chain) kinase : WD-40 repeat protein OS=Nostoc punctiforme (strain ATCC 29133 / PCC 73102) GN=Npun_F1222 PE=4 SV=1: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	GCL49992.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3806_27180 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL50356.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
NADH dehydrogenase subunit 7 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50548.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_2472 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL50711.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Glutathione synthase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL50957.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
DNA mismatch repair protein MutS [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50966.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_05600 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51164.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_24895, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL51295.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
heat shock protein DnaJ-like [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51402.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

restriction endonuclease [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCL51534.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
1-pyrroline-5 carboxylate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51779.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
3-phosphoshikimate 1- carboxyvinyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCL51834.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
group 1 glycosyl transferase : Glycosyltransferase OS=Microcoleus sp. PCC 7113 GN=Mic7113_5759 PE=4 SV=1: Glyco_trans_4_4: Glycos_transf_1 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	GCL51860.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein EA414_12290 [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCL51985.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
wd40 repeat-containing protein : WD-40 repeat protein OS=Arthrospira maxima CS- 328 GN=AmaxDRAFT_0527 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Tuwongella immobilis]	GCL52006.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Phosphoribosylformylglyciami dine synthase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL52010.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Transporter, OMR family [Pseudohongiella spirulinae]	GCL52209.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
CRISPR-associated protein [Arthrospira sp. TJSD091]	GCL52402.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
wd-40 repeat : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	GCL52956.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_479 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL54043.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative diguanylate cyclase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL54123.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_05240 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL54137.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
tetratricopeptide repeat family protein : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA- 1392 / DSM 18658 / VKM B- 2454 / MOB10) GN=Sinac_5030 PE=4 SV=1:	GCL54487.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

Transglut_core2: TPR_9 [Gemmataceae bacterium]					
hypothetical protein NIES46_12520 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL55041.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_27100 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL55249.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
cobalamin biosynthesis protein CobD [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55796.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_913 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL55834.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
chromosome partitioning protein [Arthrospira platensis]	GCL56109.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3807_20230 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL56838.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_38780 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL59897.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
m1 family peptidase : Peptidase, M1 (Aminopeptidase N) family OS=Myxococcus xanthus (strain DK 1622) GN=MXAN_0644 PE=4 SV=1: Peptidase_M1: HEAT_2 [Tuwongella immobilis]	RAQ38716.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative ABC transporter ATP- binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ40448.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein AP285_29220 [Arthrospira platensis YZ]	RAQ42588.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
AAA famiry ATPase central region [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ43332.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_07520 [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ45915.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
methionyl-tRNA formyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	RAQ47004.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative ABC transporter permease protein [Arthrospira platensis NIES-46]	SPD79481.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_32140 [Arthrospira platensis NIES-46]	tr H1W8U7 H1W8U7_9CYAN	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

DNA repair protein RecN [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	TVU54284.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
cation-transporting P-type ATPase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	VIP03920.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
glycosyl transferase family 1 [Pseudohongiella spirulinae]	VTR94710.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A [Arthrospira platensis NIES-46]	VTS03217.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_39920 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VTS11826.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
HAD family hydrolase [Pseudohongiella spirulinae]	VTT99252.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_213 [Pseudohongiella spirulinae]	VTU01302.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
ATPase AAA [Pseudohongiella spirulinae]	WP_108614978.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
penicillin-binding protein 2 [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCE96397.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	6 (a)
hypothetical protein NIES3807_24540 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCE92360.1	<0,0001	Yes	1 (b)	5 (a)
16S rRNA methyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL59050.1	<0,0001	Yes	1,667 (b)	10 (a)
ATP-dependent DNA helicase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44826.1	<0,0001	Yes	1,444 (b)	5 (a)
6-phosphogluconate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96312.1	<0,0001	Yes	1,667 (b)	6 (a)
methionine synthase [Arthrospira sp. O9.13F]	ALO46677.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
chorismate synthase [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCE92370.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
phosphate acetyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50871.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
exonuclease SbcC homolog [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	VTU01960.1	<0,0001	Yes	1 (b)	4 (a)
aldolase/epimerase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO45161.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
protein of function [Limnospira indica PCC 8005]	ALO46521.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
wd-40 repeat protein : WD40 repeat-containing protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_5385 PE=4 SV=1: PSCyt1: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	GCE92418.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

chromosome segregation protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95530.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3806_31500 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE96253.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
lytic transglycosylase catalytic precursor [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL46959.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
membrane-fusion protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50623.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES46_48480 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50795.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
two-component sensor histidine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51973.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
putative DNA helicase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52800.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
60 kDa molecular chaperonin 2 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ47071.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
wd-40 repeat-containing protein : WD-40 repeat protein OS=Pirellula staleyii (strain ATCC 27377 / DSM 6068 / ICPB 4128) GN=Psta_3480 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	RAQ47549.1	<0,0001	Yes	2,333 (b)	5 (a)
hypothetical protein NIES46_40990 [Arthrospira platensis NIES-46]	VTR98805.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	5 (a)
PBS lyase heat-like repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE96060.1	<0,0001	Yes	1,667 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3804_41420 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL44353.1	<0,0001	Yes	1,667 (b)	4 (a)
hypothetical protein PS2015_1028 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44744.1	<0,0001	Yes	1,222 (b)	3 (a)
serine/threonine protein kinase with WD-40 repeats [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45310.1	<0,0001	Yes	1,222 (b)	3 (a)
LysR family transcriptional regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45052.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
adenylate/guanylate cyclase with GAF and PAS/PAC sensor [Arthrospira platensis C1]	ALO46628.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_35610 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO47106.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
penicillin-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	AMW29926.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

TIGR02710 family CRISPR-associated protein [Arthrospira sp. O9.13F]	GCE93839.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative methionine adenosyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93984.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Pyruvate dehydrogenase E1 component [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94252.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hydroxypyruvate isomerase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE95143.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
Amidophosphoribosyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96070.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_19380 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49725.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
putative peptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50889.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
DNA topoisomerase IV [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL52835.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_06950 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ39932.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
transglutaminase-like domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ40522.1	<0,0001	Yes	1 (b)	3 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94368.1	<0,0001	Yes	1,333 (b)	4 (a)
Amine oxidase, flavin-containing protein [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46741.1	0,000	Yes	2,667 (a)	1 (b)
heat repeat-containing protein : Putative uncharacterized protein OS=[Oscillatoria] sp. PCC 6506 GN=OSCI_440025 PE=4 SV=1: HEAT_2 [Tuwongella immobilis]	ALO45063.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Diguanylate cyclase with PAS/PAC and GAF sensors [Arthrospira sp. SRM16]	ALO45077.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_05410 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45326.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45355.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_08260 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO45541.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
beta-ketoacyl synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO45547.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_05845 [Arthrospira sp. O9.13F]	ALO45858.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES3804_24430 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46207.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Acriflavin resistance protein [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47132.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
glycosyl transferase family 2 [Arthrospira platensis C1]	ALO47558.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Uncharacterized protein OS=Cystobacter violaceus Cb vi76 GN=Q664_20155 PE=4 SV=1: Pentapeptide: Pentapeptide_4: Pentapeptide: Pentapeptide: Pentapeptide [Gemmata massiliana]	ALO47582.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_28620 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO47667.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Glycosyl transferase group 1 OS=Acidithiobacillus caldus (strain SM-1) GN=Atc_0781 PE=4 SV=1: Glycos_transf_2: Glyco_transf_2_3: Glyco_trans_4_4: Glycos_transf_1 [Tuwongella immobilis]	CDM95413.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
preprotein translocase SecA subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD08222.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_20300 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE92190.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Catalase-peroxidase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE92448.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
AAA family ATPase [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCE92453.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
putative glycosyl transferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92821.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
tetratricopeptide repeat protein [Arthrospira sp. TJSD091]	GCE93348.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_43220 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93438.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Tetratricopeptide TPR_2 repeat protein [Arthrospira maxima CS-328]	GCE93593.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD091]	GCE94563.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
protein-tyrosine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94802.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
ATPase GET3 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95294.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
pilus assembly protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCE95385.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

putative peptidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95540.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE95897.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
protein containing peptidase domain [Arthrospira platensis C1]	GCE96189.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
S1 RNA-binding domain-containing protein [Arthrospira sp. TJS091]	GCE96417.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Cation/multidrug efflux pump [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96541.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
reverse transcriptase homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96598.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
DNA topoisomerase IV subunit B [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96857.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_00640 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL44348.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Putative PAS/PAC sensor protein [Pseudohongiella spirulinae]	GCL50140.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
threonyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50142.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
asparaginyl-tRNA synthetase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50164.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
signal recognition particle protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50187.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
phenylalanyl-tRNA synthetase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50191.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_36910 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50243.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
WD-repeat protein Hat [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50247.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
transposase IS204/IS1001/IS1096/IS1165 family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50371.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_35940 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50769.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL50816.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
heat shock protein 40 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51057.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51409.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
GTPase Era [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL51467.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)



**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

adenylate cyclase [ <i>Arthrospira platensis</i> NIES-46]	GCL51537.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Methylamine utilization protein MauE [ <i>Pseudohongiella spirulinae</i> ]	GCL51760.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
two-component sensor histidine kinase [ <i>Arthrospira platensis</i> NIES-46]	GCL52103.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
arginyl-tRNA-synthetase [ <i>Microcystis aeruginosa</i> NIES-3804]	GCL52373.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3807_21840 [ <i>Microcystis aeruginosa</i> NIES-3807]	GCL53315.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Aculeacin A acylase [ <i>Pseudohongiella spirulinae</i> ]	GCL54821.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
TPP-binding enzymes family protein [ <i>Arthrospira platensis</i> NIES-46]	GCL55554.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
3-hydroxydecanoyl-ACP dehydratase [ <i>Pseudohongiella spirulinae</i> ]	GCL59051.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
pentapeptide repeat family protein [ <i>Microcystis aeruginosa</i> NIES-3806]	GCL60619.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
seryl-tRNA synthetase [ <i>Arthrospira platensis</i> NIES-46]	RAQ39445.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_42910 [ <i>Arthrospira platensis</i> NIES-46]	RAQ40775.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
wd-40 repeat-containing protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2 [ <i>Gemmata obscuriglobus</i> UQM 2246]	RAQ45356.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
type I DNA topoisomerase, partial [ <i>Arthrospira</i> sp. PLM2.Bin9]	RAQ48678.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
glycosyl transferase [ <i>Microcystis aeruginosa</i> NIES-3804]	TVU53586.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_29800 [ <i>Arthrospira platensis</i> NIES-46]	TVU55427.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40 [ <i>Gemmata massiliana</i> ]	VTR91003.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

dihydrodipicolinate reductase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VTR99319.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
wd40 repeat-containing protein : (Myosin heavy-chain) kinase OS=Calothrix sp. PCC 6303 GN=Cal6303_2739 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	VTS11136.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD091]	VTS12076.1	0,000	Yes	1,333 (b)	3 (a)
glycosyl transferase family 2 [Arthrospira platensis C1]	ALO45693.1	0,000	Yes	2,333 (b)	4 (a)
Heterocyst differentiation protein [Arthrospira sp. SRM16]	AMW28956.1	0,000	Yes	1,333 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES46_31040 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL55361.1	0,001	Yes	1 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3804_05880 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	WP_046320831.1	0,001	Yes	1 (b)	4 (a)
helicase domain-containing protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO47031.1	0,001	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_1942 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47131.1	0,001	Yes	2 (b)	4 (a)
hypothetical protein AP285_05915 [Arthrospira platensis YZ]	GCE93470.1	0,001	Yes	1 (b)	3 (a)
hydrogenase expression/formation protein HypD [Arthrospira platensis C1]	GCL48505.1	0,001	Yes	1 (b)	3 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48514.1	0,001	Yes	1 (b)	3 (a)
ferredoxin--nitrite reductase [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCL48917.1	0,001	Yes	1 (b)	3 (a)
molecular chaperone DnaK [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL52553.1	0,001	Yes	1 (b)	3 (a)
Protein containing DUF288 OS=Rhodospirillum rubrum SM1 GN=RMSM_05182 PE=4 SV=1: Glycos_transf_2: DUF288 [Gemmataceae bacterium]	AAQ63963.1	0,001	Yes	1,556 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES46_39260 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45046.1	0,001	Yes	1,778 (b)	3 (a)
phosphate transport ATP- binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE93998.1	0,001	Yes	1,333 (b)	5 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES46_13250 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO47421.1	0,001	Yes	1,667 (b)	5 (a)
hypothetical protein NIES46_36060 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49272.1	0,001	Yes	1,667 (b)	4 (a)
hypothetical protein SPLC1_S531570 [Arthrospira platensis C1]	GCL50734.1	0,001	Yes	2,667 (b)	4 (a)
TonB-dependent outer membrane receptor [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45920.1	0,001	Yes	1,667 (b)	3 (a)
universal stress protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49341.1	0,001	Yes	0,778 (b)	3 (a)
precorrin-3B C17-methyltransferase [Arthrospira platensis C1]	GCL49876.1	0,001	Yes	2,333 (b)	5 (a)
alpha/beta hydrolase fold protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL52629.1	0,001	Yes	1,667 (b)	3 (a)
(P)ppGpp synthetase, RelA/SpoT family [Pseudohongiella spirulinae]	VTS06586.1	0,001	Yes	1,667 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_42510 [Arthrospira platensis NIES-46]	YP_005098423.1	0,001	Yes	1,667 (b)	3 (a)
single-strand-DNA-specific exonuclease RecJ [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO45224.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
hypothetical protein NIES46_28700 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46441.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
hypothetical protein PS2015_1101 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46739.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
Secretion protein HlyD family protein OS=Planctomyces limnophilus (strain ATCC 43296 / DSM 3776 / IFAM 1008 / 290) GN=Plim_1596 PE=4 SV=1: HlyD_2 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	GCE95860.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
hypothetical protein NIES3806_18110 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55691.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
hypothetical protein NIES3804_35980 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL60156.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
putative transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	VTS10439.1	0,001	Yes	2,333 (a)	1 (b)
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93062.1	0,001	Yes	1,333 (b)	4,333 (a)
hypothetical protein NIES3787_26490 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	WP_046321251.1	0,002	Yes	1,333 (b)	3,667 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

putative alpha-mannosidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE92335.1	0,003	Yes	1,333 (b)	4 (a)
phosphoenolpyruvate synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45068.1	0,003	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein [ORF-B] [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO46899.1	0,003	Yes	1,333 (b)	3 (a)
two-component sensor histidine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52530.1	0,003	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_03680 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL52551.1	0,003	Yes	1,333 (b)	3 (a)
Cobyric acid synthase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL50963.1	0,003	Yes	1,667 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES3804_19230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ41462.1	0,003	Yes	1,667 (b)	4 (a)
Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N- acyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL48598.1	0,003	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_08940 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49355.1	0,003	Yes	1 (b)	3 (a)
putative tetratricopeptide TPR_2 [Arthrospira platensis C1]	GCL49368.1	0,003	Yes	1 (b)	3 (a)
cobyric acid ac-diamide synthase [Arthrospira platensis C1]	GCL49505.1	0,003	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_14905 [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49622.1	0,003	Yes	1 (b)	3 (a)
50S ribosomal protein L6 [Pseudohongiella spirulinae]	WP_046320891.1	0,004	Yes	1 (b)	2,667 (a)
sec-c motif domain protein : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_6242 PE=4 SV=1: SEC-C: TPR_19: TPR_16 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	ALO46090.1	0,005	Yes	2,556 (b)	5 (a)
hypothetical protein NIES3806_23390 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE96346.1	0,006	Yes	1,667 (b)	4 (a)
hypothetical protein, partial : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_1079 PE=4 SV=1: DUF790 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	GCE93947.1	0,007	Yes	1 (b)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

Nitroreductase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94674.1	0,007	Yes	1 (b)	3 (a)
SMP-30/Gluconolacnase/LRE domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	RAQ46741.1	0,007	Yes	2 (b)	3 (a)
Putative Signal transduction histidine kinase [Arthrospira sp. SRM16]	GCL49291.1	0,008	Yes	1,667 (b)	4,333 (a)
DUF3883 domain-containing protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCL48555.1	0,009	Yes	1,333 (b)	3 (a)
competence protein ComE [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49431.1	0,009	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_08240 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94007.1	0,010	Yes	1,667 (b)	3 (a)
glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94353.1	0,010	Yes	1,667 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_17790 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92316.1	0,010	Yes	3,333 (a)	2 (b)
hypothetical protein NIES46_13830 [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ48378.1	0,010	Yes	2,333 (a)	1 (b)
light-dependent NADPH-protochlorophyllide oxidoreductase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92151.1	0,013	Yes	2,222 (b)	6 (a)
PD-(D/E)XK nuclease family protein [Arthrospira sp. O9.13F]	ALO45039.1	0,013	Yes	1 (b)	3 (a)
RNA polymerase subunit gamma [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD11392.1	0,013	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein PS2015_524 [Pseudohongiella spirulinae]	GCE95043.1	0,013	Yes	1 (b)	3 (a)
ATPase [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49031.1	0,013	Yes	1 (b)	3 (a)
two-component response regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49275.1	0,013	Yes	1 (b)	3 (a)
dna helicase : DNA or RNA helicase of superfamily II OS=Candidatus Contendobacter odensis Run_B_J11 GN=BN874_1680028 PE=4 SV=1: Methyltransf_26 [Gemmata massiliana]	BAI87888.1	0,014	Yes	2,333 (b)	5 (a)
glutamate 5-kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48859.1	0,014	Yes	1,667 (b)	4 (a)
hypothetical protein PS2015_970 [Pseudohongiella spirulinae]	VIP03226.1	0,019	Yes	2,667 (a)	1 (b)
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	EKD09935.1	0,019	Yes	2,333 (b)	4 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

copper amine oxidase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL49010.1	0,019	Yes	0,889 (b)	3 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL49037.1	0,021	Yes	1 (b)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_21815, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49141.1	0,021	Yes	1 (b)	3 (a)
cobalamin biosynthesis protein CobD [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VTS09788.1	0,027	Yes	2,333 (b)	5 (a)
maturase [Arthrospira sp. O9.13F]	VTR94017.1	0,030	Yes	2 (b)	4 (a)
hypothetical protein NIES46_02740 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46444.1	0,031	Yes	1,333 (b)	3 (a)
hypothetical protein AP285_04215 [Arthrospira platensis YZ]	GCL49511.1	0,031	Yes	1,333 (b)	3 (a)
prephenate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ49094.1	0,031	Yes	2,333 (b)	4 (a)
wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	GCE94908.1	0,032	Yes	2,667 (b)	5,667 (a)
sulfotransferase [Arthrospira sp. O9.13F]	CDM95584.1	0,033	Yes	1,667 (b)	4 (a)
radical SAM domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO44964.1	0,038	Yes	2,111 (a)	1 (b)
leucine aminopeptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49406.1	0,046	Yes	1,333 (b)	3 (a)
GTPase SAR1 [Pseudohongiella spirulinae]	RAQ46791.1	0,049	Yes	2,667 (b)	4 (a)
heat repeat-containing protein : HEAT repeat-containing protein OS=Leptolyngbya sp. PCC 7375 GN=Lepto7375DRAFT_2567 PE=4 SV=1: HEAT_2 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	ALO46586.1	0,049	Yes	1,667 (b)	3 (a)
hypothetical protein SPLC1_S030930 [Arthrospira platensis C1]	EKD07734.1	0,049	Yes	2,667 (a)	2 (b)
excinuclease ABC subunit A [Pseudohongiella spirulinae]	EKD08619.1	0,049	Yes	1,667 (b)	3 (a)
glucose 6-phosphate dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD10387.1	0,049	Yes	3,333 (a)	2 (b)
two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92115.1	0,049	Yes	2,333 (a)	1 (b)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES3804_07720 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94979.1	0,049	Yes	1,667 (b)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_04880 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95474.1	0,049	Yes	1,667 (b)	3 (a)
adenine specific DNA methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51885.1	0,049	Yes	1,667 (b)	3 (a)
peptide deformylase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL53423.1	0,049	Yes	2,333 (a)	1 (b)
magnesium chelatase H subunit [Arthrospira platensis]	VTR92544.1	0,049	Yes	1,667 (b)	3 (a)
Type II secretion system protein E [Pseudohongiella spirulinae]	EKD09005.1	0,049	Yes	2,333 (b)	3 (a)
na-ca exchanger integrin-beta4 : Na-Ca exchanger/integrin-beta4 OS=Trichodesmium erythraeum (strain IMS101) GN=Tery_1772 PE=4 SV=1: Calx-beta: Calx-beta: Calx-beta: Calx-beta: PKD: PKD: HemolysinCabind: HemolysinCabind [Gemmata massiliana]	GCL55246.1	0,049	Yes	2,333 (b)	3 (a)
serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93494.1	0,051	No	3,222 (a)	7 (a)
hypothetical protein NIES46_36660 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92236.1	0,061	No	2,667 (a)	1 (a)
ribonucleoside-diphosphate reductase, alpha subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL48597.1	0,061	No	1,333 (a)	3 (a)
ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH [Pseudohongiella spirulinae]	GCL48974.1	0,061	No	1,333 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_02180 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49347.1	0,061	No	1,333 (a)	3 (a)
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51811.1	0,065	No	4,444 (a)	9 (a)
transcription-repair coupling factor [Pseudohongiella spirulinae]	GCE93320.1	0,066	No	1 (a)	2,667 (a)
peptide chain release factor 1 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VIP01864.1	0,067	No	3,667 (a)	1 (a)
serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis C1]	BAI88801.1	0,073	No	2,333 (a)	1 (a)
4-vinyl reductase 4VR OS=Isosphaera pallida (strain ATCC 43644 / DSM 9630 / IS1B) GN=Isop_2221 PE=4 SV=1: V4R [Gemmataceae bacterium]	GCE94471.1	0,073	No	1,667 (a)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

putative phosphoenolpyruvate synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95008.1	0,073	No	1,667 (a)	3 (a)
putative sulfotransferase protein [Arthrospira platensis C1]	GCL49110.1	0,073	No	1,667 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES3806_27090 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL51955.1	0,073	No	1,667 (a)	3 (a)
Uncharacterized protein OS=Limnospira indica PCC 8005 OX=376219 GN=ARTHRO_1300042 PE=4 SV=1	GCL52307.1	0,073	No	1,667 (a)	3 (a)
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93452.1	0,076	No	2,333 (a)	4 (a)
hypothetical protein NIES46_33570 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL48667.1	0,076	No	1,333 (a)	3 (a)
putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO45210.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_13880 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45828.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
cation-transporting P-type ATPase [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46158.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
putative colanic acid biosynthesis acetyltransferase wcaF [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46882.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
type I restriction enzyme, modification chain [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46893.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_21550 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO47109.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
putative glycosyl transferase [Arthrospira platensis NIES-46]	AMW26778.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-39]	AMW27306.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
carbamoyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	AMW28495.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_04580 [Arthrospira platensis NIES-46]	EKD06011.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_35720 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD06063.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_08230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD10098.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
Queuine tRNA-ribosyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	EKD11459.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)



**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

dihydrofolate reductase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE93544.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
L-alanyl-gamma-D-glutamyl- meso-diaminopimelate ligase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE93773.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
serine acetyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCE94250.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis C1]	GCE94922.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
putative voltage-gated chloride channel [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96028.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
(myosin heavy-chain) kinase : (Myosin heavy-chain) kinase., Histone acetyltransferase OS=Haliscomenobacter hydrossis (strain ATCC 27775 / DSM 1100 / LMG 10767 / O) GN=Halhy_2265 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: PQQ_2: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	GCE96129.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_09520 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96311.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
glycine dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCE96437.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
putative transcriptional regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL45642.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
DNA polymerase I [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49990.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
tetratricopeptide tpr_1 repeat- containing protein : Tetratricopeptide domain protein OS=Pirellula staleyi (strain ATCC 27377 / DSM 6068 / ICPB 4128) GN=Psta_3954 PE=4 SV=1: TPR_11 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	GCL50087.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_43800 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50116.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
DNA topoisomerase IV subunit A [Pseudohongiella spirulinae]	GCL50272.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein B9S53_21710, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL50477.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
Arsenic resistance protein ArsH [Pseudohongiella spirulinae]	GCL50992.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

3-isopropylmalate dehydratase large subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51166.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_16090 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL52174.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
Phosphoenolpyruvate synthase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL52445.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
phycocyanin alpha subunit, partial [Arthrospira massartii SC4]	GCL54088.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein PS2015_2046 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL57442.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
GntR family transcriptional regulator [Pseudohongiella spirulinae]	GCL58385.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
triosephosphate isomerase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL60907.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
phosphoenolpyruvate synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ40164.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_06230 [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ47232.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
two-component response regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	VTR93808.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
type I restriction enzyme EcoEI M protein homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	WP_084831741.1	0,082	No	2 (a)	1 (a)
glycosyl transferase group 1 [Arthrospira platensis C1]	ALO46022.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)
Holliday junction DNA helicase RuvB [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93727.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)
putative transcriptional regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94615.1	0,082	No	3 (a)	4 (a)
restriction endonuclease subunit R [Arthrospira platensis YZ]	GCE95600.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)
Glycosyl transferase OS=Oscillatoriales cyanobacterium JSC-12 GN=OscopyDRAFT_0485 PE=4 SV=1: Glyco_tranf_2_3 [Gemmataceae bacterium]	GCE96273.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)
NADH oxidase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL47232.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)
hypothetical protein ARTHRO_41315 [Limnospira indica PCC 8005]	RAQ47585.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)
putative restriction enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ48331.1	0,082	No	2 (a)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES46_25800 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45119.1	0,086	No	2,111 (a)	3 (a)
CRISPR-associated protein Crm2 family [Arthrospira platensis C1]	ALO47371.1	0,098	No	1,667 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_25050 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94284.1	0,098	No	1,667 (a)	3 (a)
Crm2 family CRISPR-associated protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49327.1	0,098	No	1,667 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_35500 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93729.1	0,108	No	2,333 (a)	4 (a)
wd-40 repeat protein : (Myosin heavy-chain) kinase OS=Calothrix sp. PCC 6303 GN=Cal6303_2739 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	GCL48589.1	0,108	No	2,667 (a)	1 (a)
pantothenate metabolism flavoprotein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL56477.1	0,122	No	2,667 (a)	4 (a)
hypothetical protein NIES46_08070 [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ44173.1	0,122	No	2,667 (a)	4 (a)
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93164.1	0,122	No	2,333 (a)	1 (a)
penicillin-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50220.1	0,122	No	2,333 (a)	1 (a)
endonuclease III [Pseudohongiella spirulinae]	RAQ38927.1	0,122	No	2,333 (a)	1 (a)
GTPase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCE94464.1	0,124	No	2 (a)	1 (a)
Long-chain acyl-CoA synthetase protein [Pseudohongiella spirulinae]	GCL49958.1	0,124	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_25390 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51909.1	0,124	No	2 (a)	1 (a)
aspartyl-tRNA synthetase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL52972.1	0,124	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_26900 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	RAQ39425.1	0,124	No	2 (a)	1 (a)
Multicopper oxidase [Pseudohongiella spirulinae]	RAQ48988.1	0,124	No	2 (a)	1 (a)
putative helicase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50870.1	0,124	No	2 (a)	3 (a)
2Fe-2S ferredoxin [Arthrospira platensis NIES-46]	VTU01600.1	0,124	No	2 (a)	3 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

transcription termination factor Rho [Pseudohongiella spirulinae]	EKD11759.1	0,145	No	2,333 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_01500 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94942.1	0,145	No	2,333 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_15950 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49270.1	0,145	No	2,333 (a)	1 (a)
DNA topoisomerase I [Arthrospira platensis NIES-46]	SMN23020.1	0,145	No	2,333 (a)	1 (a)
F420H(2):quinone oxidoreductase [Arthrospira sp. O9.13F]	ALO45091.1	0,145	No	3,333 (a)	4 (a)
hypothetical protein NIES3787_23680 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCE94322.1	0,165	No	2 (a)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_17355, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	EKD11399.1	0,172	No	2,222 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES39_A00470 [Arthrospira platensis NIES-39]	ALO45265.1	0,188	No	1,889 (a)	1 (a)
Valine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL49218.1	0,188	No	1,667 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES46_27030 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO44998.1	0,201	No	2 (a)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_03180 [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL48920.1	0,201	No	2 (a)	1 (a)
bifunctional DNA primase/helicase [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49546.1	0,201	No	2 (a)	1 (a)
two-component hybrid histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50932.1	0,201	No	2 (a)	1 (a)
RNA polymerase sigma 70 subunit RpoD family [Arthrospira platensis C1]	GCL55791.1	0,209	No	1,778 (a)	1 (a)
putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO45165.1	0,209	No	1,778 (a)	1 (a)
GTP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL55509.1	0,209	No	1,778 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_12810 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51432.1	0,223	No	3,556 (a)	2 (a)
GTP-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93654.1	0,226	No	2,333 (a)	1 (a)
sulfate adenylyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO44844.1	0,229	No	2,111 (a)	1 (a)
putative type II DNA modification enzyme	GCE95054.1	0,230	No	1,889 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.*

[Microcystis aeruginosa NIES-3804]					
WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46118.1	0,234	No	2 (a)	1 (a)
secretion protein HlyD family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50397.1	0,234	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_21830 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46908.1	0,243	No	1,667 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES3806_03000 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL48599.1	0,243	No	1,667 (a)	3 (a)
WD-40 repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	ABF61892.1	0,260	No	1,778 (a)	1 (a)
Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex [Pseudohongiella spirulinae]	CDM96902.1	0,263	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_11780 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VTS10532.1	0,290	No	2,333 (a)	2 (a)
Trigger factor [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45025.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_03550 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45129.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
Lipopolysaccharide core heptose(I) kinase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45281.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_29680 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45583.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
phosphomethylpyrimidine synthase ThiC [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45594.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
solanesyl diphosphate synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45819.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
calcium-translocating p-type pmca-type : Calcium-translocating P-type ATPase, PMCA-type OS=bacterium UASB270 GN=U27_05217 PE=4 SV=1: Cation_ATPase_N: E1-E2_ATPase: Hydrolase: Cation_ATPase_C [Gemmataceae bacterium]	ALO45978.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

peptidase c14 caspase catalytic subunit p20 : Peptidase C14 caspase catalytic subunit p20 OS=Methylobacterium nodulans (strain ORS2060 / LMG 21967) GN=Mnod_6182 PE=4 SV=1: Peptidase_C14: TPR_9: TPR_2: TPR_11: TPR_9: TPR_1: TPR_19 [Tuwongella immobilis]	ALO46318.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
apoptotic protease-activating factor 1 like protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO46369.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_42230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46420.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
Ribonuclease R [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46529.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
cation or drug efflux system protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46683.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
PAS-PAS-GGDEF-EAL domain protein [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46685.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
steroid 5-alpha reductase : Uncharacterized protein OS=Flavobacterium subsaxonicum WB 4.1-42 = DSM 21790 GN=Q766_07760 PE=4 SV=1: DUF1295 [Gemmata massiliana]	ALO46692.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
helicase [Arthrospira sp. O9.13F]	ALO47092.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein SPLC1_S208680 [Arthrospira platensis C1]	AMW27573.1 (+7)	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
WD-40 repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	EKD05820.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
Elongation factor G 1 [Pseudohongiella spirulinae]	EKD05876.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
DNA primase [Pseudohongiella spirulinae]	EKD06564.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
tpr repeat-containing protein : Peptidase S1 and S6 chymotrypsin/Hap OS=Cyanothece sp. (strain PCC 8802) GN=Cyan8802_1328 PE=4 SV=1: TPR_12: TPR_1 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	EKD07445.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

tpr-repeat-containing protein : TPR-repeat protein OS=Methanosacta concilii (strain ATCC 5969 / DSM 3671 / JCM 10134 / NBRC 103675 / OCM 69 / GP-6) GN=MCON_2790 PE=4 SV=1: HTH_3: NB-ARC: TPR_12: TPR_12: TPR_12 [Gemmata massiliana]	EKD09207.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	EKD11466.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
flavoprotein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE92253.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92273.1	0,290	No	2 (a)	3 (a)
Serine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE92368.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3806_32770 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE92484.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
amino acid adenylation participated protein like [Microcystis aeruginosa NIES- 3806]	GCE92487.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_15180 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE92904.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_01500 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE93203.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_30390 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93244.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93388.1	0,290	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_14970 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE93707.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein SPLC1_S082910 [Arthrospira platensis C1]	GCE93709.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
beta ketoacyl-acyl carrier protein synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94186.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_31150 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94359.1	0,290	No	2 (a)	3 (a)
tyrosine recombinase [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCE94488.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hemolysin secretion protein [Microcystis aeruginosa NIES- 3804]	GCE94500.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

TPR repeat-containing protein [Arthrospira maxima CS-328]	GCE94745.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
tRNA lysidine(34) synthetase TtlS, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCE95263.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
ABC-transporter ATP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95330.1	0,290	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_17270 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95372.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
leucine-rich-repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCE95558.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein AP285_11470 [Arthrospira platensis YZ]	GCE95614.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
small GTP-binding protein domain [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95770.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
DNA gyrase B subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95812.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
band 7 protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95975.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
Crm2 family CRISPR-associated protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95992.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
Chaperone protein HtpG [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96021.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
putative dolichol-phosphate mannosyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96053.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
50S ribosomal protein L13 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96111.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
GAF domain-containing protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	GCE96222.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	GCE96268.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
phycocyanin beta subunit [Arthrospira platensis FACHB-341]	GCE96360.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
putative glutathione S-transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCE96404.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
protein-export membrane protein SecD [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCE96527.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
Histidine protein kinase NIK1 OS=Fusarium oxysporum OX=5507 PE=4 SV=1	GCE96574.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)



**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96775.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
GTP-binding protein LepA [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96823.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
DNA mismatch repair protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL44552.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein PS2015_2258 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL44933.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_08640 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL45216.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
ribosomal protein S6 modification protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL45761.1 (+1)	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
DNA mismatch repair protein MutL [Arthrospira platensis YZ]	GCL48436.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
von Willebrand factor type A [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL48484.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_33410 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49811.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
diguanylate cyclase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49853.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
isoleucyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50246.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
type 2 NADH dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50732.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_26510 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51032.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein PS2015_2560 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL51076.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_08290 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51082.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
chromosome segregation protein SMC [Pseudohongiella spirulinae]	GCL51114.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
putative transposase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51556.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_31890 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51744.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
tyrosyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51774.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES3806_25970 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL51984.1	0,290	No	2 (a)	1 (a)
carboxysome formation protein CcmA [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52032.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
type II restriction enzyme EcoRI homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL54469.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
putative ferrous iron transport protein A [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL54996.1 (+1)	0,290	No	2,333 (a)	1 (a)
nucleotide exchange factor GrpE [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL55544.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
UDP-N-acetylmuramoyl-L-alanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL58853.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
diguanylate cyclase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL59014.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL59779.1	0,290	No	3 (a)	1 (a)
DNA polymerase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL60054.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein PS2015_1418 [Pseudohongiella spirulinae]	RAQ38879.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
ATP-dependent DNA helicase [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ42577.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
glycogen synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	RAQ45823.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
adenine specific DNA methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	SMN35232.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
putative sulfotransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	SMN35255.1	0,290	No	3 (a)	2 (a)
hypothetical protein AP285_11495 [Arthrospira platensis YZ]	tr A0A2N9DMR0 A0A2N9DMR0_FUSOX	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
phosphoribosylglycinamide formyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	TVU52697.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
serine protease [Arthrospira sp. O9.13F]	TVU53692.1	0,290	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein SPLC1_S201550 [Arthrospira platensis C1]	VIP01439.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
peptidase M16 [Pseudohongiella spirulinae]	VIP01757.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein PS2015_627 [Pseudohongiella spirulinae]	VTR92413.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
helicase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	VTR96211.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD092]	VTS02576.1	0,290	No	2 (a)	1 (a)
Glutamine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	VTS10391.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
excinuclease ABC subunit A [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VTT98366.1	0,290	No	2 (a)	1 (a)
lytic transglycosylase catalytic precursor [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	VTU00757.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein B9S53_15360 [Arthrospira sp. O9.13F]	WP_084831749.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
serine/threonine protein kinase [Arthrospira maxima CS-328]	WP_108614728.1	0,290	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein YCF45 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO45710.1	0,290	No	2,667 (a)	2 (a)
short-chain dehydrogenase/reductase SDR [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL50589.1	0,290	No	2,333 (a)	3 (a)
wd-40 repeat protein : Uncharacterized protein OS=Methanosacta harundinacea (strain 6Ac) GN=Mhar_2360 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: Ras [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	AMW30968.1	0,304	No	2,333 (a)	1 (a)
cyanobacterial phytochrome [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46371.1	0,314	No	2 (a)	1 (a)
conserved hypothetical protein [Limnospira indica PCC 8005]	GCL53432.1	0,333	No	1,889 (a)	3 (a)
non-ribosomal peptide synthetase/polyketide synthase hybrid enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO45202.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
putative type IIS restriction/modification enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	ALO46243.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
proline oxidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EDZ94485.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
phycobilisome core-membrane linker polypeptide [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93014.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
unnamed protein product [Erwinia phage PEp14]	GCE93641.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
DNA gyrase A subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95132.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_46700 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL48792.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

O-methyltransferase family 2 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50796.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
adenylate cyclase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL52091.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
Type II secretory pathway, ATPase PulE/Tfp pilus assembly pathway, ATPase PilB [Pseudohongiella spirulinae]	GCL55567.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
cell division control protein CDC48 homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL55992.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_43290 [Arthrospira platensis NIES-46]	TVU53417.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
multidrug efflux transporter [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	VTU01377.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
type I restriction-modification system deoxyribonuclease [Arthrospira sp. SRM16]	ALO46232.1	0,341	No	2,667 (a)	2 (a)
cobalt-chelatase subunit CobN [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	CDM94031.1 (+10)	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
GTP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD11263.1	0,341	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3806_33510 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL50970.1	0,356	No	2 (a)	1 (a)
hypothetical protein PS2015_2802 [Pseudohongiella spirulinae]	ABV54998.1	0,360	No	1,889 (a)	1,333 (a)
hypothetical protein SPLC1_S411120 [Arthrospira platensis C1]	GCE93338.1	0,366	No	3,222 (a)	2 (a)
hypothetical protein SPLC1_S032970 [Arthrospira platensis C1]	GCL52256.1	0,372	No	1,778 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_20500 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO47378.1	0,383	No	1,667 (a)	1 (a)
1,4-alpha-glucan branching enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	AMW31391.1	0,383	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_27430 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48572.1	0,383	No	1,667 (a)	1 (a)
Chaperone protein DnaK [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46673.1	0,383	No	1,667 (a)	1 (a)
Helicase c2 [Pseudohongiella spirulinae]	AMW28500.1 (+8)	0,383	No	1,667 (a)	1 (a)
heat shock protein DnaJ-like [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL56478.1	0,391	No	3 (a)	4 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

hypothetical protein NIES3806_01260 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	EKD09492.1	0,418	No	2,333 (a)	3 (a)
methylmalonyl-CoA mutase [Pseudohongiella spirulinae]	GCL49495.1	0,418	No	1,667 (a)	1 (a)
putative pyroglutamyl-peptidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	AAX68410.1	0,439	No	2,333 (a)	1,333 (a)
P700 apoprotein subunit Ia [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49956.1	0,448	No	3,333 (a)	4 (a)
(myosin heavy-chain) kinase : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	ALO45639.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
preprotein translocase SecY subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO47299.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3807_30750 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCE93126.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES3804_09600 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE93333.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_30540 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL48934.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
hypothetical protein NIES46_40420 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL54297.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
Peptidase M48 Ste24p [Pseudohongiella spirulinae]	TVU54640.1	0,448	No	1,667 (a)	1 (a)
group II intron reverse transcriptase/maturase [Arthrospira sp. TJSD092]	WP_052741562.1	0,448	No	1,333 (a)	1 (a)
geranylgeranyl hydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	VTT99839.1	0,467	No	6,667 (a)	8 (a)
hypothetical protein PS2015_1794 [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94237.1	0,473	No	2,667 (a)	2 (a)
alpha-amylase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92766.1	0,496	No	1,667 (a)	1 (a)
cytosine-specific methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE92501.1	0,496	No	2,333 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES3804_18440 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94522.1	0,496	No	2,333 (a)	3 (a)
molecular chaperone GroEL [Pseudohongiella spirulinae]	GCE92103.1	0,503	No	2,889 (a)	2 (a)

**Tabella Supplementare D:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.*

putative methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL55921.1	0,525	No	1,556 (a)	2 (a)
potassium channel protein : Kef-type K <sup>+</sup> transport system, putative NAD-binding component OS=Moorea producens 3L GN=LYNGBM3L_73440 PE=4 SV=1: TrkA_N: TrkA_C: TrkA_N [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	ALO45651.1	0,588	No	2,333 (a)	2 (a)
ATP-dependent DNA helicase RecQ [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94196.1	0,588	No	2,333 (a)	2 (a)
Type II restriction endonuclease [Pseudohongiella spirulinae]	GCE96373.1	0,588	No	2,333 (a)	2 (a)
imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit HisF [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL48737.1	0,588	No	2,333 (a)	2 (a)
pyridine nucleotide-disulfide oxidoreductase domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL54257.1	0,588	No	2,333 (a)	2 (a)
Oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family protein [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45564.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
Patatin [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47599.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
two-component response regulator OmpR subfamily protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	CDM92508.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3804_04710 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	EKD11426.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
Cys/Met metabolism pyridoxal-phosphate-dependent enzyme [Arthrospira sp. O9.13F]	EKD11562.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3806_04650 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE92851.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
type I site-specific deoxyribonuclease HsdR family [Arthrospira platensis C1]	GCE92978.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
carbamoil phosphate synthase large subunit [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94644.1	0,588	No	2,333 (a)	3 (a)
menaquinone biosynthesis protein MenD [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95183.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3787_26590 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCE95909.1	0,588	No	2,333 (a)	3 (a)
hypothetical protein NIES3807_15510 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCE96000.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

DNA polymerase III alpha subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE96829.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
IS1 transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL46670.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
protein of function DUF820 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL50277.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
ferrous iron transport protein B [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50294.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
endoribonuclease L-PSP [Arthrospira platensis C1]	GCL51228.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_31110 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51419.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
proline iminopeptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51576.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3806_28610 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL51588.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51911.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
type I restriction-modification system R subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL54360.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3787_02280 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL54440.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis YZ]	GCL55919.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3806_02830 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL57440.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
lipopolysaccharide biosynthesis protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL58939.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein PS2015_1718 [Pseudohongiella spirulinae]	RAQ38817.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	RAQ39680.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein B9S53_12515 [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ43317.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	RAQ47850.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_04070 [Arthrospira platensis NIES-46]	SMN35259.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)
TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	VIP03488.1	0,588	No	1,667 (a)	2 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

undecaprenyl-phosphate galactose phosphotransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE95099.1	0,603	No	1,667 (a)	1,333 (a)
tetratricopeptide repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50649.1	0,610	No	2,667 (a)	2 (a)
adenine-specific methylase like protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO46909.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
chromosome segregation protein SMC, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	ALO47016.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3804_13650 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE93780.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_35390 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94993.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein AP285_01110 [Arthrospira platensis YZ]	GCL50560.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL55369.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
transcription termination factor NusA [Arthrospira platensis C1]	tr A0A2N9DMR5 A0A2N9DMR5_FUSOX	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
ferredoxin : Ferredoxin OS=Isosphaera pallida (strain ATCC 43644 / DSM 9630 / IS1B) GN=Isop_2222 PE=4 SV=1: Fer2 [Tuwongella immobilis]	VIP01172.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
peptidoglycan-binding protein [Arthrospira sp. O9.13F]	VTR96031.1	0,628	No	1,667 (a)	2 (a)
two-component hybrid histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95127.1	0,639	No	1,667 (a)	1,333 (a)
alpha/beta fold family hydrolase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL56355.1	0,682	No	2,333 (a)	2 (a)
urea ABC transporter ATP-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	VTS01204.1	0,682	No	2,333 (a)	2 (a)
primosomal protein N' [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92402.1	0,682	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3806_30440 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCE93639.1	0,682	No	1,667 (a)	2 (a)
type IV pilus assembly protein PilO [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49534.1	0,682	No	1,667 (a)	2 (a)
two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	VTR96478.1	0,701	No	3,333 (a)	3 (a)



**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	VTS00916.1	0,701	No	2,333 (a)	2 (a)
HEAT domain protein repeat-containing protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO47296.1	0,701	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3804_17870 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE94891.1	0,701	No	1,667 (a)	2 (a)
tyrosine protein kinase [Pseudohongiella spirulinae]	VTU01064.1	0,701	No	1,667 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_46130 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49269.1	0,717	No	1,667 (a)	2 (a)
cation:proton antiporter, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCE93483.1	0,731	No	2,333 (a)	2 (a)
two-component hybrid sensor and regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48566.1	0,731	No	1,667 (a)	2 (a)
dihydropteroate synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48872.1	0,743	No	2,333 (a)	2 (a)
amino acid adenylation domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	ALO47433.1	0,779	No	3,333 (a)	3 (a)
hypothetical protein B9S53_06040 [Arthrospira sp. O9.13F]	EKD09794.1	0,786	No	2,333 (a)	2 (a)
hypothetical protein PS2015_2972 [Pseudohongiella spirulinae]	GCE94103.1	0,786	No	2,667 (a)	3 (a)
type III-A CRISPR-associated RAMP protein Csm5 [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49253.1	0,808	No	2,667 (a)	3 (a)
Oligopeptidase A [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44772.1	0,816	No	2,111 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3804_41440 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCE92993.1	0,900	No	1,889 (a)	2 (a)
PspA/IM30 family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	ALO44718.1	1,000	No	3 (a)	3 (a)
permease [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45219.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
putative ATPase [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45685.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_01860 [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO45763.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
SNF2 helicase homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	ALO46492.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein SPLC1_S130310 [Arthrospira platensis C1]	ALO47225.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	EKD08078.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
bifunctional aconitate hydratase 2/2-methylisocitrate dehydratase [Pseudohongiella spirulinae]	EKD09463.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
permeases of the major facilitator superfamily protein : Uncharacterized protein OS=Hyalangium minutum GN=DB31_6149 PE=4 SV=1 [Tuwongella immobilis]	EKD10616.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3807_22210 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCE93215.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
serine/threonine protein kinase containing TPR domain [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95485.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_37260 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95660.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
Endoglucanase OS=Fusarium oxysporum OX=5507 PE=4 SV=1	GCE95775.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
alpha/beta hydrolase [Pseudohongiella spirulinae]	GCE95868.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
HAD-superfamily hydrolase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL49713.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
proteinase inhibitor I4 serpin, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	GCL49807.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
phytoene synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49937.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_04420 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50275.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_49320 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50462.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
outer membrane adhesin like protein [Arthrospira platensis C1]	GCL50615.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_46460 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL50879.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
cobyric acid synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL51472.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES46_17590 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCL53135.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein PS2015_363 [Pseudohongiella spirulinae]	GCL56723.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)

**Tabella Supplementare D:**

Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato rispetto ai campioni di controllo.

malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase : Malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_5854 PE=3 SV=1: CBM_48: Alpha-amylase: DUF3459 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	GCL59281.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
pentapeptide repeat-containing protein [Arthrospira platensis NIES-46]	TVU52963.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3804_01490 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	TVU55119.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
transposase IS605 OrfB family [Arthrospira platensis C1]	VTR92436.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)
hypothetical protein NIES3806_16360 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	VTR97771.1	1,000	No	2 (a)	2 (a)

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

no	Identified Proteins (660)	Accession Number	Molecular Weight	Gene ontology (biological process)	Gene ontology (cellular component)	Gene ontology (molecular function)	Gene ontology (GO)
13	hypothetical protein NIES46_02740 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92236.1	212 kDa				endopeptidase inhibitor activity
26	1,4-alpha-glucan branching enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51744.1	88 kDa	glycogen biosynthetic process			1,4-alpha-glucan branching enzyme activity; 1,4-alpha-glucan branching enzyme activity (using a glucosylated glycogenin as primer for glycogen synthesis); cation binding; hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds; glycogen biosynthetic process
45	hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD091]	WP_084831741.1	49 kDa		carbohydrate metabolic process		alpha-amylase activity; cation binding; starch binding
47	hypothetical protein NIES3804_15180 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49958.1	33 kDa	cell division	integral component of membrane	integral component of membrane	
48	phycobilisome core-membrane linker polypeptide [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94488.1	102 kDa	photosynthesis protein-chromophore linkage			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

52	hypothetical protein SPLC1_S411120 [Arthrospira platensis C1]	EKD07445.1	21 kDa	cilium assembly			
61	hypothetical protein NIES3804_25050 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50932.1	35 kDa	methylation	methylation	integral component of membrane	methyltransferase activity
66	carbamoyl phosphate synthase large subunit [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47299.1	117 kDa	'de novo' UMP biosynthetic process; arginine biosynthetic process			ATP binding; carbamoyl- phosphate synthase (glutamine-hydrolyzing) activity; metal ion binding; 'de novo' UMP biosynthetic process; arginine biosynthetic process
71	hypothetical protein PS2015_524 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45210.1	58 kDa	peptidyl- tyrosine sulfation	peptidyl-tyrosine sulfation		
83	Crm2 family CRISPR- associated protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95770.1	123 kDa	defense response to virus		metal ion binding; nucleotide binding; RNA binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

87	(myosin heavy-chain) kinase : (Myosin heavy-chain) kinase., Histone acetyltransferase OS=Haliscomenobacter hydrossis (strain ATCC 27775 / DSM 1100 / LMG 10767 / O) GN=Halhy_2265 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40: PQQ_2: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	VTT98366.1	108 kDa	nucleoside metabolic process		catalytic activity	
88	protein containing peptidase domain [Arthrospira platensis C1]	EKD05876.1	78 kDa	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules		calcium ion binding	
89	GAF domain-containing protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU52697.1	59 kDa	cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction			cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction
90	hypothetical protein PS2015_2044 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46683.1	124 kDa		cell outer membrane		cell outer membrane

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

91	glycine dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49853.1	109 kDa	glycine decarboxylation via glycine cleavage system			glycine dehydrogenase (decarboxylating) activity; glycine decarboxylation via glycine cleavage system
92	GTP-binding protein LepA [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95372.1	67 kDa	translation		GTPase activity; GTP binding	
97	hypothetical protein NIES3806_03000 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL52972.1	39 kDa	protein glycosylation	protein glycosylation		
10 6	Valine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45828.1	107 kDa		valyl-tRNA aminoacylation	cytoplasm	
10 7	type III-A CRISPR- associated RAMP protein Csm5 [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ47232.1	48 kDa		defense response to virus		
10 8	hypothetical protein NIES46_15950 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93544.1	8 kDa				phosphorelay sensor kinase activity
10 9	putative tetratricopeptide TPR_2 [Arthrospira platensis C1]	EKD11459.1	65 kDa	576			identical protein binding
12 2	WD-repeat protein Hat [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50397.1	125 kDa	1,108	peptidoglycan catabolic process		N-acetylmuramoyl-L- alanine amidase activity

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

124	ferrous iron transport protein B [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50992.1	85 kDa	774	iron ion homeostasis	integral component of membrane; plasma membrane	
130	tetratricopeptide repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49495.1	88 kDa	gibberellic acid mediated signaling pathway		transferase activity	
131	hypothetical protein SPLC1_S531570 [Arthrospira platensis C1]	EKD06564.1	4 kDa	hexose metabolic process		aldose 1-epimerase activity; carbohydrate binding	
132	hypothetical protein NIES46_46460 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96574.1	38 kDa	protein ubiquitination			
133	two-component hybrid histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94745.1	159 kDa	protein-chromophore linkage			
134	hypothetical protein NIES3806_33510 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55992.1	109 kDa	identical protein binding	integral component of membrane		integral component of membrane
135	Arsenic resistance protein ArsH [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45819.1	28 kDa			oxidoreductase activity	oxidoreductase activity



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

136	endoribonuclease L-PSP [Arthrospira platensis C1]	EKD05820.1	42 kDa	organonitrogen compound catabolic process		catalytic activity	
137	hypothetical protein B9S53_24895, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ38879.1	49 kDa	DNA methylation involved in gamete generation			DNA binding; N- methyltransferase activity; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity
138	restriction endonuclease [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU54640.1	158 kDa	methylation	endonuclease activity; methyltransferase activity; nucleic acid binding		endonuclease activity
139	putative transposase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96360.1	42 kDa	DNA recombination transposition			
140	tyrosyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93388.1	46 kDa	tyrosyl-tRNA aminoacylation			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

14 1	group 1 glycosyl transferase : Glycosyltransferase OS=Microcoleus sp. PCC 7113 GN=Mic7113_5759 PE=4 SV=1: Glyco_trans_4_4: Glycos_transf_1 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	VTS02576.1	42 kDa			transferase activity	
14 2	arginyl-tRNA-synthetase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50970.1	66 kDa	arginyl-tRNA aminoacylation	cytoplasm		cytoplasm; arginine-tRNA ligase activity; ATP binding; arginyl-tRNA aminoacylation
14 3	molecular chaperone DnaK [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93641.1	82 kDa	protein folding		ATP binding; unfolded protein binding	
14 4	alpha/beta hydrolase fold protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93126.1	34 kDa			hydrolase activity	
14 5	hypothetical protein NIES46_12520 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93203.1	189 kDa	iron-sulfur cluster assembly		ferric iron binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

14 6	na-ca exchanger integrin-beta4 : Na-Ca exchanger/integrin-beta4 OS=Trichodesmium erythraeum (strain IMS101) GN=Tery_1772 PE=4 SV=1: Calx-beta: Calx-beta: Calx-beta: Calx-beta: PKD: PKD: HemolysinCabind: HemolysinCabind [Gemmata massiliana]	VTR96211.1	226 kDa	cell communication		serine-type endopeptidase activity	
14 7	RNA polymerase sigma 70 subunit RpoD family [Arthrospira platensis C1]	EKD09207.1	47 kDa	DNA-templated transcription, initiation			DNA binding; DNA-binding transcription factor activity; sigma factor activity; DNA-templated transcription, initiation
14 8	cell division control protein CDC48 homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96021.1	67 kDa	cell division			
14 9	hypothetical protein PS2015_1718 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46369.1	58 kDa	peptidyl-tyrosine sulfation			protein-tyrosine sulfotransferase activity; peptidyl-tyrosine sulfation

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

150	putative ABC transporter ATP-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93244.1	110 kDa	protein secretion by the type I secretion system		ATPase activity; ATPase-coupled transmembrane transporter activity; ATP binding; peptidase activity	
151	ATP-dependent DNA helicase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93709.1	85 kDa	DNA recombination; DNA repair; DNA replication; SOS response		3'-5' DNA helicase activity; ATP binding; DNA binding	
152	AAA family ATPase central region [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51032.1	57 kDa	cell division		ATPase activity; ATP binding	ATP binding; ATPase activity
153	SMP-30/Gluconolactonase/LRE domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL48436.1	22 kDa	carbohydrate utilization		levansucrase activity	
154	60 kDa molecular chaperonin 2 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50796.1	59 kDa	protein refolding	cytoplasm		cytoplasm; ATP binding; unfolded protein binding; protein refolding

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

15 5	hypothetical protein NIES46_13830 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93333.1	44 kDa	methylation		methyltransferase activity	
15 6	putative sulfotransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96404.1	32 kDa			sulfotransferase activity	
15 7	phosphoribosylglycinamide formyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45978.1	43 kDa	'de novo' IMP biosynthetic process			ATP binding; magnesium ion binding; phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2 activity; phosphoribosylglycinamide formyltransferase activity; 'de novo' IMP biosynthetic process
15 8	pentapeptide repeat-containing protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93014.1	84 kDa				
15 9	DNA repair protein RecN [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51082.1	65 kDa	DNA recombination; DNA repair			ATP binding; DNA recombination; DNA repair
16 0	peptide chain release factor 1 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52256.1	41 kDa	chloroplast organization; thylakoid membrane organization; translational termination	cytoplasm	translation release factor activity, codon specific	cytoplasm; translation release factor activity, codon specific

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

16 1	cation-transporting P-type ATPase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL60054.1	101 kDa	ion transport		ATP binding	
16 2	magnesium chelatase H subunit [Arthrospira platensis]	ABF61892.1	148 kDa	chlorophyll biosynthetic process; photosynthesis			ATP binding; magnesium chelatase activity; chlorophyll biosynthetic process; photosynthesis
16 3	Glutamine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46529.1	66 kDa	glutaminyl-tRNA aminoacylation; glutamyl-tRNA aminoacylation	cytoplasm		cytoplasm; ATP binding; glutamine-tRNA ligase activity; glutaminyl-tRNA aminoacylation; glutamyl-tRNA aminoacylation
16 4	excinuclease ABC subunit A [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50246.1	106 kDa	SOS response nucleotide-excision repair	nucleotide-excision repair; SOS response		cytoplasm; excinuclease repair complex
16 5	geranylgeranyl hydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95558.1	45 kDa	photosynthesis chlorophyll biosynthetic process			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

166	lytic transglycosylase catalytic precursor [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55544.1	83 kDa	peptidoglycan metabolic process	periplasmic space	hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds; lytic transglycosylase activity	periplasmic space; hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds
167	multidrug efflux transporter [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48484.1	111 kDa		integral component of membrane	transmembrane transporter activity	integral component of membrane; transmembrane transporter activity
168	exonuclease SbcC homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50732.1	117 kDa	DNA recombination; DNA replication			ATP binding; endonuclease activity; exonuclease activity; DNA recombination; DNA replication
169	PspA/IM30 family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51811.1	27 kDa	thylakoid membrane organization; vesicle organization			
171	hypothetical protein NIES46_13880 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93338.1	185 kDa	protein-chromophore linkage; regulation of transcription, DNA-templated		kinase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

17 2	hypothetical protein NIES46_01380 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92103.1	80 kDa	ion transport		transmembrane transporter activity	
17 3	phosphoenolpyruvate synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94615.1	93 kDa	pyruvate metabolic process gluconeogenesis			
17 5	TonB-dependent outer membrane receptor [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45710.1	76 kDa	siderophore transmembrane transport	cell outer membrane	siderophore uptake transmembrane transporter activity	cell outer membrane
17 7	aldolase/epimerase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51432.1	23 kDa	L-methionine salvage from methylthioaden osine; L- methionine salvage from S- adenosylmethio nine	cytoplasm		cytoplasm; methylthioribulose 1- phosphate dehydratase activity; zinc ion binding; L-methionine salvage from methylthioadenosine; L- methionine salvage from S-adenosylmethionine
17 8	Oligopeptidase A [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44718.1	78 kDa	peptide metabolic process; proteolysis		metal ion binding; metalloendopeptidas e activity	metal ion binding; metalloendopeptidase activity



## Tabella Supplementare E:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

179	sulfate adenyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48737.1	44 kDa	hydrogen sulfide biosynthetic process; sulfate assimilation			ATP binding; sulfate adenyltransferase (ATP) activity; hydrogen sulfide biosynthetic process; sulfate assimilation
180	Trigger factor [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46090.1	51 kDa	cell cycle; cell division; protein folding; protein transport	cytoplasm		cytoplasm; peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity; cell cycle; cell division; protein folding; protein transport
181	PD-(D/E)XK nuclease family protein [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ47549.1	102 kDa	DNA repair		ATP binding; DNA binding; DNA helicase activity; exonuclease activity	
183	(myosin heavy-chain) kinase : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	VTR96478.1	117 kDa	DNA-templated transcription, initiation		DNA binding; DNA-binding transcription factor activity; sigma factor activity	kinase activity

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

185	methionine synthase [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ49094.1	39 kDa	protein glycosylation		transferase activity, transferring glycosyl groups	
190	amino acid adenylation domain protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55246.1	184 kDa	biosynthetic process			hydrolase activity, acting on ester bonds; biosynthetic process
191	glycosyl transferase family 2 [Arthrospira platensis C1]	EKD07734.1	241 kDa	protein O-linked glycosylation		transferase activity, transferring glycosyl groups	transferase activity
211	ATP-dependent DNA helicase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45091.1	167 kDa			ATP binding; helicase activity; nucleic acid binding	ATP binding; helicase activity; nucleic acid binding
213	putative pyroglutamyl-peptidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49956.1	18 kDa			pyroglutamyl-peptidase activity	cysteine-type peptidase activity
221	glycosyl transferase group 1 [Arthrospira platensis C1]	EKD09731.1	211 kDa	methylation		methyltransferase activity	transferase activity
222	heat shock protein DnaJ domain protein [Arthrospira platensis C1]	EKD10387.1	33 kDa	protein maturation by iron-sulfur cluster transfer		ATPase activator activity; chaperone binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

22 7	adenylate/guanylate cyclase with GAF and PAS/PAC sensor [Arthrospira platensis C1]	EKD09005.1	196 kDa	cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction			ATP binding; protein kinase activity; cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction
22 8	Chaperone protein DnaK [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47131.1	69 kDa	protein folding			ATP binding; unfolded protein binding; protein folding
23 6	hypothetical protein B9S53_06040 [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ46741.1	91 kDa	DNA-templated transcription, initiation		DNA binding; DNA-binding transcription factor activity; sigma factor activity	
24 5	hypothetical protein NIES46_03550 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92316.1	180 kDa	immune response; toll-like receptor signaling pathway		transmembrane signaling receptor activity	
24 6	hypothetical protein PS2015_1028 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45693.1	39 kDa	metabolic process		hydrolase activity, acting on glycosyl bonds	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

248	single-strand-DNA-specific exonuclease RecJ [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50734.1	87 kDa	DNA recombination; DNA repair			5'-3' exonuclease activity; nucleic acid binding; DNA recombination; DNA repair
250	hypothetical protein NIES3804_24430 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50870.1	147 kDa	purine nucleotide biosynthetic process	phosphoribosylaminoimidazolesuccinocarboxamide synthase activity		
252	heat repeat-containing protein : HEAT repeat-containing protein OS=Leptolyngbya sp. PCC 7375 GN=Lepto7375DRAFT_2567 PE=4 SV=1: HEAT_2 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	VTS10532.1	92 kDa	intracellular protein transport; vesicle-mediated transport		lyase activity	
254	Patatin [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46232.1	43 kDa	lipid catabolic process			hydrolase activity; lipid catabolic process
274	hypothetical protein B9S53_05845 [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ46791.1	83 kDa		integral component of membrane	ATP binding; protein serine/threonine kinase activity	integral component of membrane

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

27 6	Diguanylate cyclase with PAS/PAC and GAF sensors [Arthrospira sp. SRM16]	SMN35255.1	122 kDa	protein-chromophore linkage; regulation of transcription, DNA-templated			protein-chromophore linkage; regulation of transcription, DNA-templated
27 8	Protein containing DUF288 OS=Rhodopirellula maiorica SM1 GN=RMSM_05182 PE=4 SV=1: Glycos_transf_2: DUF288 [Gemmataceae bacterium]	VTT99839.1	67 kDa	protein glycosylation			
27 9	hypothetical protein NIES3807_22200 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL59050.1	204 kDa	SOS response	ATP binding; nucleic acid binding; RNA helicase activity		

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

280	LysR family transcriptional regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96028.1	31 kDa	DNA replication	3'-5' exonuclease activity; DNA binding; DNA-binding transcription factor activity; DNA-directed DNA polymerase activity		
284	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47371.1	69 kDa	protein catabolic process [GO:0030163]		integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]	integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]; ATP binding [GO:0005524]; ATP-dependent peptidase activity [GO:0004176]; metalloendopeptidase activity [GO:0004222]; zinc ion binding [GO:0008270]; protein catabolic process [GO:0030163]
288	hypothetical protein NIES46_03990 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92360.1	51 kDa			kinase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

28 9	solaneyl diphosphate synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96437.1	36 kDa	isoprenoid biosynthetic process			
29 1	hypothetical protein NIES46_13980 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93348.1	34 kDa	methylamine metabolic process			
29 3	peptidase c14 caspase catalytic subunit p20 : Peptidase C14 caspase catalytic subunit p20 OS=Methylobacterium nodulans (strain ORS2060 / LMG 21967) GN=Mnod_6182 PE=4 SV=1: Peptidase_C14: TPR_9: TPR_2: TPR_11: TPR_9: TPR_1: TPR_19 [Tuwongella immobilis]	VIP01172.1	170 kDa	gibberellic acid mediated signaling pathway	transferase activity		
29 4	cyanobacterial phytochrome [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94922.1	96 kDa	detection of visible light Protein-chromophore linkage regulation of transcription, DNA-templated			
29 6	hypothetical protein NIES46_28700 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94810.1	60 kDa	cell division			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

29 7	SNF2 helicase homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92273.1	120 kDa	SOS response	ATP binding		
29 8	protein of function [Limnospira indica PCC 8005]	CDM92508.1	36 kDa	microtubule- based movement	microtubule motor activity		
29 9	hypothetical protein NIES46_44690 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96397.1	37 kDa	protein repair	metal ion binding; molybdopterin cofactor binding; oxidoreductase activity, acting on a sulfur group of donors, quinone or similar compound as acceptor		
30 3	hypothetical protein NIES3804_35610 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51973.1	76 kDa	viral tail assembly		integral component of membrane [GO:0016021]	integral component of membrane [GO:0016021]



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

30 5	Acriflavin resistance protein [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44826.1	115 kDa	cell division	transmembrane transporter activity	integral component of membrane [GO:0016021]	integral component of membrane [GO:0016021]; transmembrane transporter activity [GO:0022857]
30 6	D-alanine--D-alanine ligase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50871.1	39 kDa	cell wall organization; peptidoglycan biosynthetic process; regulation of cell shape	cytoplasm		cytoplasm; ATP binding; D-alanine-D-alanine ligase activity; metal ion binding; cell wall organization; peptidoglycan biosynthetic process; regulation of cell shape
30 7	hypothetical protein SPLC1_S130310 [Arthrospira platensis C1]	EKD09794.1	95 kDa	mRNA processing	ubiquitin protein ligase activity	integral component of membrane [GO:0016021]	integral component of membrane [GO:0016021]
30 8	preprotein translocase SecY subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52091.1	47 kDa	intracellular protein transmembrane transport; protein targeting; protein transport by the Sec complex	integral component of membrane; plasma membrane; thylakoid membrane		integral component of membrane; plasma membrane; thylakoid membrane; intracellular protein transmembrane transport; protein targeting; protein transport by the Sec complex

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

309	CRISPR-associated protein Crm2 family [Arthrospira platensis C1]	EKD11759.1	128 kDa	defense response to virus		metal ion binding; nucleotide binding; RNA binding	
310	hypothetical protein NIES46_13250 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93275.1	77 kDa	cellular response to nitrogen starvation; plastoglobule organization; protein stabilization; regulation of tocopherol cyclase activity; response to high light intensity; response to photooxidative stress; response to red light; response to water deprivation		calcium ion binding	
311	hypothetical protein NIES46_28620 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94802.1	72 kDa	tRNA methylation; tRNA wobble uridine modification	GTP binding		
312	carbamoyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94942.1	73 kDa	biosynthetic process			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

31 3	Heterocyst differentiation protein [Arthrospira sp. SRM16]	SMN35232.1	91 kDa	814	protein O-linked glycosylation	integral component of membrane	transferase activity, transferring glycosyl groups
31 4	hypothetical protein B9S53_18735, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ39932.1	157 kDa	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules			
31 5	proline oxidase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52307.1	110 kDa	proline catabolic process to glutamate [GO:0010133]			1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase activity [GO:0003842]; DNA-binding transcription factor activity [GO:0003700]; oxidoreductase activity, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor [GO:0016620]; proline dehydrogenase activity [GO:0004657]; proline catabolic process to glutamate [GO:0010133]
31 6	HoxH, partial [Arthrospira platensis FACHB-440]	AAQ63963.1	50 kDa	NADH metabolic process	ferredoxin hydrogenase activity; nickel cation binding		ferredoxin hydrogenase activity [GO:0008901]; nickel cation binding [GO:0016151]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

317	WD-40 repeat protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55554.1	158 kDa	signal transduction [GO:0007165]			signal transduction [GO:0007165]
318	Elongation factor G 1 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47092.1	77 kDa	698		cytoplasm	GTPase activity; GTP binding; translation elongation factor activity
319	hypothetical protein NIES46_04580 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92418.1	44 kDa	DNA synthesis involved in DNA repair; double-strand break repair	ATPase activity; ATP binding		
320	hypothetical protein NIES3804_35720 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51984.1	61 kDa		integral component of membrane	transferase activity, transferring hexosyl groups	integral component of membrane; transferase activity, transferring hexosyl groups
321	DNA primase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47378.1	68 kDa	605	DNA replication, synthesis of RNA primer	primosome complex	DNA binding; DNA primase activity; zinc ion binding

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

32 2	hypothetical protein SPLC1_S030930 [Arthrospira platensis C1]	EKD11263.1	39 kDa	cell wall macromolecule catabolic process; peptidoglycan catabolic process		lysozyme activity	
32 3	excinuclease ABC subunit A [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47016.1	104 kDa	nucleotide- excision repair [GO:0006289]; SOS response [GO:0009432]		cytoplasm [GO:0005737]; excinuclease repair complex [GO:0009380]	cytoplasm [GO:0005737]; excinuclease repair complex [GO:0009380]; ATP binding [GO:0005524]; ATPase activity [GO:0016887]; DNA binding [GO:0003677]; excinuclease ABC activity [GO:0009381]; zinc ion binding [GO:0008270]; nucleotide-excision repair [GO:0006289]; SOS response [GO:0009432]
32 4	hypothetical protein NIES3804_28050 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51228.1	56 kDa	cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

32 5	tpr-repeat-containing protein : TPR-repeat protein OS=Methanoseta concilii (strain ATCC 5969 / DSM 3671 / JCM 10134 / NBRC 103675 / OCM 69 / GP-6) GN=MCON_2790 PE=4 SV=1: HTH_3: NB-ARC: TPR_12: TPR_12: TPR_12 [Gemmata massiliana]	VTR98805.1	88 kDa	signal transduction			
32 6	bifunctional aconitate hydratase 2/2-methylisocitrate dehydratase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46533.1	94 kDa	tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]	cytosol [GO:0005829]		cytosol [GO:0005829]; 2-methylisocitrate dehydratase activity [GO:0047456]; 4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]; aconitate hydratase activity [GO:0003994]; citrate dehydratase activity [GO:0047780]; metal ion binding [GO:0046872]; RNA binding [GO:0003723]; tricarboxylic acid cycle [GO:0006099]
32 7	hypothetical protein NIES3807_29560 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL59779.1	58 kDa	cell division		ligase activity	
32 8	hypothetical protein NIES3804_08230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49269.1	111 kDa	cell adhesion	carbohydrate binding		

## Tabella Supplementare E:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

329	glucose 6-phosphate dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48597.1	58 kDa	glucose metabolic process [GO:0006006]; pentose-phosphate shunt [GO:0006098]			glucose-6-phosphate dehydrogenase activity [GO:0004345]; NADP binding [GO:0050661]; glucose metabolic process [GO:0006006]; pentose-phosphate shunt [GO:0006098]
330	permeases of the major facilitator superfamily protein : Uncharacterized protein OS=Hyalangium minutum GN=DB31_6149 PE=4 SV=1 [Tuwongella immobilis]	VIP03488.1	42 kDa	DNA catabolic process, endonucleolytic [GO:0000737]		chromosome [GO:0005694]; integral component of membrane [GO:0016021]	chromosome [GO:0005694]; integral component of membrane [GO:0016021]; DNA binding [GO:0003677]; DNA catabolic process, endonucleolytic [GO:0000737]
331	GTP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48566.1	61 kDa		GTPase activity; GTP binding; metal ion binding	cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; GTP binding [GO:0005525]; GTPase activity [GO:0003924]; metal ion binding [GO:0046872]
332	hypothetical protein B9S53_17355, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ40164.1	132 kDa	DNA repair		3'-5' DNA helicase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

33 7	Serine--tRNA ligase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46207.1	48 kDa	selenocysteine biosynthetic process [GO:0016260]; selenocysteinyl- tRNA(Sec) biosynthetic process [GO:0097056]; seryl-tRNA aminoacylation [GO:0006434]		cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; serine-tRNA ligase activity [GO:0004828]; selenocysteine biosynthetic process [GO:0016260]; selenocysteinyl- tRNA(Sec) biosynthetic process [GO:0097056]; seryl-tRNA aminoacylation [GO:0006434]
33 9	AAA family ATPase [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU55119.1	49 kDa	defense response to bacterium; leaf senescence; response to cold; response to jasmonic acid; response to light stimulus	ADP binding; ATPase activity; ATP binding; ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase activator activity		ATP binding [GO:0005524]; ATPase activity [GO:0016887]



### **Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

340	amino acid adenylation participated protein like [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL53423.1	169 kDa	antibiotic biosynthetic process	oxidoreductase activity; phosphopantetheine binding		oxidoreductase activity [GO:0016491]
341	conserved hypothetical protein : [Limnospira indica PCC 8005]	CDM95413.1	175 kDa	translesion synthesis			
342	alpha-amylase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94563.1	57 kDa	carbohydrate metabolic process			
343	hypothetical protein NIES3806_04650 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL53135.1	224 kDa	protein secretion [GO:0009306]		integral component of plasma membrane [GO:0005887]	integral component of plasma membrane [GO:0005887]; protein secretion [GO:0009306]
344	hypothetical protein PS2015_2397 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47031.1	53 kDa	protein secretion by the type II secretion system [GO:0015628]	plasma membrane [GO:0005886]; type II protein secretion system complex [GO:0015627]		plasma membrane [GO:0005886]; type II protein secretion system complex [GO:0015627]; ATP binding [GO:0005524]; protein secretion by the type II secretion system [GO:0015628]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

34 5	hypothetical protein NIES3804_41440 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52553.1	14 kDa	dTMP biosynthetic process; intein- mediated protein splicing; methylation		endonuclease activity; flavin adenine dinucleotide binding; nucleic acid binding; thymidylate synthase (FAD) activity	
34 6	TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94368.1	188 kDa	signal transduction			
34 7	hypothetical protein NIES3807_30750 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL59897.1	45 kDa	mitotic spindle assembly checkpoint			
34 8	two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96346.1	139 kDa	protein- chromophore linkage	phosphorelay sensor kinase activity		
34 9	hypothetical protein NIES3807_22210 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL59051.1	153 kDa	DNA methylation	DNA binding; N-methyltransferase activity		

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

350	hypothetical protein NIES46_30390 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94979.1	103 kDa	protein O-linked glycosylation; RNA processing		transferase activity, transferring glycosyl groups	
351	transcription-repair coupling factor [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46521.1	130 kDa	regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]; transcription-coupled nucleotide-excision repair, DNA damage recognition [GO:0000716]		cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; damaged DNA binding [GO:0003684]; helicase activity [GO:0004386]; regulation of transcription, DNA-templated [GO:0006355]; transcription-coupled nucleotide-excision repair, DNA damage recognition [GO:0000716]
352	hypothetical protein NIES3804_09600 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49406.1	84 kDa	metabolic process		hydrolase activity, acting on glycosyl bonds	
353	tetratricopeptide repeat protein [Arthrospira sp. TJSD091]	WP_046321251.1	229 kDa	iron-sulfur cluster assembly	ferric iron binding		

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

35 4	glycosyltransferase [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU53586.1	249 kDa	protein O-linked glycosylation		transferase activity, transferring glycosyl groups	transferase activity [GO:0016740]
35 5	hypothetical protein NIES46_43220 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96253.1	47 kDa			transferase activity	
35 6	hypothetical protein AP285_05915 [Arthrospira platensis YZ]	AMW27573.1 (+7)	7 kDa	transmembrane transport		transmembrane transporter activity	
35 7	cation:proton antiporter, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ38927.1	67 kDa		solute:proton antiporter activity	integral component of membrane [GO:0016021]	integral component of membrane [GO:0016021]; solute:proton antiporter activity [GO:0015299]
35 8	serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92370.1	77 kDa			ATP binding; protein serine/threonine kinase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

359	dihydrofolate reductase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44844.1	20 kDa	181	glycine biosynthetic process; one-carbon metabolic process; tetrahydrofolate biosynthetic process		
360	DUF4115 domain-containing protein [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ47004.1	33 kDa			DNA binding	DNA binding [GO:0003677]
361	Tetratricopeptide TPR_2 repeat protein [Arthrospira maxima CS-328]	EDZ95376.1	95 kDa	gibberellic acid mediated signaling pathway		ADP binding; transferase activity	
364	phosphate transport ATP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49431.1	30 kDa	Phosphate transport		plasma membrane [GO:0005886]	plasma membrane [GO:0005886]; ATP binding [GO:0005524]; ATPase activity [GO:0016887]; ATPase-coupled phosphate ion transmembrane transporter activity [GO:0015415]; inorganic phosphate transmembrane transporter activity [GO:0005315]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

36 5	hypothetical protein PS2015_2972 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47599.1	37 kDa	DNA replication initiation [GO:0006270]; regulation of DNA replication [GO:0006275]; transposition, DNA-mediated [GO:0006313]			ATP binding [GO:0005524]; sequence- specific DNA binding [GO:0043565]; transposase activity [GO:0004803]; DNA replication initiation [GO:0006270]; regulation of DNA replication [GO:0006275]; transposition, DNA- mediated [GO:0006313]
36 7	hypothetical protein NIES3787_23680 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL46670.1	46 kDa	DNA repair	ATPase activity; ATP binding; single-stranded DNA binding		ATP binding [GO:0005524]; ATPase activity [GO:0016887]
36 8	tyrosine recombinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52174.1	41 kDa	DNA integration [GO:0015074]; DNA recombination [GO:0006310]			DNA binding [GO:0003677]; DNA integration [GO:0015074]; DNA recombination [GO:0006310]
36 9	hypothetical protein NIES3804_18440	GCL50277.1	102 kDa	cell division			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	[Microcystis aeruginosa NIES-3804]						
370	hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD091]	WP_084831749.1	146 kDa		regulation of gene expression		chromatin binding
371	WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92190.1	129 kDa	tRNA wobble uridine modification			
372	putative transcriptional regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51534.1	30 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		DNA binding	DNA binding [GO:0003677]; DNA-binding transcription factor activity [GO:0003700]
373	4-alpha-glucanotransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51779.1	99 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]			transferase activity [GO:0016740]; carbohydrate metabolic process [GO:0005975]
374	integrase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45547.1	112 kDa	proline biosynthetic process [GO:0006561]; proline catabolic process to glutamate [GO:0010133]			1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase activity [GO:0003842]; DNA binding [GO:0003677]; DNA-binding transcription factor activity [GO:0003700]; oxidoreductase activity, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor [GO:0016620]; proline dehydrogenase activity [GO:0004657]; proline biosynthetic

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

							process [GO:0006561]; proline catabolic process to glutamate [GO:0010133]
37 5	Nitroreductase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46692.1	21 kDa			oxidoreductase activity	oxidoreductase activity
37 6	TPR repeat-containing protein [Arthrospira maxima CS-328]	EDZ92891.1	62 kDa	protein glycosylation		fucosyltransferase activity	
37 7	protein-tyrosine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50957.1	86 kDa	extracellular polysaccharide biosynthetic process [GO:0045226]; lipopolysacchari de biosynthetic process [GO:0009103]	integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]		integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]; ATP binding [GO:0005524]; protein tyrosine kinase activity [GO:0004713]; extracellular polysaccharide biosynthetic process [GO:0045226]; lipopolysaccharide biosynthetic process [GO:0009103]



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

378	hypothetical protein NIES46_25580 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94500.1	114 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		DNA binding	
379	hypothetical protein NIES3804_17870 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50220.1	134 kDa	lipid transport; lipoprotein metabolic process	DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; lipid binding		
380	wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	VTR92544.1	119 kDa	DNA-templated transcription, initiation	DNA binding; DNA-binding transcription factor activity; sigma factor activity		
381	hypothetical protein NIES46_35390 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95474.1	76 kDa				
382	RNA polymerase beta prime subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50187.1	148 kDa	transcription, DNA-templated [GO:0006351]			DNA binding [GO:0003677]; DNA- directed 5'-3' RNA polymerase activity [GO:0003899]; zinc ion binding [GO:0008270]; transcription, DNA- templated [GO:0006351]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

38 3	putative type II DNA modification enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51576.1	154 kDa	DNA restriction-modification system	DNA binding; N-methyltransferase activity; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity		DNA binding [GO:0003677]; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity [GO:0009007]
38 4	two-component hybrid histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94674.1	139 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		phosphorelay sensor kinase activity	
38 5	hypothetical protein NIES3804_23870 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50816.1	41 kDa	tRNA aminoacylation for protein translation	aspartate-tRNA ligase activity; ATP binding		
38 6	Protein GrpE [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47132.1	23 kDa	protein folding [GO:0006457]		cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; adenyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0000774]; chaperone binding [GO:0051087]; protein homodimerization activity [GO:0042803]; protein folding [GO:0006457]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

387	ABC-transporter ATP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50795.1	73 kDa			ATPase activity; ATP binding; DNA binding	ATP binding [GO:0005524]; ATPase activity [GO:0016887]; DNA binding [GO:0003677]
388	hypothetical protein NIES3804_17270 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50164.1	123 kDa	microtubule-based process		GTP binding	
389	pilus assembly protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU52963.1	33 kDa	protein secretion		integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]	integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]
390	hypothetical protein NIES46_04880 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92448.1	19 kDa			structural molecule activity	
391	serine/threonine protein kinase containing TPR domain [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94284.1	87 kDa		ATP binding; protein serine/threonine kinase activity		
392	hypothetical protein NIES46_03740	GCE92335.1	65 kDa				

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	[Arthrospira platensis NIES-46]						
39 3	chromosome segregation protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50272.1	134 kDa	chromosome condensation [GO:0030261]; DNA replication [GO:0006260]; sister chromatid cohesion [GO:0007062]		chromosome [GO:0005694]; cytoplasm [GO:0005737]	chromosome [GO:0005694]; cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; DNA binding [GO:0003677]; chromosome condensation [GO:0030261]; DNA replication [GO:0006260]; sister chromatid cohesion [GO:0007062]
39 4	restriction endonuclease subunit R [Arthrospira platensis YZ]	AMW28956.1	89 kDa	DNA modification	ATP binding; DNA binding; type I site-specific deoxyribonuclease activity		
39 5	hypothetical protein NIES46_37260 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95660.1	27 kDa	phosphate ion transport			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

39 6	DNA gyrase B subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93164.1	72 kDa	DNA-dependent DNA replication DNA topological change			
39 7	alpha/beta hydrolase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47582.1	39 kDa	cellular lipid metabolic process; medium-chain fatty acid biosynthetic process; medium-chain fatty acid catabolic process		acylesterase activity; acylglycerol lipase activity; short- chain carboxylesterase activity	hydrolase activity [GO:0016787]
39 8	transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL52835.1	53 kDa	DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]			DNA binding [GO:0003677]; DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]
39 9	band 7 protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93654.1	57 kDa				

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

400	hypothetical protein NIES3807_15510 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL58385.1	29 kDa	DNA topological change	DNA binding; DNA topoisomerase activity; endonuclease activity		
401	Chaperone protein HtpG [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46158.1	72 kDa	protein folding [GO:0006457]		cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; unfolded protein binding [GO:0051082]; protein folding [GO:0006457]
402	putative voltage-gated chloride channel [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94250.1	96 kDa	potassium ion transport	cation transmembrane transporter activity; voltage-gated chloride channel activity		
403	radical SAM domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93062.1	99 kDa			catalytic activity; iron-sulfur cluster binding	
404	50S ribosomal protein L13 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92614.1	17 kDa	translation			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

40 5	WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis C1]	EKD07239.1	190 kDa	proteasome- mediated ubiquitin- dependent protein catabolic process		ubiquitin binding	
40 6	PQQ enzyme repeat domain protein OS=Haloferax sp. ATCC BAA-645 GN=C459_15691 PE=4 SV=1: PQQ_2: PQQ_2 [Gemmataceae bacterium]	VTU00757.1	89 kDa	polysaccharide catabolic process	integral component of membrane	hydrolase activity, hydrolyzing O- glycosyl compounds	integral component of membrane
40 7	hypothetical protein NIES3806_31500 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55796.1	75 kDa	DNA repair		ATP binding; single- stranded DNA binding	
40 8	wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	VTS03217.1	89 kDa	DNA-templated transcription, initiation		DNA binding; DNA- binding transcription factor activity; sigma factor activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

409	Glycosyl transferase OS=Oscillatoriales cyanobacterium JSC-12 GN=OscopyDRAFT_0485 PE=4 SV=1: Glyco_tranf_2_3 [Gemmataceae bacterium]	VTU01960.1	41 kDa		integral component of membrane [GO:0016021]	transferase activity	integral component of membrane [GO:0016021]; transferase activity [GO:0016740]
410	hypothetical protein NIES46_09520 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92904.1	58 kDa		polyphosphate metabolic process		polyphosphate:AMP phosphotransferase activity
411	6-phosphogluconate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93320.1	52 kDa	D-gluconate metabolic process pentose- phosphate shunt			
412	hypothetical protein NIES3806_23390 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54996.1 (+1)	7 kDa	nitrogen compound transport	integral component of membrane	transmembrane transporter activity	integral component of membrane
413	phycocyanin beta subunit [Arthrospira platensis FACHB-341]	AAX68410.1	18 kDa	oxidation- reduction process; photosynthesis; protein- chromophore linkage	phycobilisome		phycobilisome; oxidation-reduction process; photosynthesis; protein-chromophore linkage



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

41 4	Type II restriction endonuclease [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47614.1	48 kDa	DNA restriction-modification system [GO:0009307]			DNA binding [GO:0003677]; type II site-specific deoxyribonuclease activity [GO:0009036]; DNA restriction-modification system [GO:0009307]
41 5	penicillin-binding protein 2 [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU53692.1	65 kDa	peptidoglycan biosynthetic process	membrane		membrane; penicillin binding; serine-type D-Ala-D-Ala carboxypeptidase activity; peptidoglycan biosynthetic process
41 6	putative glutathione S-transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL45761.1 (+1)	11 kDa	transmembrane transport			transferase activity
41 7	S1 RNA-binding domain-containing protein [Arthrospira sp. TJSD091]	WP_046320831.1	132 kDa	cell division		ATP binding; DNA binding	
41 8	DNA polymerase [Arthrospira platensis YZ]	AMW30968.1	44 kDa	cell division		endonuclease activity; nucleic acid binding; RNA-directed DNA polymerase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

419	protein-export membrane protein SecD [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL45216.1	50 kDa	intracellular protein transmembrane transport; protein targeting; protein transport by the Sec complex	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane; P-P-bond-hydrolysis-driven protein transmembrane transporter activity; intracellular protein transmembrane transport; protein targeting; protein transport by the Sec complex
420	Cation/multidrug efflux pump [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46677.1	115 kDa		integral component of membrane [GO:0016021]	transmembrane transporter activity	integral component of membrane [GO:0016021]; transmembrane transporter activity [GO:0022857]
421	Histidine protein kinase NIK1 OS=Fusarium oxysporum OX=5507 PE=4 SV=1	tr A0A2N9DMR0 A0A2N9DMR0_FUSOX	141 kDa	cellular hyperosmotic response		phosphorelay sensor kinase activity; protein histidine kinase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

42 2	reverse transcriptase homolog [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93947.1	67 kDa			endonuclease activity; nucleic acid binding; RNA-directed DNA polymerase activity	
42 3	UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46930.1	39 kDa	carbohydrate metabolic process [GO:0005975]; cell cycle [GO:0007049]; cell division [GO:0051301]; cell wall organization [GO:0071555]; lipid glycosylation [GO:0030259]; peptidoglycan biosynthetic process [GO:0009252]; regulation of cell shape [GO:0008360]	plasma membrane [GO:0005886]		plasma membrane [GO:0005886]; UDP-N-acetyl-D-glucosamine:N-acetylmuramoyl-L-alanyl-D-glutamyl-meso-2,6-diaminopimelyl-D-alanyl-D-alanine-diphosphoundecaprenol 4-beta-N-acetylglucosaminyltransferase activity [GO:0051991]; undecaprenyldiphosphomuramoylpentapeptide beta-N-acetylglucosaminyltransferase activity [GO:0050511]; carbohydrate metabolic process [GO:0005975]; cell cycle [GO:0007049]; cell division [GO:0051301]; cell wall organization [GO:0071555]; lipid glycosylation [GO:0030259];

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

							peptidoglycan biosynthetic process [GO:0009252]; regulation of cell shape [GO:0008360]
42 4	DNA polymerase III alpha subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49341.1	50 kDa	DNA replication [GO:0006260]			3'-5' exonuclease activity [GO:0008408]; nucleic acid binding [GO:0003676]; DNA replication [GO:0006260]
42 5	hypothetical protein NIES3804_00640 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48514.1	48 kDa			serine-type endopeptidase inhibitor activity	
42 6	hypothetical protein NIES3804_41420 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52551.1	123 kDa	DNA replication		ATP binding; DNA replication origin binding; helicase activity	
42 7	DNA mismatch repair protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50140.1	98 kDa	mismatch repair [GO:0006298]			ATP binding [GO:0005524]; damaged DNA binding [GO:0003684]; mismatched DNA binding [GO:0030983]; mismatch repair [GO:0006298]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

428	hypothetical protein NIES3804_26320 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51057.1	12 kDa	modulation by virus of host PP1 activity; suppression by virus of host type I interferon-mediated signaling pathway			
429	hypothetical protein NIES46_08640 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92821.1	36 kDa	signal transduction	3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity		
430	putative transcriptional regulator [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL53315.1	131 kDa	methylation	methyltransferase activity; nucleic acid binding		DNA binding [GO:0003677]; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity [GO:0009007]
431	ribosomal protein S6 modification protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50769.1	33 kDa	cellular protein modification process [GO:0006464]; translation [GO:0006412]			acid-amino acid ligase activity [GO:0016881]; ATP binding [GO:0005524]; metal ion binding [GO:0046872]; cellular protein modification process [GO:0006464]; translation [GO:0006412]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

43 2	hypothetical protein PS2015_2475 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47109.1	43 kDa	carbohydrate metabolic process; peptide metabolic process	metal ion binding; peptidylamidoglycolate lyase activity		
43 3	NADH oxidase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44964.1	40 kDa	oxidation- reduction process			oxidoreductase activity [GO:0016491]
43 4	DNA mismatch repair protein MutL [Arthrospira platensis YZ]	AMW26778.1	65 kDa	mismatch repair			
43 5	von Willebrand factor type A [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54821.1	47 kDa	cellular manganese ion homeostasis	manganese ion transmembrane transporter activity	integral component of membrane [GO:0016021]	integral component of membrane [GO:0016021]
43 6	hydrogenase expression/formation protein HypD [Arthrospira platensis C1]	EKD10098.1	41 kDa	protein maturation	4 iron, 4 sulfur cluster binding; carbon monoxide binding; iron ion binding		metal ion binding [GO:0046872]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

437	transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48555.1	30 kDa	DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]			DNA binding [GO:0003677]; DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]
438	DUF3883 domain-containing protein [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU55427.1	207 kDa	intermediate filament cytoskeleton organization	actin binding; calcium ion binding; microtubule binding		
439	imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit HisF [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94464.1	28 kDa	histidine biosynthetic process			
440	glutamate 5-kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50142.1	41 kDa	L-proline biosynthetic process [GO:0055129]		cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; glutamate 5-kinase activity [GO:0004349]; RNA binding [GO:0003723]; L-proline biosynthetic process [GO:0055129]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

44 1	ferredoxin--nitrite reductase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51588.1	57 kDa	nitrate assimilation	4 iron, 4 sulfur cluster binding; ferredoxin-nitrite reductase activity; heme binding; metal ion binding		4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]; heme binding [GO:0020037]; metal ion binding [GO:0046872]; oxidoreductase activity [GO:0016491]
---------	--	------------	--------	----------------------	--	--	--



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

44 2	copper amine oxidase [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL57440.1	77 kDa	amine metabolic process	aliphatic-amine oxidase activity; aminoacetone:oxygen oxidoreductase(deaminating) activity; copper ion binding; phenethylamine:oxygen oxidoreductase (deaminating) activity; primary amine oxidase activity; quinone binding; tryptamine:oxygen oxidoreductase (deaminating) activity		
---------	---	------------	--------	----------------------------	--	--	--

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

44 3	transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54440.1	42 kDa	DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]			DNA binding [GO:0003677]; metal ion binding [GO:0046872]; DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]
44 4	hypothetical protein NIES46_46130 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96541.1	39 kDa	phosphorelay signal transduction system			
44 5	hypothetical protein NIES46_36060 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95540.1	85 kDa	protein-RNA complex remodeling; regulation of ribosomal subunit export from nucleus; ribosomal large subunit assembly; rRNA processing			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

44 6	two-component response regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96189.1	24 kDa	phosphorelay signal transduction system regulation of transcription, DNA-templated			
44 7	Putative Signal transduction histidine kinase [Arthrospira sp. SRM16]	SMN35259.1	67 kDa	protein-chromophore linkage [GO:0018298]			kinase activity [GO:0016301]; protein-chromophore linkage [GO:0018298]
44 8	Crm2 family CRISPR-associated protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95897.1	56 kDa	defense response to virus		metal ion binding; nucleotide binding; RNA binding	
44 9	universal stress protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51419.1	31 kDa				
45 0	hypothetical protein NIES3804_02180 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48667.1	74 kDa	signal transduction			ATP binding [GO:0005524]; protein kinase activity [GO:0004672]
45 1	hypothetical protein NIES46_08940 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92851.1	96 kDa	integrin-mediated signaling pathway			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

45 2	leucine aminopeptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95183.1	52 kDa	posttranscriptional regulation of gene expression	manganese ion binding; metalloaminopeptidase activity; mRNA binding		
45 3	methylmalonyl-CoA mutase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45541.1	120 kDa	acyl-CoA metabolic process [GO:0006637]			cobalamin binding [GO:0031419]; GTP binding [GO:0005525]; GTPase activity [GO:0003924]; isobutyryl-CoA mutase activity [GO:0047727]; magnesium ion binding [GO:0000287]; methylmalonyl-CoA mutase activity [GO:0004494]; pivalyl- CoA mutase activity [GO:0034784]; acyl-CoA metabolic process [GO:0006637]
45 4	cobyrinic acid ac-diamide synthase [Arthrospira platensis C1]	EKD08222.1	39 kDa			hydrolase activity	
45 5	bifunctional DNA primase/helicase [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ45356.1	109 kDa	DNA replication	ATP binding; DNA replication origin binding		helicase activity [GO:0004386]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

45 6	hypothetical protein NIES46_18320 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93780.1	48 kDa	DNA mediated transformation			
45 7	HAD-superfamily hydrolase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96129.1	27 kDa	carbohydrate metabolic process	beta-phosphoglucomutase activity; hydrolase activity; magnesium ion binding		
45 8	proteinase inhibitor I4 serpin, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ39680.1	36 kDa	negative regulation of endopeptidase activity	serine-type endopeptidase inhibitor activity	extracellular space [GO:0005615]	extracellular space [GO:0005615]
45 9	hypothetical protein NIES3804_33410 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51760.1	135 kDa	lipid metabolic process			
46 0	diguanylate cyclase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ38817.1	61 kDa	cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction		integral component of membrane [GO:0016021]	integral component of membrane [GO:0016021]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

46 1	precorrin-3B C17-methyltransferase [Arthrospira platensis C1]	EKD06011.1	52 kDa	cobalamin biosynthetic process [GO:0009236]; methylation [GO:0032259]			methyltransferase activity [GO:0008168]; cobalamin biosynthetic process [GO:0009236]; methylation [GO:0032259]
46 2	phytoene synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52445.1	36 kDa	biosynthetic process	farnesyl-diphosphate farnesyltransferase activity; squalene synthase activity		farnesyl-diphosphate farnesyltransferase activity [GO:0004310]; squalene synthase activity [GO:0051996]
46 3	Long-chain acyl-CoA synthetase protein [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45068.1	61 kDa			ligase activity	
46 4	hypothetical protein NIES46_43800 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96311.1	58 kDa	signal transduction	GTP binding		
46 5	phenylalanyl-tRNA synthetase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52530.1	90 kDa	phenylalanyl-tRNA aminoacylation [GO:0006432]		cytoplasm [GO:0005737]	cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; magnesium ion binding [GO:0000287]; phenylalanine-tRNA ligase activity [GO:0004826]; tRNA binding [GO:0000049];

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

							phenylalanyl-tRNA aminoacylation [GO:0006432]
466	isoleucyl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93438.1	110 kDa	isoleucyl-tRNA aminoacylation			
467	DNA topoisomerase IV subunit A [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45077.1	83 kDa	chromosome segregation [GO:0007059]; DNA topological change [GO:0006265]		chromosome [GO:0005694]; extrinsic component of plasma membrane [GO:0019897]	chromosome [GO:0005694]; extrinsic component of plasma membrane [GO:0019897]; ATP binding [GO:0005524]; DNA binding [GO:0003677]; DNA topoisomerase type II (double strand cut, ATP-hydrolyzing) activity [GO:0003918]; chromosome segregation [GO:0007059]; DNA topological change [GO:0006265]
468	hypothetical protein NIES46_04420 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92402.1	110 kDa	methylation	methyltransferase activity; nucleic acid binding		

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

469	hypothetical protein B9S53_21710, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ39445.1	48 kDa	pathogenesis		calcium ion binding; toxin activity	
470	NADH dehydrogenase subunit 7 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51556.1	45 kDa	photosynthesis, light reaction	thylakoid membrane		thylakoid membrane; NAD binding; oxidoreductase activity, acting on NAD(P)H, quinone or similar compound as acceptor; quinone binding; photosynthesis, light reaction
471	hypothetical protein AP285_01110 [Arthrospira platensis YZ]	AMW26801.1	78 kDa	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process		ubiquitin binding	
472	outer membrane adhesin like protein [Arthrospira platensis C1]	EKD11426.1	235 kDa	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules; pathogenesis	calcium ion binding; toxin activity		calcium ion binding [GO:0005509]
473	membrane-fusion protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49355.1	52 kDa		membrane [GO:0016020]	transmembrane transporter activity	membrane [GO:0016020]; transmembrane transporter activity [GO:0022857]



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

47 4	hypothetical protein PS2015_2472 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47106.1	66 kDa	cell redox homeostasis; cellular response to oxidative stress		electron transfer activity; heme binding; metal ion binding; thioredoxin peroxidase activity	antioxidant activity [GO:0016209]; oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, reduced ascorbate as one donor, and incorporation of one atom of oxygen [GO:0016715]
47 5	type 2 NADH dehydrogenase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49031.1	47 kDa	aerobic electron transport chain; phyloquinone biosynthetic process		NAD(P)H dehydrogenase (quinone) activity	oxidoreductase activity [GO:0016491]
47 6	hypothetical protein NIES3804_35940 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52006.1	104 kDa	DNA topological change	integral component of membrane [GO:0016021]	DNA binding; DNA topoisomerase activity	integral component of membrane [GO:0016021]
47 7	hypothetical protein NIES46_48480 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96775.1	85 kDa	metabolic process		hydrolase activity, acting on glycosyl bonds	
47 8	O-methyltransferase family 2 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48917.1	39 kDa	methylation [GO:0032259]			O-methyltransferase activity [GO:0008171]; methylation [GO:0032259]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

479	transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54043.1	48 kDa	DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]			DNA binding [GO:0003677]; metal ion binding [GO:0046872]; DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]
480	putative helicase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49010.1	130 kDa	SOS response		ATP binding; helicase activity	helicase activity [GO:0004386]
481	phosphate acetyltransferase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94610.1	77 kDa	acetyl-CoA biosynthetic process			
482	putative peptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96053.1	85 kDa	cell communication		serine-type endopeptidase activity	
483	Glutathione synthase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45265.1	56 kDa			ATP binding; metal ion binding	ATP binding; metal ion binding
484	Cobyric acid synthase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46318.1	29 kDa			hydrolase activity	
485	DNA mismatch repair protein MutS [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93984.1	98 kDa	mismatch repair			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

48 6	hypothetical protein NIES3804_26510 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51076.1	63 kDa	phosphorelay signal transduction system			phosphorelay signal transduction system
48 7	heat shock protein 40 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50711.1	33 kDa	protein folding [GO:0006457]			unfolded protein binding [GO:0051082]; protein folding [GO:0006457]
48 8	hypothetical protein PS2015_2560 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47194.1	70 kDa	positive regulation of transcription, DNA-templated	integral component of membrane [GO:0016021]	DNA binding; FMN binding; iron-sulfur cluster binding; metal ion binding	integral component of membrane [GO:0016021]; FMN binding [GO:0010181]; iron-sulfur cluster binding [GO:0051536]; metal ion binding [GO:0046872]
48 9	hypothetical protein NIES3804_08290 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49275.1	18 kDa	tissue regeneration		protein disulfide oxidoreductase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

490	chromosome segregation protein SMC [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46433.1	133 kDa	chromosome condensation [GO:0030261]; DNA replication [GO:0006260]; sister chromatid cohesion [GO:0007062]	chromosome [GO:0005694]; cytoplasm [GO:0005737]		chromosome [GO:0005694]; cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; DNA binding [GO:0003677]; chromosome condensation [GO:0030261]; DNA replication [GO:0006260]; sister chromatid cohesion [GO:0007062]
491	hypothetical protein NIES46_05600 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92520.1	48 kDa			nucleotidyltransferase activity	
492	3-isopropylmalate dehydratase large subunit [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51164.1	52 kDa	leucine biosynthetic process [GO:0009098]			3-isopropylmalate dehydratase activity [GO:0003861]; 4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]; metal ion binding [GO:0046872]; leucine biosynthetic process [GO:0009098]
493	heat shock protein DnaJ-like [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49811.1	83 kDa	cell division			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

49 4	transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48505.1	23 kDa	DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]			DNA binding [GO:0003677]; DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]
49 5	hypothetical protein NIES46_31110 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95050.1	53 kDa	transposition, DNA-mediated			
49 6	hypothetical protein NIES3804_12810 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49725.1	78 kDa	DNA repair		catalytic activity	
49 7	GTPase Era [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55791.1	50 kDa	454	ribosomal small subunit biogenesis		GTPase activity; GTP binding; small ribosomal subunit rRNA binding
49 8	cobyric acid synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95132.1	54 kDa	cobalamin biosynthetic process glutamine metabolic process			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

49 9	adenylate cyclase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92487.1	114 kDa	cyclic nucleotide biosynthetic process intracellular signal transduction			
50 0	proline iminopeptidase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95191.1	36 kDa			aminopeptidase activity	
50 1	hypothetical protein NIES3806_28610 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55509.1	16 kDa	endocytosis		lipid binding	
50 2	hypothetical protein NIES46_31890 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95127.1	52 kDa			transmembrane transporter activity	
50 3	Methylamine utilization protein MauE [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46371.1	19 kDa	methylamine metabolic process	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane; methylamine metabolic process
50 4	1-pyrroline-5 carboxylate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96231.1	109 kDa	proline catabolic process to glutamate			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

50 5	WD-40 repeat protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95330.1	111 kDa	signal transduction		ADP binding; NAD(P)+ nucleosidase activity; NAD+ nucleotidase, cyclic ADP-ribose generating	
50 6	3-phosphoshikimate 1- carboxyvinyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48934.1	48 kDa	aromatic amino acid family biosynthetic process; chorismate biosynthetic process	cytoplasm		cytoplasm; 3- phosphoshikimate 1- carboxyvinyltransferase activity; aromatic amino acid family biosynthetic process; chorismate biosynthetic process
50 7	adenine specific DNA methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49992.1	131 kDa	DNA methylation [GO:0006306]			DNA binding [GO:0003677]; N- methyltransferase activity [GO:0008170]; DNA methylation [GO:0006306]
50 8	hypothetical protein NIES3804_25390 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50966.1	24 kDa	actin filament capping		actin binding; calcium ion binding; calmodulin binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

509	two-component hybrid sensor and regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93280.1	119 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		templated phosphorelay sensor kinase activity	
510	hypothetical protein NIES3806_27090 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55361.1	259 kDa	innate immune response			
511	two-component sensor histidine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49368.1	33 kDa	phosphorelay signal transduction system [GO:0000160]			kinase activity [GO:0016301]; phosphorelay signal transduction system [GO:0000160]
512	hypothetical protein NIES3806_25970 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55249.1	99 kDa	transmembrane transport	integral component of membrane [GO:0016021]		integral component of membrane [GO:0016021]
513	hypothetical protein EA414_12290 [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU53417.1	31 kDa	274	pathogenesis		calcium ion binding; toxin activity
514	wd40 repeat-containing protein : WD-40 repeat protein OS=Arthrospira maxima CS-328 GN=AmaxDRAFT_0527 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Tuwongella immobilis]	VIP03920.1	34 kDa	signal transduction			



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

51 5	Phosphoribosylformylgly cinamidine synthase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45889.1	141 kDa	'de novo' IMP biosynthetic process [GO:0006189]; glutamine metabolic process [GO:0006541]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; metal ion binding [GO:0046872]; phosphoribosylformylgly cinamidine synthase activity [GO:0004642]; 'de novo' IMP biosynthetic process [GO:0006189]; glutamine metabolic process [GO:0006541]
51 6	carboxysome formation protein CcmA [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52209.1	38 kDa	aromatic amino acid family biosynthetic process [GO:0009073]			aldehyde-lyase activity [GO:0016832]; aromatic amino acid family biosynthetic process [GO:0009073]
51 7	adenylate cyclase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94186.1	134 kDa		cyclic nucleotide biosynthetic process protein-chromophore linkage		
51 8	two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95584.1	73 kDa	regulation of transcription, DNA-templated			
51 9	hypothetical protein NIES46_16090	GCE93558.1	47 kDa	nucleoside metabolic process		catalytic activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	[Arthrospira platensis NIES-46]						
520	Transporter, OMR family [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45739.1	118 kDa			carbohydrate binding	
521	hypothetical protein SPLC1_S032970 [Arthrospira platensis C1]	EKD11466.1	29 kDa				
522	Uncharacterized protein OS=Limnospira indica PCC 8005 OX=376219 GN=ARTHRO_1300042 PE=4 SV=1	tr H1W8U7 H1W8U7_9CYAN	9 kDa			oxidoreductase activity	
523	CRISPR-associated protein [Arthrospira sp. TJSD091]	WP_046320891.1	37 kDa	defense response to virus			
524	Phosphoenolpyruvate synthase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46673.1	95 kDa	gluconeogenesis ; pyruvate metabolic process		ATP binding; pyruvate, water dikinase activity	ATP binding; kinase activity
525	two-component sensor histidine kinase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51860.1	71 kDa	regulation of transcription, DNA-templated	integral component of membrane [GO:0016021]	phosphorelay sensor kinase activity	integral component of membrane [GO:0016021]; phosphorelay sensor kinase activity [GO:0000155]
526	hypothetical protein NIES46_03680 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92329.1	42 kDa	defense response to virus		lyase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

527	putative DNA helicase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50548.1	87 kDa	DNA repair; recombinational repair		3'-5' DNA helicase activity; ATP binding; DNA binding	ATP binding [GO:0005524]; DNA binding [GO:0003677]; DNA helicase activity [GO:0003678]
528	DNA topoisomerase IV [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ45823.1	96 kDa	DNA topological change			ATP binding; DNA binding; DNA topoisomerase type II (double strand cut, ATP- hydrolyzing) activity; DNA topological change
529	wd-40 repeat : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	VTR92413.1	130 kDa	DNA-templated transcription, initiation		DNA binding; DNA- binding transcription factor activity; sigma factor activity	
530	aspartyl-tRNA synthetase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46628.1	66 kDa	aspartyl-tRNA aminoacylation [GO:0006422]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; aspartate- tRNA ligase activity [GO:0004815]; aspartate- tRNA(Asn) ligase activity [GO:0050560]; ATP binding [GO:0005524]; nucleic acid binding [GO:0003676]; aspartyl- tRNA aminoacylation [GO:0006422]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

53 1	hypothetical protein NIES46_17590 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93707.1	33 kDa		cilium assembly; cortical actin cytoskeleton organization; endocytic recycling; endocytosis; endosomal transport; plasma membrane tubulation; positive regulation of endocytic recycling; positive regulation of myoblast fusion; protein localization to plasma membrane		
---------	--	------------	--------	--	---	--	--

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

53 2	hypothetical protein NIES3807_21840 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL59014.1	8 kDa	aerobic respiration; mitochondrial electron transport, ubiquinol to cytochrome c		ubiquinol- cytochrome-c reductase activity	
53 3	peptide deformylase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95614.1	20 kDa	translation		metal ion binding; peptide deformylase activity	
53 4	conserved hypothetical protein [Limnospira indica PCC 8005]	CDM94031.1 (+10)	40 kDa	cellular response to UV; histone glutamine methylation; negative regulation of transcription by RNA polymerase II; N-terminal peptidyl-lysine acetylation; positive regulation of transcription by RNA polymerase II; positive regulation of transforming growth factor beta receptor signaling		chromatin binding; damaged DNA binding; histone acetyltransferase activity; MRF binding; p53 binding; RNA polymerase II transcription factor binding; transcription coactivator activity; transcription corepressor activity; zinc ion binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

				pathway; protein destabilization; rhythmic process			
53 5	hypothetical protein PS2015_479 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45165.1	19 kDa	protein secretion by the type II secretion system	integral component of membrane; type II protein secretion system complex		integral component of membrane; type II protein secretion system complex; protein secretion by the type II secretion system
53 6	phycocyanin alpha subunit, partial [Arthrospira massartii SC4]	ABV54998.1	11 kDa	photosynthesis; protein- chromophore linkage	phycobilisome		phycobilisome; photosynthesis; protein- chromophore linkage
53 7	putative diguanylate cyclase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92253.1	60 kDa	phosphorelay signal transduction system		ATP binding	
53 8	hypothetical protein NIES46_05240 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92484.1	18 kDa			DNA binding	
53 9	pyridine nucleotide- disulfide oxidoreductase domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95099.1	46 kDa			oxidoreductase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

54 0	hypothetical protein NIES46_40420 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95975.1	50 kDa	DNA restriction- modification system		ATP binding; DNA binding; helicase activity; type I site- specific deoxyribonuclease activity	
54 1	type I restriction- modification system R subunit [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96111.1	117 kDa	DNA modification			
54 2	hypothetical protein NIES3787_02280 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL44552.1	20 kDa	peptide catabolic process		metallopeptidase activity; tripeptide aminopeptidase activity; zinc ion binding	
54 3	type II restriction enzyme EcoRI homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51774.1	40 kDa	methylation			methyltransferase activity; nucleic acid binding; methylation
54 4	tetratricopeptide repeat family protein : Uncharacterized protein OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_5030 PE=4 SV=1: Transglut_core2:	VTU01377.1	30 kDa			serine-type endopeptidase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	TPR_9 [Gemmataceae bacterium]						
54 5	Aculeacin A acylase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45281.1	86 kDa	antibiotic biosynthetic process			hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds, in linear amides; antibiotic biosynthetic process
54 6	putative ferrous iron transport protein A [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96268.1	24 kDa	iron ion homeostasis		ferrous iron transmembrane transporter activity; GTP binding; transition metal ion binding	
54 7	hypothetical protein NIES46_27100 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94651.1	38 kDa			oxidoreductase activity	
54 8	hypothetical protein NIES46_31040 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95043.1	118 kDa	protein-chromophore linkage		phosphorelay sensor kinase activity	



## Tabella Supplementare E:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

549	two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95511.1	77 kDa	interstrand cross-link repair; maintenance of DNA repeat elements; meiotic mismatch repair; replication fork arrest		ATPase activity; ATP binding; four-way junction DNA binding; guanine/thymine mispair binding; single base insertion or deletion binding	
550	GTP-binding protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50889.1	37 kDa	ribosome biogenesis [GO:0042254]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; GTP binding [GO:0005525]; GTPase activity [GO:0003924]; magnesium ion binding [GO:0000287]; ribosome biogenesis [GO:0042254]
551	nucleotide exchange factor GrpE [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ45915.1	18 kDa	protein folding [GO:0006457]			adenyl-nucleotide exchange factor activity [GO:0000774]; chaperone binding [GO:0051087]; protein homodimerization activity [GO:0042803]; protein folding [GO:0006457]
552	TPP-binding enzymes family protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93416.1	59 kDa	isoleucine biosynthetic process; valine biosynthetic process		acetolactate synthase activity; flavin adenine dinucleotide binding; magnesium ion binding; thiamine pyrophosphate binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

55 3	Type II secretory pathway, ATPase PulE/Tfp pilus assembly pathway, ATPase PilB [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44744.1	54 kDa	protein secretion by the type II secretion system		ATP binding	
55 4	hypothetical protein NIES3806_18110 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54469.1	85 kDa	nucleoside metabolic process	kinesin complex; microtubule	ADP binding; catalytic activity	kinesin complex; microtubule; ADP binding
55 5	cobalamin biosynthesis protein CobD [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54123.1	35 kDa	cobalamin biosynthetic process [GO:0009236]	integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]		integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]; ATPase-coupled vitamin B12 transmembrane transporter activity [GO:0015420]; threonine-phosphate decarboxylase activity [GO:0048472]; cobalamin biosynthetic process [GO:0009236]
55 6	hypothetical protein PS2015_913 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45583.1	34 kDa	intracellular signal transduction; lipid metabolic process		phosphatidylinositol phospholipase C activity	
55 7	serine/threonine protein kinase [Arthrospira platensis YZ]	AMW29926.1	69 kDa	signal transduction			

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

558	putative methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51834.1	20 kDa	rRNA methylation [GO:0031167]			methyltransferase activity [GO:0008168]; nucleic acid binding [GO:0003676]; rRNA methylation [GO:0031167]
559	chromosome partitioning protein [Arthrospira platensis]	SPD79481.1	33 kDa	chromosome segregation		DNA binding	DNA binding [GO:0003677]
560	alpha/beta fold family hydrolase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54487.1	37 kDa	regulation of lipid storage	integral component of membrane [GO:0016021]		integral component of membrane [GO:0016021]; hydrolase activity [GO:0016787]
561	pantothenate metabolism flavoprotein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52032.1	46 kDa	coenzyme A biosynthetic process; pantothenate catabolic process		FMN binding; phosphopantothenate--cysteine ligase activity; phosphopantothenoylcysteine decarboxylase activity	catalytic activity
562	heat shock protein DnaJ-like [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL46121.1	23 kDa	posttranslational protein targeting to membrane, translocation			
563	hypothetical protein PS2015_363	ALO45052.1	28 kDa				

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	[Pseudohongiella spirulinae]						
56 4	hypothetical protein NIES3807_20230 [Microcystis aeruginosa NIES-3807]	GCL58853.1	123 kDa	cell division			
56 5	hypothetical protein NIES3806_02830 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL52956.1	68 kDa	nuclear protein quality control by the ubiquitin-proteasome system; proteasome localization		zinc ion binding	zinc ion binding [GO:0008270]
56 6	hypothetical protein PS2015_2046 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46685.1	27 kDa	ceramide metabolic process		hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds, in linear amides	
56 7	GntR family transcriptional regulator [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46267.1	31 kDa	trehalose biosynthetic process			
56 8	UDP-N-acetylmuramoyl-L-alanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46935.1	56 kDa	cell cycle [GO:0007049]; cell division [GO:0051301]; cell wall organization [GO:0071555]; peptidoglycan biosynthetic process	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; ATP binding [GO:0005524]; magnesium ion binding [GO:0000287]; tetrahydrofolylpolyglutamate synthase activity [GO:0004326]; UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate-2,6-

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

				[GO:0009252]; regulation of cell shape [GO:0008360]			diaminopimelate ligase activity [GO:0008765]; cell cycle [GO:0007049]; cell division [GO:0051301]; cell wall organization [GO:0071555]; peptidoglycan biosynthetic process [GO:0009252]; regulation of cell shape [GO:0008360]
56 9	lipopolysaccharide biosynthesis protein [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48792.1	80 kDa	extracellular polysaccharide biosynthetic process; lipopolysaccharide biosynthetic process	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane; ATP binding; protein tyrosine kinase activity; extracellular polysaccharide biosynthetic process; lipopolysaccharide biosynthetic process
57 0	diguanylate cyclase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45025.1	108 kDa	regulation of transcription, DNA-templated	integral component of membrane		integral component of membrane
57 1	16S rRNA methyltransferase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44782.1	26 kDa	methylation [GO:0032259]; rRNA processing [GO:0006364]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; methyltransferase activity [GO:0008168]; methylation [GO:0032259]; rRNA processing [GO:0006364]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

57 2	3-hydroxydecanoyl-ACP dehydratase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45202.1	19 kDa	fatty acid biosynthetic process	cytoplasm		cytoplasm; (3R)-hydroxymyristoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase activity; 3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase activity; 3-hydroxyoctanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase activity; 3-hydroxypalmitoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase activity; trans-2-decenoyl-acyl-carrier-protein isomerase activity; fatty acid biosynthetic process
57 3	malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase : Malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase OS=Singulisphaera acidiphila (strain ATCC BAA-1392 / DSM 18658 / VKM B-2454 / MOB10) GN=Sinac_5854 PE=3 SV=1: CBM_48: Alpha-amylase: DUF3459 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	VTS11826.1	67 kDa				
57 4	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95992.1	92 kDa	cellular response to heat; response to unfolded protein		ATPase activity; ATP binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

57 5	hypothetical protein NIES46_38780 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95812.1	12 kDa	transmembrane transport			
57 6	DNA polymerase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44808.1	117 kDa	DNA repair [GO:0006281]; DNA replication [GO:0006260]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; 3'-5' exonuclease activity [GO:0008408]; DNA- directed DNA polymerase activity [GO:0003887]; nucleic acid binding [GO:0003676]; DNA repair [GO:0006281]; DNA replication [GO:0006260]
57 7	hypothetical protein NIES3804_35980 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52010.1	54 kDa	intracellular signal transduction; ion homeostasis; negative regulation of sodium ion transport; positive regulation of ion transmembrane transporter activity; positive regulation of potassium ion import across plasma membrane; positive regulation of sodium ion transmembrane transporter		ATP binding; chloride channel inhibitor activity; potassium channel inhibitor activity; protein serine/threonine kinase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

				activity; protein phosphorylation			
578	pentapeptide repeat family protein [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54137.1	81 kDa	leucine biosynthetic process [GO:0009098]			2-isopropylmalate synthase activity [GO:0003852]; leucine biosynthetic process [GO:0009098]
579	triosephosphate isomerase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49505.1	25 kDa	gluconeogenesis [GO:0006094]; glycolytic process [GO:0006096]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; triose-phosphate isomerase activity [GO:0004807]; gluconeogenesis [GO:0006094]; glycolytic process [GO:0006096]
580	m1 family peptidase : Peptidase, M1 (Aminopeptidase N) family OS=Myxococcus xanthus (strain DK 1622) GN=MXAN_0644 PE=4 SV=1: Peptidase_M1: HEAT_2 [Tuwongella immobilis]	VIP01757.1	96 kDa	DNA recombination; DNA repair		aminopeptidase activity; ATP binding; four-way junction helicase activity; metallopeptidase activity; zinc ion binding	aminopeptidase activity; metallopeptidase activity; zinc ion binding
581	hypothetical protein PS2015_1418 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46075.1	41 kDa	lipopolysaccharide biosynthetic process		transferase activity, transferring glycosyl groups	transferase activity, transferring glycosyl groups [GO:0016757]



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

58 2	endonuclease III [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46353.1	24 kDa	base-excision repair [GO:0006284]			4 iron, 4 sulfur cluster binding [GO:0051539]; class I DNA-(apurinic or apyrimidinic site) endonuclease activity [GO:0140078]; DNA binding [GO:0003677]; DNA N-glycosylase activity [GO:0019104]; endonuclease activity [GO:0004519]; metal ion binding [GO:0046872]; base-excision repair [GO:0006284]
58 3	hypothetical protein NIES3804_26900 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51114.1	32 kDa	signal transduction			
58 4	seryl-tRNA synthetase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92987.1	49 kDa	selenocysteine biosynthetic process selenocysteinyl- tRNA(Sec) biosynthetic process seryl- tRNA aminoacylation			
58 5	transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL56838.1	14 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		DNA binding	
58 6	hypothetical protein NIES3804_06950 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49141.1	18 kDa	DNA integration; transposition		nucleic acid binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

587	phosphoenolpyruvate synthase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49615.1	90 kDa	gluconeogenesis [GO:0006094]; pyruvate metabolic process [GO:0006090]			ATP binding [GO:0005524]; metal ion binding [GO:0046872]; pyruvate, water dikinase activity [GO:0008986]; gluconeogenesis [GO:0006094]; pyruvate metabolic process [GO:0006090]
588	transglutaminase-like domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95263.1	118 kDa		cell division		
589	hypothetical protein NIES46_42910 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96222.1	22 kDa		chromosome condensation; DNA replication; sister chromatid cohesion		ATP binding; DNA binding
590	hypothetical protein NIES3804_19230 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL50356.1	69 kDa	base-excision repair, DNA ligation		DNA ligase (NAD+) activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

59 1	hypothetical protein AP285_29220 [Arthrospira platensis YZ]	AMW31391.1	24 kDa		ameloblast differentiation; amelogenesis; biomineral tissue development; branching involved in ureteric bud morphogenesis; cellular response to cell-matrix adhesion; connective tissue development; dentinogenesis; endochondral bone morphogenesis; gene expression involved in extracellular matrix organization; lung morphogenesis; mandibular condyle articular cartilage development; mesenchymal to epithelial transition; negative regulation of bone development; negative regulation of chondrocyte proliferation; negative regulation of growth plate cartilage chondrocyte proliferation; negative regulation of mesenchymal cell apoptotic process; odontoblast differentiation; odontogenesis; positive regulation of calcium ion import; positive regulation of chondrocyte proliferation; positive regulation of enamel mineralization; S-shaped body morphogenesis		collagen binding
59 2	hypothetical protein B9S53_12515 [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ42588.1	25 kDa	protein ubiquitination		ADP binding	ADP binding [GO:0043531]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

59 3	hypothetical protein NIES46_08070 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92766.1	24 kDa				aspartic-type endopeptidase activity
59 4	wd-40 repeat-containing protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2 [Gemmata obscuriglobus UQM 2246]	VTS10391.1	100 kDa		DNA-templated transcription, initiation		DNA binding DNA- binding transcription factor activity sigma factor activity
59 5	glycogen synthase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96823.1	55 kDa	glycogen biosynthetic process			
59 6	hypothetical protein NIES46_07520 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92711.1	22 kDa	cell division			
59 7	GTPase SAR1 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45039.1	53 kDa			GTP binding	GTP binding [GO:0005525]
59 8	methionyl-tRNA formyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL56109.1	35 kDa	conversion of methionyl- tRNA to N- formyl- methionyl- tRNA		methionyl-tRNA formyltransferase activity	methionyl-tRNA formyltransferase activity [GO:0004479]
59 9	hypothetical protein NIES46_06230	GCE92583.1	27 kDa	methylation		methyltransferase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	[Arthrospira platensis NIES-46]						
600	wd-40 repeat-containing protein : WD-40 repeat protein OS=Pirellula staleyi (strain ATCC 27377 / DSM 6068 / ICPB 4128) GN=Psta_3480 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	VTU01302.1	38 kDa	nucleoside metabolic process		catalytic activity	
601	hypothetical protein ARTHRO_41315 [Limnospira indica PCC 8005]	CDM96906.1	47 kDa	cAMP-mediated signaling; culmination involved in sorocarp development		phosphorelay sensor kinase activity	
602	putative glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL44933.1	42 kDa	374	polysaccharide biosynthetic process		
603	putative restriction enzyme [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51295.1	138 kDa	cell division		copper ion binding; oxidoreductase activity	DNA binding [GO:0003677]; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity [GO:0009007]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

60 4	type I DNA topoisomerase, partial [Arthrospira sp. PLM2.Bin9]	TVU54284.1	98 kDa	DNA topological change [GO:0006265]			DNA binding [GO:0003677]; DNA topoisomerase type I (single strand cut, ATP-independent) activity [GO:0003917]; metal ion binding [GO:0046872]; DNA topological change [GO:0006265]
60 5	Multicopper oxidase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46176.1	47 kDa	DNA restriction-modification system		DNA binding; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity	copper ion binding [GO:0005507]; oxidoreductase activity [GO:0016491]
60 6	prephenate dehydrogenase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96070.1	32 kDa	tyrosine biosynthetic process		prephenate dehydrogenase (NAD <sup>+</sup> ) activity; prephenate dehydrogenase (NADP <sup>+</sup> ) activity	
60 7	DNA topoisomerase I [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93839.1	102 kDa	DNA topological change			
60 8	adenine specific DNA methyltransferase [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL44962.1	118 kDa	DNA restriction-modification system		DNA binding; N-methyltransferase activity; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity	DNA binding [GO:0003677]; N-methyltransferase activity [GO:0008170]; site-specific DNA-methyltransferase (adenine-specific) activity [GO:0009007]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

609	hypothetical protein NIES46_04070 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE92368.1	87 kDa		cyclic nucleotide biosynthetic process; intracellular signal transduction		
610	putative ABC transporter permease protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96527.1	41 kDa	transmembrane transport			
611	hypothetical protein AP285_11495 [Arthrospira platensis YZ]	AMW28500.1 (+8)	73 kDa	protein glycosylation		metal ion binding; oligosaccharyl transferase activity	
612	transcription termination factor NusA [Arthrospira platensis C1]	EKD10398.1	47 kDa	DNA-templated transcription, termination [GO:0006353]; transcription antitermination [GO:0031564]	cytoplasm [GO:0005737]		cytoplasm [GO:0005737]; DNA-binding transcription factor activity [GO:0003700]; RNA binding [GO:0003723]; DNA-templated transcription, termination [GO:0006353]; transcription antitermination [GO:0031564]
613	hypothetical protein NIES46_32140 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95152.1	75 kDa	NAD biosynthetic process			
614	hypothetical protein NIES46_43290	GCE96260.1	52 kDa			transferase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

	[Arthrospira platensis NIES-46]						
61 5	glycosyl transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51985.1	33 kDa	nucleoside metabolic process		catalytic activity	transferase activity [GO:0016740]
61 6	serine protease [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ42577.1	45 kDa	419	gibberellic acid mediated signaling pathway		transferase activity
61 7	Peptidase M48 Ste24p [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45594.1	58 kDa	protein glycosylation		metal ion binding; oligosaccharyl transferase activity	metal ion binding; metalloendopeptidase activity
61 8	hypothetical protein NIES3804_01490 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48598.1	43 kDa	metabolic process		cellulase activity	
61 9	hypothetical protein NIES46_29800 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94920.1	46 kDa	protein deubiquitination ; spliceosomal complex assembly		thiol-dependent ubiquitin-specific protease activity; zinc ion binding	
62 0	ferredoxin : Ferredoxin OS=Isosphaera pallida (strain ATCC 43644 / DSM 9630 / IS1B) GN=Isop_2222 PE=4 SV=1: Fer2 [Tuwongella immobilis]	VIP01439.1	17 kDa			2 iron, 2 sulfur cluster binding; electron transfer activity	electron transfer activity; iron-sulfur cluster binding



**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

62 1	hypothetical protein SPLC1_S201550 [Arthrospira platensis C1]	EKD08754.1	12 kDa			endonuclease activity	
62 2	peptidase M16 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45262.1	55 kDa	proteolysis		metal ion binding	metal ion binding [GO:0046872]
62 3	hypothetical protein PS2015_970 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45639.1	25 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		DNA-binding transcription factor activity; transcription regulatory region sequence-specific DNA binding	DNA binding
62 4	TPR domain protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE93470.1	67 kDa	protein prenylation		protein prenyltransferase activity	
62 5	wd-40 repeat protein : Uncultured bacterium genome assembly Metasoil_fosmids_resub OS=uncultured bacterium PE=4 SV=1: Sigma70_r2: Sigma70_r4_2: WD40: WD40: WD40 [Gemmata massiliana]	VTR94710.1	117 kDa	DNA-templated transcription, initiation		DNA binding; DNA- binding transcription factor activity; sigma factor activity	
62 6	hypothetical protein PS2015_627 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45310.1	55 kDa	cellular modified amino acid biosynthetic process		glutamate-cysteine ligase activity	catalytic activity [GO:0003824]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

627	transposase IS605 OrfB family [Arthrospira platensis C1]	EKD11392.1	46 kDa	DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]			DNA binding [GO:0003677]; DNA recombination [GO:0006310]; transposition [GO:0032196]
628	two-component response regulator [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94252.1	88 kDa	phosphorelay signal transduction system regulation of transcription, DNA-templated			
629	maturase [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ43332.1	57 kDa			RNA-directed DNA polymerase activity	
630	glycosyl transferase family 1 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45107.1	153 kDa	gibberellic acid mediated signaling pathway; protein O-linked glycosylation		transferase activity, transferring glycosyl groups	transferase activity [GO:0016740]
631	peptidoglycan-binding protein [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ40448.1	34 kDa	peptidoglycan biosynthetic process		transferase activity	
632	helicase, partial [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ38716.1	58 kDa	SOS response		ATP binding; helicase activity	helicase activity [GO:0004386]

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

63 3	two-component sensor histidine kinase [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96452.1	123 kDa	regulation of transcription, DNA-templated		phosphorelay sensor kinase activity	
63 4	hypothetical protein NIES3806_16360 [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL54297.1	35 kDa	300	methylation		methyltransferase activity
63 5	hypothetical protein NIES46_40990 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96032.1	113 kDa	protein O-linked glycosylation		protein O-GlcNAc transferase activity	
63 6	dihydrodipicolinate reductase [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL48572.1	30 kDa	276	diaminopimelate biosynthetic process; lysine biosynthetic process via diaminopimelate	cytoplasm	
63 7	tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55567.1	36 kDa	315	tRNA processing		
63 8	urea ABC transporter ATP-binding protein [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94569.1	27 kDa			ATP binding	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

63 9	hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD092]	WP_108614728.1	34 kDa		bacterial-type flagellum-dependent cell motility		motor activity
64 0	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE95143.1	52 kDa	translation			
64 1	(P)ppGpp synthetase, RelA/SpoT family [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46243.1	77 kDa	678	guanosine tetraphosphate metabolic process		
64 2	cobalamin biosynthesis protein CobD [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL51402.1	36 kDa	cobalamin biosynthetic process [GO:0009236]	integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]		integral component of membrane [GO:0016021]; plasma membrane [GO:0005886]; ATPase- coupled vitamin B12 transmembrane transporter activity [GO:0015420]; threonine-phosphate decarboxylase activity [GO:0048472]; cobalamin biosynthetic process [GO:0009236]
64 3	putative transposase [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55041.1	8 kDa	transposition, DNA-mediated		transposase activity	

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

64 4	hypothetical protein NIES3804_11780 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49622.1	24 kDa				
64 5	wd40 repeat-containing protein : (Myosin heavy- chain) kinase OS=Calothrix sp. PCC 6303 GN=Cal6303_2739 PE=4 SV=1: WD40: WD40: WD40: WD40: WD40 [Gemmataceae bacterium]	VTT99252.1	38 kDa	nucleoside metabolic process		catalytic activity	kinase activity [GO:0016301]
64 6	hypothetical protein NIES3804_39920 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL52402.1	23 kDa	metabolic process		cellulase activity	
64 7	hypothetical protein [Arthrospira sp. TJSD091]	WP_052741562.1	31 kDa	pathogenesis		calcium ion binding; toxin activity	
64 8	HAD family hydrolase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45129.1	26 kDa			hydrolase activity	hydrolase activity
64 9	tyrosine protein kinase [Pseudohongiella spirulinae]	ALO46420.1	85 kDa	extracellular polysaccharide biosynthetic process; lipopolysacchari de biosynthetic process	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane; ATP binding; protein tyrosine kinase activity; extracellular polysaccharide biosynthetic process; lipopolysaccharide biosynthetic process

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

650	hypothetical protein PS2015_213 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO44907.1	20 kDa	signal transduction			
651	2Fe-2S ferredoxin [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE94620.1	12 kDa	Electron transport			
652	hypothetical protein NIES3804_05880 [Microcystis aeruginosa NIES-3804]	GCL49037.1	58 kDa	polyphosphate metabolic process [GO:0006797]			polyphosphate:AMP phosphotransferase activity [GO:0043751]; polyphosphate metabolic process [GO:0006797]
653	50S ribosomal protein L6 [Pseudohongiella spirulinae]	ALO47074.1	19 kDa	translation [GO:0006412]	ribosome [GO:0005840]		ribosome [GO:0005840]; rRNA binding [GO:0019843]; structural constituent of ribosome [GO:0003735]; translation [GO:0006412]
654	hypothetical protein NIES3787_26490 [Microcystis aeruginosa NIES-3787]	GCL46949.1	42 kDa			endonuclease activity; nucleic acid binding; RNA-directed DNA polymerase activity	
655	group II intron reverse transcriptase/maturase [Arthrospira sp. TJSD092]	WP_108614978.1	67 kDa	methylation		methyltransferase activity	
656	type I restriction enzyme EcoEI M protein homolog [Microcystis aeruginosa NIES-3806]	GCL55834.1	76 kDa	DNA methylation; DNA restriction-modification system		DNA binding; N-methyltransferase activity	DNA binding [GO:0003677]; N-methyltransferase activity [GO:0008170]; site-specific DNA-methyltransferase

**Tabella Supplementare E:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato.*

							(adenine-specific) activity [GO:0009007]
65 7	hypothetical protein B9S53_15360 [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ40522.1	23 kDa	oxidation-reduction process			
65 8	serine/threonine protein kinase [Arthrospira maxima CS-328]	EDZ94485.1	70 kDa			ATP binding; protein serine/threonine kinase activity	ATP binding; protein serine/threonine kinase activity
65 9	ATPase AAA [Pseudohongiella spirulinae]	ALO45702.1	39 kDa			ATPase activity; ATP binding	ATP binding [GO:0005524]; ATPase activity [GO:0016887]
66 0	hypothetical protein NIES46_42510 [Arthrospira platensis NIES-46]	GCE96183.1	92 kDa	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules		calcium ion binding; peptidase activity	

## Tabella Supplementare F

**Tabella Supplementare F** - Proteine differenzialmente espresse identificate in campioni di *A. maxima* in colture di controllo (CTRL) e in colture trattate con 0,2 mM glifosato e 1,7 gr/L MPs (GlyMPs). Sono riportati i codici identificativi Uniprot, il numero di spettri di massa assegnati a ciascuna proteina ai diversi tempi di campionamento, il Fold change (FC) per ciascuna proteina per ciascun campione trattato rispetto al controllo nei diversi tempi di campionamento.

Identified Proteins (794/867)	genes	FC (GlyMPs /CTRL) 0 days	FC (GlyMPs/CTRL) 7 days	FC (GlyMPs/CTR L) 14 days	FC (GlyMPs/CTRL) 21 days	FC (GlyMPs/CTRL) 28 days	CONTROLLO															GLY-MPs															Statiscs (media and T-Student)								
							CT RL 0-1	CTR L0-2	CTR L0-3	CT RL 7-1	CT RL 7-2	CT RL 7-3	CT RL1 4-1	CT RL1 4-2	CT RL1 4-3	CT RL2 1-1	CT RL2 21-2	CT RL2 1-3	CT RL 28-1	CT RL 28-2	CT RL 28-3	Gly- MP S0-1	Gly- MP S0-2	Gly- MP S0-3	Gly- MP S7-1	Gly- MP S7-2	Gly- MP S7-3	Gly- MP s14-1	Gly- MP s14-2	Gly- MP s14-3	Gly- MP s21-1	Gly- MP s21-2	Gly- MP s21-3	Gly- MP s28-1	Gly- MP s28-2	Gly- MP s28-3	Media GlyM Ps	Sd	Medi a ctrl	Sd	t-test				
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE54565	0,6	0,428571	0,4286	0	0	2	2	1	2	3	2	2	2	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,6	0,56	2	0,533	4E-05		
DEAD/DEAH box helicase [Synechocystis salina]	WP_194020073.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	2	2	2	0,8	0,64	0,2	0,32	0,0002									
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. LEGE 06077]	WP_193892838.1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	0	1,4	0,48	0,0002				
MULTISPECIE S: metallothionein [Synechococcales]	WP_190641167.1	0	#DIV/0!	0	0	0,5	1	0	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,2	0,32	1,133	0,711	0,0002				
hypothetical protein [Tychonema sp. LEGE 07203]	WP_194061020.1	1,5	2	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1,2	0,64	0,333	0,444	0,0002		
hypothetical protein, partial [Okeania hirsuta]	WP_205127727.1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	1,067	0,373	0,0002		
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. FACHB-190]	WP_190670292.1	3	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	2	2	2	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	3	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1,4	0,88	0,733	0,587	0,0005	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Moorea producens]	WP_202799158.1	0,75	1	3	1,5	2	1	1	1	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	1,2	0,64	0,0007	
metallothionein [Lusitaniella coriacea]	WP_194031197.1	0	#DIV/0!	0,6667	0	0	2	1	2	0	0	0	1	1	0	2	1	2	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,133	0,23	1,2	0,747	0,0007



## Tabella Supplementare F

membrane protein insertion efficiency factor YidD [Trichocoleus sp. FACHB-591]	WP_190552222.1	0	#DIV/0!	0,6	1	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0,4	0,48	1,2	0,64	0,0007						
DEAD/DEAH box helicase [Sphaerosporopsis reniformis]	WP_201277660.1	#DIV/0!	0	0,75	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,733	0,684	0,0007						
MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [unclassified Desertifilum]	WP_069967271.1	1,5	0	0	0,33333	0	0	1	0	2	3	1	4	4	4	3	3	3	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,4	0,48	2,067	1,271	0,0007						
hypothetical protein CRD_02480 [Raphidiopsis brookii D9]	EFA71962.1	6	#DIV/0!	0	1	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	0	0	0	1	1	1	2	3	1	1,4	0,77	0,467	0,498	0,0011					
cistern family PEP-CTERM protein [Leptolyngbya sp. FACHB-541]	WP_190798842.1	0	1	0	0	0,4	1	1	1	1	1	1	0	0	0	3	3	3	5	6	4	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	2	2	2	0,6	0,72	2	1,6	0,0011						
hypothetical protein DCF19_18590 [Pseudanabaena frigida]	PZO37511.1	0,85714	0,5	0	1	0,5	3	1	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	2	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0,4	1,6	0,56	0,0013					
molecular chaperone DnaK [Alkalinema sp. FACHB-956]	WP_190571708.1	0	0,4	0	0	1	1	2	1	2	1	2	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,333	0,44	0,933	0,498	0,0013	
FAD-dependent oxidoreductase [Oculatella sp. FACHB-28]	WP_190646652.1	0	0	1,5	0	0	2	1	2	1	2	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	1	0,4	0,0015			
GRRM system radical SAM/SPASM domain protein [Cyanobacteria bacterium TMED177]	Ouw29080.1	0,75	0	0	0	0	1	1	1	2	0	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	1	0,533	0,0015			
hypothetical protein D6728_08905 [Cyanobacteria bacterium J055]	RMG11410.1	0,5	0,714286	0	0,6	0	2	1	1	3	1	3	1	0	1	2	1	2	1	1	1	2	0	1	2	2	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0,733	0,68	1,4	0,667	0,0015				
DUF2207 domain-containing protein [Nostoc sp. FACHB-973]	WP_190880604.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1,5	1	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	0,4	0,267	0,391	0,0016



## Tabella Supplementare F

YfhO family protein [Trichocoleus sp. FACHB-40]	WP_1992 97987.1	0	0	#DIV/0!	0	0,5	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,2	0,32	0,6	0,72	0,0043				
MULTISPECIE S: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostocales]	WP_1905 84281.1	3	2	3	0	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	3	3	3	0	0	0	1	1	1	1,4	0,88	0,6	0,48	0,0043				
MULTISPECIE S: microcyclamide/patellamide family RiPP [Nostocales]	WP_0966 47453.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	0,8	0,2	0,32	0,0043				
MULTISPECIE S: hypothetical protein [unclassified Tychonema]	WP_1940 12652.1	0	1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	0,8	0,2	0,32	0,0043				
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcystis flos-aquae]	WP_1907 21304.1	1	2	1,5	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	2	2	2	2	2	2	2	0,4	1,6	0,48	0,0043				
DedA family protein [Cyanobium sp.]	PZV22156 .1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1,2	0,64	0,4	0,48	0,0043			
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Nostoc]	WP_0990 76639.1	0	0	0,75	1	0	1	0	0	2	2	2	2	1	3	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	1	0,8	0,0052		
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Calothrix]	WP_1905 44901.1	0,875	2,5	0,3333	0,375	0	4	1	3	1	0	1	3	2	4	3	3	2	4	5	3	3	1	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1,2	0,69	2,6	1,147	0,0054				
hypothetical protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_2062 68896.1	0,5	0	0	3	#DIV/0!	3	3	2	1	1	1	2	2	2	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,48	1,2	0,907	0,0063	
cistern family PEP-CTERM protein [Leptolyngbya sp. FACHB-671]	WP_1906 87508.1	6	#DIV/0!	6	#DIV/0!	0,5	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	1	1	4	6	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1,8	0,96	0,667	0,711	0,0067		
hypothetical protein [Leptolyngbya sp. CCY15150]	WP_2041 53929.1	0,4	0	2	0	0	2	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	0	1	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,533	0,71	1,4	0,48	0,0067	
hypothetical protein [Leptolyngbya sp. FACHB-16]	WP_1907 74509.1	0,71429	0	0	#DIV/0!	0	2	1	2	3	2	4	1	0	1	0	0	0	1	1	1	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0,53	1,267	0,889	0,0068

## Tabella Supplementare F

ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH [Cyanotheca sp. BG0011]	WP_1986 48972.1	0,5	0	0,75	#DIV/0!	#DIV/0!	2	1	1	1	0	1	2	3	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0,44	0,8	0,747	0,0068				
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Thermoleptolyngbya sp. PKUAC-SCTB121]	WP_2053 70125.1	0,6	1	0,375	1	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1,2	0,32	1,8	0,64	0,007		
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Trichocoleus sp. FACHB-90]	WP_1904 40151.1	1,2	3	1	1	#DIV/0!	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1,6	0,72	1	0,4	0,007		
alpha/beta hydrolase [Tychonema bourrellyi FEM_GT703]	PHX5428 2.1	0,75	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,8	0,64	0,007	
DUF4347 domain-containing protein [[Phormidium] sp. ETS-05]	WP_1992 47786.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,4	0,48	0,007		
lysylphosphatidylglycerol synthetase [Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58]	PSO50882 .1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0	0	0,007	
microcyclamide/patellamide family RiPP [Microcoleus asticus]	WP_1721 92413.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0	0	0,007	
response regulator [Phormidium tenue]	WP_1911 30301.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0	0	0,007	
mechanosensitive ion channel [Nodularia sp. LEGE 06071]	WP_1939 99050.1	0	0	0	#DIV/0!	1	0	0	0	1	1	1	2	1	2	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,933	0,747	0,0074
DNA-directed RNA polymerase subunit beta" [Nostoc sp. NZL]	WP_1965 13534.1	6	#DIV/0!	0	1	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,8	0,64	0,267	0,391	0,0074	
M50 family metalloproteinase [Desmonostoc muscorum]	WP_1939 25652.1	3	#DIV/0!	3	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,267	0,391	0,0096

## Tabella Supplementare F

RecName: Full=Uncharacterized RNA methyltransferase Pro_0965	Q7VBX7.1	3	#DIV/0!	3	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,267	0,391	0,0096	
hypothetical protein [Anabaena lutea]	WP_190716776.1	1,5	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,867	0,578	0,0096
mechanosensitive ion channel [Okeania sp. KiyG1]	WP_202225193.1	0	1	0,5	0	#DIV/0!	0	0	1	1	0	1	2	2	2	2	1	3	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0,44	1	0,8	0,0096
MULTISPECIES: protein kinase [unclassified Planktothricoides]	WP_190877099.1	#DIV/0!	1	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	2	1	2	0	0	0	2	2	2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,133	0,23	0,867	0,809	0,0109
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Lusitaniella coriacea]	WP_194029664.1	0	0,5	0,4286	0,33333	2	1	1	0	2	1	3	2	2	2	3	3	3	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	0,4	1,733	0,818	0,0109
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Trichocoleus sp. FACHB-262]	WP_190560916.1	3	#DIV/0!	0	0	0,66667	0	0	1	0	0	0	2	3	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	1,333	1,067	0,0109
hypothetical protein [Tolypothrix sp. FACHB-123]	WP_190747360.1	2	2,5	1,8	0	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	4	3	5	5	5	5	3	3	3	0	0	0	0	1	1	1	2,6	1,68	1,6	0,48	0,0113
hypothetical protein FDUTEX481_07936 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF01489.1	0	0	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,35	0,8	0,64	0,0115
RNA polymerase Rpb1 [Cylindrospermopsis raciborskii CS-505]	EFA69678.1	1	2	1	1	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	2	1	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1,333	0,58	0,733	0,391	0,0115	
hypothetical protein WA1_09670 [Scytonema hofmannii PCC 7110]	KYC34998.1	3	0	9	1	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1,4	0,88	0,467	0,498	0,0124
MULTISPECIES: pentapeptide repeat-containing protein [unclassified Coleofasciculus]	WP_193873732.1	0,75	0	2	0	0	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	1,133	0,231	0,0133

## Tabella Supplementare F

TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_2062 64729.1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	0	0	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	0	0	0	1	0,8	1,533	0,56	0,0133	
hypothetical protein [Myxacorys almedinensis]	WP_2029 25009.1	0	1	0	0	#DIV/0!	0	1	0	1	1	1	2	2	2	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	0	0	0	0,2	0,32	0,733	0,684	0,0133	
hypothetical protein [Cyanotheca sp. BG0011]	WP_1986 48846.1	4	1	0,75	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	5	3	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	0,8	1,2	0,32	0,014	
MULTISPECIE S: hypothetical protein [unclassified Limnothrix]	WP_1905 33028.1	8	#DIV/0!	3	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	3	2	3	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1,333	0,8	0,533	0,498	0,014
hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA, partial [Planktothrix sp. FACHB-1355]	WP_1910 56339.1	6	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,533	0,71	0,133	0,231	0,014	
DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [Gloeocapsopsis crepidinum]	WP_1939 33351.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0,5	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,6	0,72	0,014
glycyl radical protein [Phormidium sp. LEGE 05292]	WP_1939 80353.1	1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,667	0,71	0,267	0,391	0,014
PBP1A family penicillin-binding protein [Hassallia byssoidea]	WP_2012 80559.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,667	0,71	0,267	0,391	0,014
methyltransferase domain-containing protein, partial [Aphanizomenon flos-aquae]	WP_1903 84620.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0,33333	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	2	1	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,067	0,12	0,533	0,64	0,0145
hypothetical protein PseudUWO310_19340 [Pseudanabaena sp. UWO310]	TYQ2536 2.1	0	#DIV/0!	2	1	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,533	0,498	0,0145
PE-PGRS family protein [Kamptonema formosum]	WP_2029 51037.1	0	1	0	0	#DIV/0!	0	1	1	1	1	1	0	0	0	2	1	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,667	0,622	0,0145
hypothetical protein GFS31_21410 [Leptolyngbya sp. BL0902]	QQE6545 3.1	1,5	0	0	2	0	0	1	0	2	2	2	3	3	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	1,6	0,747	0,015

## Tabella Supplementare F

MULTISPECIE S: DUF2207 domain- containing protein [Calothrix]	WP_1905 40837.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1,5			0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	4	4	4	1	1	1	1,2	1,12	0,2	0,32	0,015			
hypothetical protein PseudUWO311 _12360 [Pseudanabaena sp. UWO311]	TYQ2631 5.1	0	0,5	0	0	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	0	2	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	1	1	1	0,4	0,53	1	0,933	0,0167			
hypothetical protein AY600_03080 [Phormidium willei BDU 130791]	OAB5958 2.1	0	1,5	0,75	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	2	2	2	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0,4	0,48	1	0,533	0,0167		
four-helix bundle copper- binding protein [Anabaenopsis elenkinii]	WP_2009 89132.1	0	#DIV/0!	0	0	0	2	2	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	2	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,35	0,867	0,578	0,018		
MULTISPECIE S: S-layer homology domain- containing protein [Cyanobacteria]	WP_0522 88217.1	0	#DIV/0!	0,5	0,66667	0	1	2	0	0	0	0	2	2	1	3	3	3	3	5	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0,8	0,64	1,733	1,218	0,0191	
metallothionein [Pseudanabaena sp. FACHB- 2040]	WP_1904 83330.1	1,5	1,2	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,333	0,533	0,0203
hypothetical protein OscyDRAFT_ 4577 [Leptolyngbyac eae cyanobacterium JSC-12]	EKQ6677 9.1	0	#DIV/0!	0	0,5	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,467	0,684	0,0203
DUF3267 domain- containing protein [Nodosilinea sp. LEGE 07088]	WP_1939 69760.1	0	1	#DIV/0!	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,35	0,733	0,684	0,0203	
tail fiber domain- containing protein [Tolypothrix sp. FACHB-123]	WP_1907 47056.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,6	0,72	0,067	0,124	0,0203	
30S ribosomal protein S2 [Leptolyngbya valderiana BDU 20041]	OAB5555 1.1	0	#DIV/0!	4,5	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,8	0,96	0,267	0,391	0,0203

## Tabella Supplementare F

MULTISPECIE S: DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [unclassified Leptolyngbya]	WP_1907 74860.1	3	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0,6	0,48	0,333	0,444	0,0203		
hypothetical protein DCF18_00150 [Cyanobium sp.]	PZV25070 .1	1,25	1,5	1,5	#DIV/0!	1	2	2	1	1	1	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	2	2	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1,333	0,44	1,067	0,622	0,0203			
hypothetical protein [Myxacorys almedinensis]	WP_2029 25208.1	3	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0,8	0,64	0,2	0,32	0,0225			
MULTISPECIE S: metallothionein [unclassified Desertifilum]	WP_0719 58170.1	0	#DIV/0!	1	0	0,33333	1	2	1	0	0	0	0	0	0	3	3	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	1,067	0,898	0,0236		
hypothetical protein [Anabaena sp. WA102]	WP_1999 24340.1	0	#DIV/0!	0,75	3	0	1	1	1	0	0	0	2	3	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,867	0,578	0,024	
FtsW/RodA/SpoVE family cell cycle protein [Euhalotheca natronophila]	WP_1462 97278.1	0	1	0	#DIV/0!	0,16667	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,133	0,23	0,6	0,72	0,024
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Cyanobacteria]	WP_0397 26390.1	0	#DIV/0!	1,5	6	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0,8	0,64	0,333	0,444	0,024			
exosortase/archaeosortase family protein [Synechococcus sp. MW101C3]	WP_1440 36856.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0,667	0,71	0,2	0,32	0,024			
HlyD family secretion protein [Pseudanabaena sp.]	PZU95798 .1	0,8	0,5	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	2	2	3	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,62	0,867	0,693	0,027
trypsin-like serine protease [Cyanosyce sp. PCC 7425]	WP_1980 16174.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,587	0,027	
SWIM zinc finger family protein [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_1938 87401.1	1	#DIV/0!	0,6	1	0,33333	0	0	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0,533	0,5	0,867	0,578	0,0276			
hypothetical protein DMC47_33460 [Nostoc sp. 3335mG]	PXA8688 0.1	2	#DIV/0!	0,75	#DIV/0!	0,33333	1	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0,4	0,48	0,733	0,684	0,0276				
cyanoexosortase B system-associated protein [Oscillatoria sp. FACHB-1406]	WP_1907 17677.1	0	1	2	1	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,667	0,444	0,0276		



## Tabella Supplementare F

nitrate ABC transporter, permease protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF62521.1	0	2	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	1	1	1	0,6	0,72	0,267	0,391	0,0276		
hypothetical protein [Tychonema sp. LEGE 06208]	WP_194070694.1	0	#DIV/0!	1	2	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0,8	0,64	0,467	0,498	0,0276		
ABC transporter ATP-binding protein [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH77565.1	0	#DIV/0!	0,6	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	2	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0,2	0,32	0,533	0,782	0,0276			
MULTISPECIE S: MATE family efflux transporter [Nostoc]	WP_190954840.1	0	1	0	0	#DIV/0!	0	0	0	2	1	3	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,733	0,684	0,0276			
MULTISPECIE S: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Fischerella]	WP_016868487.1	1,5	#DIV/0!	3	3	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	3	1	5	2	2	2	1,4	0,93	0,8	0,64	0,0286
hypothetical protein [Halomicronema sp. CCY15110]	WP_204140022.1	3	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	1	2	2	2	1	1	2	0	1	2	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,53	1,067	0,747	0,0326		
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_190969110.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	2	0	0	0	0	3	4	3	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,4	0,48	1,2	0,96	0,0341	
conserved hypothetical protein [Prochlorococcus marinus str. NATL1A]	ABM75217.1	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	3	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,2	0,32	0,667	0,711	0,0342	
iron uptake porin [Synechococcus sp. UW140]	WP_115017691.1	0	2	0,5	0,5	1	1	1	2	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	1,467	0,498	0,0342		
MULTISPECIE S: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostocaceae]	WP_190589965.1	0,27273	1	1,2857	1	0,21429	3	3	4	4	3	4	2	2	2	3	3	3	5	6	3	1	1	1	4	4	3	3	2	4	3	3	3	1	1	1	2,333	1,11	3,333	0,844	0,0343
hypothetical protein [Nostoc flagelliforme]	WP_190944756.1	1,33333	0	0	#DIV/0!	0	1	1	0	2	3	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,43	0,8	0,64	0,0358		

## Tabella Supplementare F

molecular chaperone DnaK [Thermosynechococcus sp. TA-1]	WP_206199749.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	1	0	0	0	2	2	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,067	0,12	0,6	0,8	0,0358									
hypothetical protein EDM82_08760 [Cyanobacteria bacterium CYA]	KAA0215022.1	3	0	#DIV/0!	0	0	0	1	0	1	0	2	0	0	0	0	0	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,733	0,782	0,0358								
iron chelate uptake ABC transporter family permease subunit [Cyanobacterium stanieri]	WP_193799404.1	0,75	0	0	0,11111	#DIV/0!	1	1	1	2	1	3	0	0	0	3	3	3	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,5	1,2	1,067	0,0384						
lasso peptide biosynthesis B2 protein [Anabaena sphaerica]	WP_190564595.1	0	0	0	1	1	0	0	0	2	2	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,667	0,622	0,0412					
hypothetical protein [Cyanobium sp. LEGE 06143]	WP_193813792.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,6	0,72	0,0412					
hypothetical protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_206269233.1	0	#DIV/0!	0	1	0,5	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,6	0,48	1	0,4	0,0412					
hypothetical protein [Nostoc parmelioides]	WP_190571189.1	0,66667	0,5	0,75	0,5	1	1	1	0	2	3	1	1	1	1	2	3	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,933	0,12	1,333	0,622	0,0412					
hypothetical protein [Iningainema tapete]	WP_190838103.1	0	#DIV/0!	0,5	0,5	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	2	2	2	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,48	1	0,8	0,0412			
MULTISPECIE S: glycosyltransferase [Fischerella]	WP_016867120.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,067	0,124	0,0412			
McyB [Nostoc sp. 152]	AGZ05276.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,067	0,124	0,0412		
glycosyltransferase [Anabaena minutissima]	WP_199319264.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0	0	0,0412	
MULTISPECIE S: tryptophan-rich sensory protein [Calothrix]	WP_190545699.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0	0	0,0412	
filamentous hemagglutinin N-terminal domain-containing protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG73743.1	0	2	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,8	0,64	0,4	0,48	0,0412

## Tabella Supplementare F

hypothetical protein [Nostoc sp. MG11]	WP_193200787.1	0	1	1	1	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	0,4	0,6	0,48	0,0412
hypothetical protein [[Phormidium] sp. ETS-05]	WP_199248072.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	3	3	3	0	0	0	1	1,2	0,4	0,64	0,0412		
S-layer homology domain-containing protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_190970394.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0,4	0,64	0,2	0,32	0,0412	
EI24 domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-321]	WP_190510841.1	0	0	1,5	0	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0,267	0,39	0,8	0,64	0,0439		
MULTISPECIE S: DNA-directed RNA polymerase subunit beta" [unclassified Synechocystis]	WP_190596242.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,733	0,782	0,0439	
hypothetical protein DCE90_18050 [Pseudanabaena sp.]	PZU92584.1	0	3	0,375	1	1	1	1	1	0	0	1	3	4	3	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,8	0,32	1,333	0,8	0,0439
DUF3536 domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-711]	WP_190791852.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,133	0,231	0,0447	
UUP1 family membrane protein [Scytonema tolypothrichoides]	WP_201278547.1	0	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	0	1	2	1	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,667	0,622	0,0447	
peptidase S8 [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH71503.1	3	#DIV/0!	0,75	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,867	0,578	0,0447		
mechanosensitive ion channel family protein [Cyanobacteria bacterium J055]	RMG12678.1	0	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0,4	0,533	0,498	0,0447	
cation diffusion facilitator family transporter [Iningainema tapete]	WP_190838519.1	0	1	0,75	0,2	#DIV/0!	0	1	0	1	1	1	1	2	0	2	1	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0,467	0,5	0,8	0,64	0,0481	
methyltransferase domain-containing protein [Lusitaniella coriacea]	WP_194030541.1	0,75	0	0,75	#DIV/0!	#DIV/0!	1	0	2	1	1	1	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,56	0,8	0,747	0,0481

## Tabella Supplementare F

FecR domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-541]	WP_190797741.1	1	#DIV/0!	1	0	#DIV/0!	2	2	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0,467	0,5	0,733	0,587	0,0519				
hypothetical protein D6756_01965 [Cyanobacteria bacterium J083]	RMF27410.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	1	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,667	0,711	0,0551			
FeS assembly scaffold SufA [Nostoc sp. 3335mG]	PXA98955.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,667	0,711	0,0551		
hypothetical protein DCE90_08665 [Pseudanabaena sp.]	PZU96711.1	2,25	2	#DIV/0!	#DIV/0!	0	2	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	3	2	4	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1,2	1,04	0,733	0,587	0,0551			
metallothionein [Leptolyngbya ectocarpi]	WP_193996337.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0,5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,6	0,8	0,0554		
magnesium chelatase subunit ChlD [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF03114.1	1	0	3	0	0,5	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,533	0,5	0,933	0,498	0,0554		
PD-(D/E)XK nuclease family protein [Halomicronema sp. CCY15110]	WP_204140911.1	2	0	3	1	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	3	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,6	0,48	0,0554		
hypothetical protein [Kamptonema formosum]	WP_193789136.1	1,33333	#DIV/0!	1	1	#DIV/0!	1	1	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	2	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1,067	0,5	0,667	0,533	0,0554				
FecR domain-containing protein [Oscillatoria sp. FACHB-1407]	WP_199336902.1	0	#DIV/0!	6	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,2	0,32	0,0554			
hypothetical protein [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_191760280.1	0	0,5	0	3	0	0	0	0	2	2	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0,44	0,733	0,587	0,0554			
hypothetical protein [Microcoleus sp. FACHB-68]	WP_190758235.1	2	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,933	0,75	0,533	0,64	0,0554	
HEPN domain-containing protein [Pseudanabaena sp.]	PZV13151.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	6	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,2	0,32	0,0554	
AAA family ATPase [Okeania sp. KiyG1]	WP_202219585.1	3	2	0	#DIV/0!	0	0	1	0	1	1	1	4	3	5	0	0	0	2	2	2	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	1,467	1,227	0,0573		
M15 family metalloproteinase [Microcystis aeruginosa]	WP_158199738.1	6	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1,2	0,333	0,444	0,0582

## Tabella Supplementare F

calcium-binding protein, partial [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF62230.1	0	#DIV/0!	0,75	0	1	1	2	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0,6	0,48	1,067	0,498	0,0653		
hypothetical protein FDUTEX481_07141 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF02417.1	0	1	1,2	1	#DIV/0!	3	3	1	2	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	0	2	2	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0,867	0,81	1,333	0,8	0,0653		
MULTISPECIE S: isoprenylcysteine carboxylmethyltransferase family protein [Nostoc]	WP_190900847.1	1,33333	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	1	1	2	0	0	0	1	1	1	3	3	3	0	0	0	1	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,56	1,067	0,898	0,0662		
transposase [Lyngbya aestuarii]	WP_052001668.1	3	#DIV/0!	1	0	2	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,667	0,444	0,0681		
hypothetical protein [Anabaena minutissima]	WP_190708778.1	6	#DIV/0!	#DIV/0!	1	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,133	0,231	0,0681		
MULTISPECIE S: FGGY-family carbohydrate kinase [Nostoc]	WP_190957740.1	0,66667	1	0,6	1	0	1	1	0	2	3	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	0	1	2	2	2	1	1	1	3	3	3	0	0	0	1,333	0,93	1,733	0,818	0,0692			
hypothetical protein DSM106972_036240 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT05617.1	0,66667	#DIV/0!	0,5	#DIV/0!	0	2	1	1	0	0	0	3	4	2	0	0	0	3	3	3	1	1	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,733	0,68	1,467	1,298	0,0716			
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Aulosira sp. FACHB-615]	WP_190871062.1	0	0,5	6	2	#DIV/0!	1	1	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1,2	0,64	0,733	0,684	0,0751	
hypothetical protein D3A95_01350 [Thermosynechococcus elongatus PKUAC-SCTE542]	AXY67300.1	0,75	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,333	0,533	0,0822	
tetratricopeptide repeat protein [Planktothrix mougeotii]	WP_193869506.1	1,5	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,6	0,72	0,0822
CHAT domain-containing protein [Calothrix membranacea]	WP_190621335.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0,75	#DIV/0!	0,33333	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0,333	0,44	0,6	0,72	0,0822			
hypothetical protein [Cuspidothrix issatschenkoi]	WP_193935829.1	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,133	0,231	0,0822		

## Tabella Supplementare F

DUF2207 domain-containing protein [Nodosilinea sp. LEGE 07088]	WP_1939 69468.1	0	0	1	#DIV/0!	1	0	0	0	0	1	1	1	2	2	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0,333	0,44	0,6	0,64	0,0822		
DUF2330 domain-containing protein [Microcoleus sp. FACHB-SPT15]	WP_1922 22529.1	0,75	1	0	#DIV/0!	1	2	2	2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0,333	0,44	0,6	0,72	0,0822			
cadmium-translocating P-type ATPase [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_1917 58906.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,333	0,533	0,0822		
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. WHI]	WP_1965 16648.1	0	1	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,6	0,48	0,0822	
precorrin-3B synthase [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAH1855 5.1	0,375	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	5	4	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,6	0,48	1,133	1,013	0,0822		
hypothetical protein [Tolypothrix sp. LEGE 11397]	WP_1940 07700.1	2	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1,067	0,12	0,933	0,124	0,0822	
SDR family NAD(P)-dependent oxidoreductase [Nostoc sp. BAE]	WP_1965 24590.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,2	0,32	0,0822	
PspC domain-containing protein [Phormidium ambiguum]	WP_1431 71001.1	0	1	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,6	0,48	0,0822
glycosyltransferase [Leptolyngbya sp. FACHB-261]	WP_1908 00491.1	1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,48	0,333	0,533	0,0822
efflux RND transporter permease subunit [Hyella patelloides]	WP_1448 72369.1	#DIV/0!	#DIV/0!	6	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,2	0,32	0,0822
hypothetical protein [Prochlorococcus sp. MIT 0604]	WP_1970 49567.1	1	1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,6	0,48	0,0822

## Tabella Supplementare F

MULTISPECIE S: conjugal transfer protein TrbI [unclassified Cyanobium]	WP_1866 96554.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	2	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	0,8	0,96	0,4	0,48	0,0822				
hypothetical protein [Kamptonema formosum]	WP_1937 89138.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0,33333	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0,667	0,71	0,267	0,391	0,0822	
hypothetical protein DCF32_05715 [Leptolyngbya sp.]	PZV08091 .1	#DIV/0!	#DIV/0!	3	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,2	0,32	0,0822		
calcium-binding protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG8858 7.1	3	6	0	0,25	#DIV/0!	0	0	1	1	0	1	1	1	1	4	3	5	0	0	0	2	2	2	4	4	4	0	0	0	1	1	1	5	4	4	2,267	1,52	1,2	1,12	0,0857	
molecular chaperone DnaK [Phormidium sp. LEGE 05292]	WP_1939 81542.1	0,33333	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,133	0,23	0,467	0,684	0,0866
hypothetical protein [Leptolyngbya sp. O-77]	WP_1976 73417.1	0	#DIV/0!	3	0	0,5	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,53	0,733	0,684	0,0866
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Pseudanabaena sp. ABRG5-3]	WP_1977 25117.1	0	2	0	0,6	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	2	1	1	1	0	0	0	2	1	3	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0,8	0,64	1,133	0,231	0,0866	
MULTISPECIE S: DUF2207 domain-containing protein [unclassified Calothrix]	WP_1906 30267.1	0	0	2	0	1	0	0	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	0,8	0,96	1,133	0,462	0,0866	
LysR family transcriptional regulator [cf. Phormidesmis sp. LEGE 11477]	WP_1938 58485.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,067	0,124	0,0866
glycosyltransferase family 39 protein [Nostoc sp. FACHB-888]	WP_1907 29224.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,267	0,391	0,0866
MULTISPECIE S: four-helix bundle copper-binding protein [unclassified Planktothrix]	WP_1904 73364.1	1,8	1,222222	0,5455	1,5	1,5	1	1	1	3	4	2	4	4	4	3	1	4	2	2	2	3	3	3	4	4	3	2	3	1	4	4	4	4	2	3	3,133	0,69	2,533	1,102	0,089	

## Tabella Supplementare F

four-helix bundle copper-binding protein [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE57491 .1	1,14286	0,166667	0	0	#DIV/0!	1	1	0	6	5	7	1	1	0	2	2	2	0	0	0	3	2	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,933	0,75	1,867	1,707	0,0934		
hypothetical protein DMC47_17205 [Nostoc sp. 3335mG]	PXA9657 6.1	2,25	1	0,375	0,5	0	1	1	2	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1,2	0,72	1,667	0,711	0,0934			
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Aphanizomenonaceae]	WP_1686 35090.1	0,5	1	0	3	0,33333	2	2	2	2	3	2	2	2	2	1	1	1	3	2	4	1	1	1	2	2	3	0	0	0	3	2	4	1	1	1	1,467	0,96	2,067	0,507	0,0944		
MULTISPECIE S: HEAT repeat domain-containing protein [unclassified Desertifilum]	WP_0699 65115.1	0	#DIV/0!	0,75	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0,267	0,39	0,467	0,684	0,0944		
hypothetical protein [Calothrix sp. FACHB-156]	WP_1905 86329.1	0,75	1	0,75	0	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	2	2	2	4	2	6	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	4	4	4	1,6	1,12	2	0,8	0,0944		
hypothetical protein DCF19_19805 [Pseudanabaena frigida]	PZO37072 .1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	0	0	0	1	0,8	0,467	0,684	0,0958		
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Nostocaceae]	WP_1905 92750.1	1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	2	0	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,533	0,782	0,1035
MULTISPECIE S: DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [unclassified Thermoleptolyngbya]	WP_1723 53952.1	0	#DIV/0!	1,5	0,5	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1	1	1	0	0	0	0,4	0,53	0,733	0,782	0,1035		
MULTISPECIE S: ABC transporter permease subunit [unclassified Leptolyngbya]	WP_1907 70488.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0,467	0,68	0,133	0,231	0,1035
hypothetical protein [Microcoleus sp. FACHB-831]	WP_1904 92012.1	6	#DIV/0!	3	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,267	0,391	0,1035		
four-helix bundle copper-binding protein [Cylindrospermum sp. FACHB-282]	WP_1904 61925.1	0	0	#DIV/0!	3	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0,8	0,64	0,4	0,48	0,1058		



## Tabella Supplementare F

hypothetical protein [Sphaerospermo phanizomenoides]	WP_2003 23316.1	1,375	1,25	0,9231	0,4	0,5	4	4	1	3	2	3	4	4	4	5	5	5	2	2	2	5	3	3	4	3	3	4	5	3	2	2	2	1	1	1	2,8	1,04	3,333	1,111	0,1085
FHA domain-containing protein [Microcoleus sp. FACHB-SPT15]	WP_1922 16820.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4	0	0	0	0,8	1,28	0,2	0,32	0,1094
four-helix bundle copper-binding protein [Fortiea sp. LEGE XX443]	WP_1938 84858.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4	0	0	0	0,8	1,28	0,2	0,32	0,1094
MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostocaceae]	WP_1905 91707.1	1,33333	0	0,6	0,33333	2	1	1	0	2	2	2	1	1	1	3	4	2	1	1	1	2	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1,067	0,5	1,533	0,773	0,11
hypothetical protein EAZ23_10140 [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG7354 7.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	1	0	0	0	2	3	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,35	0,6	0,8	0,1164	
hypothetical protein [Tolypothrix sp. FACHB-123]	WP_1907 47360.1	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	5	6	4	0	0	0	1	1,6	0,267	0,391	0,1169		
metallothionein [Thermoleptolyngbya sp. PKUAC-SCTB121]	WP_2053 71333.1	0,33333	0	0	0	#DIV/0!	1	0	0	2	2	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,267	0,39	0,6	0,64	0,1188
MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc]	WP_1909 00166.1	0	0	1,5	1	1	1	1	0	2	2	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	0,8	1,333	0,533	0,1188
hypothetical protein EZJ55_12615 [Microcystis aeruginosa EAWAG127a]	KAB0241 292.1	3	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,267	0,391	0,1188	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Anabaena minutissima]	WP_1907 00871.1	1	0	12	3	1	2	2	1	2	2	2	0	0	0	1	0	1	1	1	1	2	1	2	0	0	0	4	5	3	2	2	2	1	1	1	1,733	1,08	1,067	0,622	0,1224
hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA [Fischerella thermalis]	WP_1021 51917.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	3	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,88	0,2	0,32	0,1263	

## Tabella Supplementare F

Nif1-like leader peptide family natural product precursor [Desmonostoc muscorum]	WP_190962043.1	0	0	1	3	#DIV/0!	0	0	0	2	1	2	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0,267	0,39	0,533	0,64	0,131			
ferredoxin [Leptolyngbya sp.]	PZU95647.1	0	0	0,75	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0,4	0,48	0,667	0,711	0,131		
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Planktothrix sp. FACHB-1365]	WP_190516899.1	0	0	0	#DIV/0!	2	0	0	1	1	0	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0,4	0,64	0,667	0,533	0,131					
MULTISPECIE S: glycosyltransferase [unclassified Nostoc]	WP_199337411.1	0	#DIV/0!	0	2	0	1	1	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,667	0,533	0,131				
cation:proton antiporter [Nodularia sp. LEGE 06071]	WP_194000177.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	3	0	0	1	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,2	0,32	0,467	0,622	0,131				
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Oscillatoria sp. FACHB-1406]	WP_190712296.1	2,25	0,583333	0,4444	0	1	0	0	1	3	4	5	3	3	4	2	2	2	1	1	1	3	4	2	2	3	2	1	1	2	0	0	0	1	1	1	1,533	0,97	2,133	1,227	0,1315	
carboxypeptidase M32 [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE54702.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,6	0,72	0,1327	
hypothetical protein FDUTEX481_05572 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF02772.1	0,71429	1	1	2	0	4	4	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1,133	0,58	1,467	0,747	0,1327		
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Nostocaceae]	WP_190588513.1	0	#DIV/0!	3	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	2	0	3	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0,733	0,68	0,4	0,48	0,1327	
hypothetical protein AUI36_09955 [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_261_4]	OLE63410.1	6	#DIV/0!	3	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	3	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,267	0,391	0,1327
metallothionein [Cyanobacteria bacterium M5B4]	PLS69632.1	3	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0,33333	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,467	0,498	0,1356	
hypothetical protein [Planktothrix sp. FACHB-1365]	WP_190521021.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	2	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	2	2	2	1	0,8	0,6	0,64	0,1356	

## Tabella Supplementare F

hypothetical protein [Prochlorococcus sp. HOT208_60m_813L03]	WP_199534183.1	3	1,5	0	#DIV/0!	0,5	1	1	1	1	0	1	2	2	2	0	0	0	2	2	2	3	2	4	1	1	1	0	0	0	4	4	4	1	1	1	1,8	1,36	1,133	0,693	0,1359		
WP_190954404.1-DECOY MULTISPECIE S: hypothetical protein [Nostoc]	WP_190954404.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	0	0	0	0,8	1,28	0,267	0,391	0,1411		
MULTISPECIE S: hypothetical protein [unclassified Coleofasciculus]	WP_190439790.1	0	#DIV/0!	0	1	#DIV/0!	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0,6	0,48	1	0,8	0,1442		
cadmium-translocating P-type ATPase [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF56591.1	0	#DIV/0!	6	1	1	1	1	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	0,4	0,667	0,533	0,1452	
four-helix bundle copper-binding protein [Nodosilinea sp. LEGE 07298]	WP_194021512.1	0	#DIV/0!	6	1	#DIV/0!	1	1	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	0,8	0,64	0,467	0,56	0,1452	
hypothetical protein [Leptolyngbya sp. FACHB-261]	WP_190803977.1	0	0	1	2	1	1	1	0	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0,8	0,64	1,067	0,249	0,1504		
MULTISPECIE S: radical SAM protein [Arthrospira]	WP_006617342.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	2	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,067	0,12	0,333	0,578	0,1504
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Aulosira sp. FACHB-615]	WP_190871063.1	0,91667	1,555556	0,75	0,25	0,5	6	6	3	3	3	3	0	0	0	4	4	4	2	2	2	4	3	4	5	5	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2,267	1,52	2,8	1,44	0,1504	
DUF4384 domain-containing protein [Pseudanabaena sp. UWO310]	TYQ31160.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,133	0,231	0,1504		
hypothetical protein AUI36_18110 [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE52445.1	1,5	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	0,33333	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	1	0	0,867	0,58	0,6	0,48	0,1504		

## Tabella Supplementare F

alpha-2-macroglobulin family protein [Synechococcus sp. JA-2-3B'a(2-13)]	ABD0308 6.1	1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,467	0,68	0,2	0,32	0,1504
O-antigen ligase family protein [Plectonema radiusum]	WP_1939 22440.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,133	0,231	0,1504		
MULTISPECIES: AbrB family transcriptional regulator [Arthrospira]	WP_0066 19225.1	0	#DIV/0!	0	1	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0,6	0,72	0,333	0,444	0,1504			
hypothetical protein, partial [Cyanotheca sp. BG0011]	WP_1986 49076.1	1,5	0	0	6	1,33333	1	1	1	2	0	1	1	1	1	0	1	0	3	3	3	2	2	2	0	0	0	0	2	2	2	4	4	4	1,6	1,28	1,267	0,791	0,1567			
TPM domain-containing protein, partial [Geitlerinema sp. P-1104]	WP_2060 44161.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	3	1	3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,2	0,32	0,533	0,782	0,1567			
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Leptolyngbya sp. FACHB-261]	WP_1908 01074.1	0,66667	1	0	0,6	#DIV/0!	1	0	1	1	1	1	3	3	3	3	4	3	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1,133	0,69	1,6	1,253	0,1619	
hypothetical protein AUI36_43765, partial [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE01882 .1	0,4	1,5	0,6	1	1	2	2	1	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1,333	0,67	1,533	0,498	0,1671	
hypothetical protein LBMAG39_086 50 [Cyanobium sp.]	GDX7243 2.1	1,66667	0,5	1	1	#DIV/0!	1	1	0	2	2	2	2	2	2	2	2	2	0	0	0	2	2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1,533	0,5	1,333	0,8	0,1671	
DUF928 domain-containing protein [Calothrix membranacea]	WP_1906 20186.1	0	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,2	0,32	0,467	0,684	0,1671		
hypothetical protein DCF19_21935 [Pseudanabaena frigida]	PZO36329 .1	0	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,467	0,684	0,1671		
hypothetical protein [Fischerella sp. FACHB-380]	WP_1993 32213.1	1,5	0,5	1,5	0,75	2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	3	5	1	1	1	3	2	4	1	1	1	4	2	6	3	3	3	2	2	2	2,6	1,04	2,2	0,72	0,1671		

## Tabella Supplementare F

Rne/Rng family ribonuclease [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH7454 7.1	0	1	0	0	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0,4	0,48	0,667	0,711	0,1671		
S-layer homology domain-containing protein [Nodosilinea sp. LEGE 07298]	WP_1940 23719.1	0	#DIV/0!	1,5	0,5	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	2	1	3	2	2	2	0	0	0	2	1	3	2	1	3	1	1	1	2	2	2	1,4	0,83	1,067	0,756	0,1671	
DNA helicase RecQ [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG9710 1.1	9	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	3	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,96	0,267	0,391	0,1671	
nitrogenase cofactor biosynthesis protein NifB [Leptolyngbya ohadii]	WP_2066 03022.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,2	0,32	0,1671	
metallothionein [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH7326 7.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,4	0,48	0,1671	
ABC transporter permease subunit [Dolichospermum flos-aquae]	WP_1938 47114.1	#DIV/0!	#DIV/0!	1	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,067	0,12	0,2	0,32	0,1671	
MULTISPECIE S: arsenosugar biosynthesis radical SAM protein ArsS [unclassified Limnithrix]	WP_1905 28636.1	0	#DIV/0!	0	2	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,1671	
hypothetical protein [Nostoc sp. FACHB-280]	WP_1909 80648.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,2	0,32	0,1671	
OpgC domain-containing protein [Aphanizomenon flos-aquae]	WP_1903 82835.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,2	0,32	0,1671	
16S rRNA (adenine(1518)-N(6)/adenine(1519)-N(6))-dimethyltransferase RsmA [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_2062 67314.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	6	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,333	0,444	0,1671	
MULTISPECIE S: filamentous hemagglutinin N-terminal domain-containing protein [Nostoc]	WP_1909 57386.1	3	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,1671

## Tabella Supplementare F

ATP-dependent helicase [Phormidesmis priestleyi]	PZO51894 .1	0	2	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,1671
DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [Phormidium ambiguum IAM M-71]	OKH4076 8.1	1,25	0	2	0	0,66667	2	2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	3	3	3	2	0	3	0	0	0	0	0	2	2	2	2	1,533	1,43	1,933	0,498	0,1739				
hypothetical protein [Nostoc punctiforme]	WP_1909 49069.1	3	#DIV/0!	1	#DIV/0!	0,66667	1	1	1	0	0	0	3	3	3	0	0	0	3	3	3	2	2	2	3	3	3	2	3	1	0	0	0	2	2	2	1,8	0,83	1,4	1,28	0,1739	
hypothetical protein, partial [Kamptonema formosum]	WP_1937 89137.1	0	#DIV/0!	0,6	#DIV/0!	0	2	1	1	0	0	0	2	2	3	0	0	0	3	2	4	0	0	0	3	4	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0,8	0,96	1,333	1,156	0,1783
hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA [Halothece sp. PCC 7418]	WP_1501 07013.1	0,14286	1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	3	1	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0,4	0,53	0,667	0,8	0,1818		
hypothetical protein [Scytonema hofmannii]	WP_0296 33365.1	3	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	1	0	0	0	0	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,667	0,711	0,1818
Uncharacterized membrane protein [Prochlorococcus marinus subsp. marinus str. CCMP1375]	AAQ0065 4.1	0	1	3	3	1	1	1	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	3	1	5	1	1	1	1,2	0,75	0,867	0,347	0,1856
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_1909 69131.1	0,71429	3	1,2	0,5	4	4	4	2	1	1	1	4	4	4	2	3	1	1	1	1	2	1	2	3	3	3	4	5	3	1	1	1	4	4	4	2,733	1,12	2,267	1,253	0,1902	
VCBS domain-containing protein, partial [Synechococcus sp. BS56D]	WP_1314 57133.1	1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,4	0,587	0,192
chaperonin GroEL [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAH1674 6.1	1	0	1,5	#DIV/0!	2	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0,933	0,5	0,733	0,391	0,192	
calcium-binding protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF58822 .1	1	1	2	0	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0,933	0,5	0,733	0,391	0,192	
hypothetical protein, partial [Fortiea sp. LEGE XX443]	WP_1938 88631.1	2	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,6	0,72	0,4	0,48	0,192		

## Tabella Supplementare F

protein phosphatase 2C domain-containing protein [Cyanobacteria bacterium M5B4]	PLS67529.1	1,33333	#DIV/0!	0	2	#DIV/0!	1	1	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	2	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,867	0,69	0,667	0,533	0,192
hypothetical protein CBD48_04540 [Cyanobacteria bacterium TMED188]	Ouw5464 8.1	1,5	0,5	3	1	#DIV/0!	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	2	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0,8	0,43	0,6	0,72	0,192
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Nostocales]	WP_1906 72226.1	6	#DIV/0!	0,5	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,467	0,68	0,267	0,391	0,192	
TIGR04222 domain-containing membrane protein, partial [Coleofasciculus sp. LEGE 07092]	WP_1939 33148.1	1,5	#DIV/0!	0	0,66667	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	3	4	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1,2	0,64	1,4	0,88	0,192
MULTISPECIE S: bile acid:sodium symporter [unclassified Synechococcus]	WP_0945 86970.1	3	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,6	0,48	0,192	
hypothetical protein BRC33_02360 [Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58]	PSO50744 .1	6	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	0,33333	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,667	0,71	0,467	0,498	0,192	
toxin [Alkalinema sp. FACHB-956]	WP_1905 74486.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,333	0,444	0,1947		
calcium-binding protein [Tychonema sp. LEGE 06208]	WP_1940 70027.1	0	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	3	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0,4	0,48	0,667	0,8	0,1947	
ABC transporter permease subunit [Nostoc sp. NZL]	WP_1965 14145.1	1,5	1	1	0	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	0	0	0	3	4	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0,6	0,48	0,933	0,871	0,2014		
hypothetical protein [Anabaena sp. WA102]	WP_1999 24365.1	0,6	0	6	2	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	3	3	3	1	1	1	0	0	0	2	2	2	2	2	2	0	0	0	1	0,8	1,4	0,88	0,2026
hypothetical protein FD725_10840 [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE55980 .1	0	2	0,4286	0,42857	1,5	1	1	0	1	1	1	2	3	2	2	2	3	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	3	4	2	1,4	0,88	1,667	0,667	0,2063

### Tabella Supplementare F

phosphate ABC transporter permease PstA [Trichocoleus sp. FACHB-262]	WP_190562219.1	1,66667	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	1	0	0	0	2	2	3	0	0	0	0	0	2	1	2	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,533	0,64	0,8	0,96	0,2063	
MULTISPECIES: metallothionein [unclassified Trichocoleus]	WP_190444738.1	#DIV/0!	0	1,5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,667	0,711	0,2063			
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase, putative [Chroococcus sp. FPU101]	GFE68019.1	0	#DIV/0!	0	3	#DIV/0!	0	0	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	3	3	3	0	0	0	0,8	0,96	0,533	0,569	0,2063
hypothetical protein [Synechococcus sp. RSCCF101]	WP_191964937.1	0	3	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	3	3	3	0	0	0	0,8	0,96	0,467	0,498	0,2084
NAD(P) transhydrogenase subunit beta [Cyanobium sp.]	GDX7714.4.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0,16667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,467	0,684	0,2121		
plasmid mobilization relaxosome protein MobC [Nostoc sp. WHI]	WP_196521115.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	2	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,2	0,32	0,4	0,587	0,2121
hypothetical protein [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_191756929.1	1,5	0	#DIV/0!	0	1	0	0	0	2	1	2	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,467	0,622	0,2121		
serine/threonine phosphatase [Phormidium sp. FACHB-1136]	WP_190494001.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0,16667	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0,267	0,39	0,467	0,684	0,2121	
hypothetical protein [Nostoc calcicola]	WP_199343694.1	0	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	0,5	1	1	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0,667	0,44	0,867	0,693	0,2121	
AAA family ATPase [Cyanobacteria bacterium TMED229]	OYW98297.1	3	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0,467	0,68	0,267	0,391	0,2121	
hypothetical protein AFK68_11980 [Hydrocoleum sp. CS-953]	OZH54272.1	2	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,43	0,4	0,48	0,2166		
MULTISPECIES: Calvin cycle protein CP12 [Cyanobacteria]	WP_017661922.1	0	0,5	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0,333	0,44	0,467	0,684	0,2166		
hypothetical protein [Nostoc linckia]	WP_190655056.1	6	#DIV/0!	0,375	0,5	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	3	3	3	2	2	2	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1,4	0,48	1,067	1,147	0,2212		



### Tabella Supplementare F

RecQ family ATP-dependent DNA helicase [Leptolyngbya ectocarp]i	WP_1939 92136.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	3	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0,267	0,39	0,533	0,853	0,2259		
precorrin-8X methylmutase [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_1938 76592.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,2	0,32	0,4	0,64	0,2288			
VacB/RNase II family 3'-5' exoribonuclease [Nodosilinea sp. FACHB-131]	WP_1907 48585.1	3	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0,267	0,39	0,467	0,684	0,2288			
hypothetical protein, partial [Tychonema sp. LEGE 07203]	WP_1940 64630.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,2	0,32	0,4	0,64	0,2288			
Conserved hypothetical protein [Prochlorococcus marinus str. MIT 9301]	ABO1785 5.1	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	0	0	1	1	1	0	0	0	0,6	0,72	0,8	0,96	0,2288			
O-antigen ligase family protein [Synechococcus sp. CBW1107]	WP_1971 66391.1	0	3	1	0	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	1	1	1	0	0	0	0,8	0,96	0,6	0,48	0,2288		
hypothetical protein DSM106972_0 70380 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT0103 2.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,2	0,32	0,2288		
hypothetical protein [Anabaena azotica]	WP_1904 67456.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,2	0,32	0,2288		
CHAT domain- containing protein [Microcoleus sp. FACHB-DQ6]	WP_1907 37656.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,2	0,32	0,2288		
glycogen synthase GlgA [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_1938 81742.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,2	0,32	0,2288		
HNH endonuclease [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT0287 6.1	0,6	2	1,2	0,66667	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1,8	0,32	1,6	0,72	0,2288	
TIGR04222 domain- containing membrane protein [Microcoleus sp. FACHB-1515]	WP_1907 68689.1	0,6	3	0,5455	1	2,5	2	2	2	1	1	1	4	5	3	3	2	4	2	2	2	1	1	1	3	3	3	2	2	2	3	3	3	5	3	7	2,8	1,04	2,4	0,933	0,2396

## Tabella Supplementare F

hypothetical protein [Calothrix sp. FACHB-156]	WP_1905 86814.1	0,58333	0	0,8182	2,44444	1	3	3	1	8	6	7	4	3	5	3	2	4	4	4	3	3	1	3	0	0	0	3	2	4	8	7	7	4	2	5	3,267	2,05	4	1,333	0,2422	
2-isopropylmalate synthase [Cuspidothrix issatschenkoi]	WP_1939 35543.1	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0,267	0,39	0,467	0,684	0,243	
hypothetical protein FBB35_13420 [Nostoc sp. TCL240-02]	QKQ7419 0.1	0,75	1	0	2	0	1	1	1	2	2	3	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	2	3	2	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1,067	0,88	1,267	0,72	0,243	
hypothetical protein [Anabaena catenula]	WP_1909 06091.1	0	#DIV/0!	0,6	1,5	1	0	0	1	0	0	0	2	2	2	1	0	1	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1,2	0,64	1	0,8	0,243	
hypothetical protein [Anabaena azotica]	WP_1904 65368.1	0,5	1	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0,867	0,58	0,667	0,622	0,243	
magnesium/cobalt transporter CorA [Microcoleus sp. FACHB-61]	WP_1907 44226.1	1,5	#DIV/0!	1,5	0	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,6	0,72	0,243	
cation:proton antiporter [Cyanobacterium stanieri]	WP_1938 01724.1	0	0	#DIV/0!	1	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	2	0,467	0,68	0,267	0,391	0,243	
putative baseplate assembly protein [Nostoc sp. LEGE 12447]	WP_1941 44104.1	1,5	2	1,5	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,8	0,64	0,667	0,444	0,2493	
sugar transferase [Phormidium sp. FACHB-1136]	WP_1904 94981.1	0	#DIV/0!	0,75	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,533	0,711	0,2493	
cadmium-translocating P-type ATPase [Tychonema bourrellyi FEM_GT703]	PHX5640 9.1	0	#DIV/0!	1,8	0	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	0	0	0	0	0	0,6	0,96	0,733	0,684	0,2493		
hypothetical protein CYA_1118 [Synechococcus sp. JA-3-3Ab]	ABC9930 7.1	0	0	0	2	3	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0,6	0,72	0,467	0,498	0,2493
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sphaeroides]	WP_1525 90462.1	0,66667	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0,16667	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	1	1	0,4	0,733	0,88	0,2493	
hypothetical protein CFPU101_21440 [Chroococcus sp. FPU101]	GFE69534 .1	0,5	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	2	0,533	0,71	0,333	0,444	0,2551

## Tabella Supplementare F

MULTISPECIE S: hypothetical protein [Arthrospira]	WP_0066 16591.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	3	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0,6	0,72	0,4	0,48	0,2551		
RNA-binding protein [Desmonostoc muscorum]	WP_1939 18337.1	0	#DIV/0!	0,25	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0,667	0,44	0,467	0,684	0,2551		
TIGR04222 domain- containing membrane protein [Microcystis sp. LEGE 08355]	WP_1939 58709.1	0,66667	0,3	3	0,25	1	4	4	1	4	4	2	0	0	0	4	3	5	1	1	1	2	2	2	1	1	1	4	4	4	1	1	1	1	1	1	1,8	0,96	2,267	1,618	0,2567	
DUF1634 domain- containing protein [Trichocoleus sp. FACHB- 262]	WP_1905 59073.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	2	2	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,467	0,747	0,2657	
VTT domain- containing protein [Anabaena azotica]	WP_1904 71193.1	3	0	6	0	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,4	0,48	0,2657		
hypothetical protein CBD48_00990 [Cyanobacteria bacterium TMED188]	OOU5735 2.1	3	0,5	1,5	0,5	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1,2	0,32	1	0,8	0,2657		
hypothetical protein [Phormidium sp. CLA17]	WP_1715 74637.1	1	2,333333	0	0	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	3	3	3	2	3	1	0	0	0	1	1	0	3	2	2	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	0,93	1,333	0,978	0,2669	
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Trichocoleus sp. FACHB-46]	WP_1904 39383.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	3	3	3	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	5	5	0	0	0	0,933	1,49	1,4	1,12	0,2681	
adenosylcobina mide-GDP ribazoletransfera se [Pseudanabaena sp. FACHB- 1050]	WP_1905 75343.1	0	#DIV/0!	0,75	0,6	#DIV/0!	1	2	0	0	0	0	1	1	1	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0,6	0,48	0,733	0,684	0,2728
hypothetical protein FDUTEX481_0 9701 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKE99824 .1	0	0	3	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	1	1	1	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,533	0,569	0,2728		
glycosyl transferase [Cyanobacteria bacterium QS_9_48_30]	PSO91151 .1	3	3	0,6	1	0	0	0	1	0	1	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0,8	0,32	0,933	0,498	0,2728

## Tabella Supplementare F

hypothetical protein DSM106972_078880 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUS99186.1	1,5	1	0	1,5	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	0	2	0	0	0	3	3	3	0	0	0	1	0,93	0,867	0,578	0,2728
DUF2213 domain-containing protein [Phormidium sp. FACHB-592]	WP_190450542.1	3	0	0	1	2	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0,8	0,64	0,667	0,444	0,2728	
metal ABC transporter permease [Synechococcus sp. CBW1108]	WP_197151004.1	0	2	3	0	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,467	0,498	0,2728	
hypothetical protein [Dolichospermum sp. LEGE 00240]	WP_193891157.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0,2727	2	0	0	0	0	0	0	0	5	5	5	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1,067	0,5	1,4	1,44	0,2736	
hypothetical protein [Oscillatoria sp. FACHB-1407]	WP_190504398.1	3	0,5	0,75	#DIV/0!	1	1	1	0	2	2	2	4	5	3	0	0	0	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	3	1	2	2	2	1	1	1	1,8	0,75	1,533	1,173	0,2824	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. LEGE 06077]	WP_193892841.1	1,4	1,2	0,75	6	1	2	1	1	2	1	2	4	4	4	0	1	0	2	2	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2,067	0,12	1,867	0,96	0,2834
hypothetical protein AY600_02030, partial [Phormidium willei BDU 130791]	OAB55676.1	1,5	1	1,8	0,66667	0,5	1	1	1	2	2	1	1	1	1	3	4	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	2	3	3	3	2	2	2	1	1	1	1,933	0,5	1,733	0,684	0,2834
MULTISPECIES: methyltransferase domain-containing protein [unclassified Tychonema]	WP_194010246.1	1,57143	0	1,5	#DIV/0!	0,5	3	3	2	2	2	2	2	2	2	0	0	0	2	2	2	4	3	4	0	0	0	2	1	3	1	1	1	1	1	1	1,533	1,11	1,733	0,693	0,2834	
MULTISPECIES: four-helix bundle copper-binding protein [unclassified Calothrix]	WP_190632974.1	1,8	0	3	1	0	0	0	1	4	3	4	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	0	0	0	3	3	3	1	1	1	0	0	0	1,4	1,28	1,8	1,227	0,2853	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. FACHB-110]	WP_190684105.1	0	0	1,5	#DIV/0!	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0,6	0,72	0,8	0,64	0,2908	

## Tabella Supplementare F

DUF4114 domain-containing protein [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE56074 .1	0	0,666667	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	2	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0,333	0,44	0,4	0,533	0,2908				
FGGY-family carbohydrate kinase [Nostoc punctiforme]	WP_1993 41666.1	0	0	0	1	#DIV/0!	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0,6	0,72	0,8	0,64	0,2908					
DUF86 domain-containing protein [Hapalosiphon sp. MRB220]	WP_1997 80755.1	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,4	0,64	0,2908					
protein kinase [Pseudanabaena sp. ABRG5-3]	WP_1263 87156.1	0	#DIV/0!	0	6	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,2908				
hypothetical protein AUI36_18085 [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE52502 .1	3	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,2908					
MULTISPECIE S: DEAD/DEAH box helicase [Calothrix]	WP_1905 40066.1	6	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,2908					
hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA [Lyngbya aestuarii]	WP_0404 83559.1	0	1	0,5714	0	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	2	3	2	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	0	0	0	2	2	2	0,867	0,69	1,067	0,88	0,2975		
hypothetical protein DSM107003_2 6450 [Trichormus variabilis SAG 1403-4b]	RUS95983 .1	0	#DIV/0!	0,5	0,54545	3	0	0	1	0	0	0	1	1	1	4	2	5	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	1,4	0,88	1,2	0,987	0,2975		
hypothetical protein [Prochlorococcus marinus]	WP_1937 41440.1	1	#DIV/0!	2	0	0,5	2	2	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	0,4	1,133	0,578	0,3051
FecR domain-containing protein [Pseudanabaena sp. FACHB-723]	WP_1904 04590.1	3	#DIV/0!	0,75	#DIV/0!	0,5	0	0	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0,867	0,924	0,3051			
VCBS repeat-containing protein [Nostoc sp. NZL]	WP_1965 11022.1	0,75	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	2	2	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0,8	0,64	0,667	0,622	0,3169			
hypothetical protein [Dolichospermum sp. LEGE 00246]	WP_1939 63495.1	0,83333	1	0,8571	1,33333	0,66667	3	3	1	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	3	2	1	2	2	1	3	2	2	2	4	5	3	2	2	2,333	0,76	2,467	0,569	0,3169				

## Tabella Supplementare F

ATP-binding cassette domain-containing protein [Microcystis elabens]	WP_190544280.1	0	0	3	2	0	0	0	2	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0,6	0,72	0,733	0,489	0,3169	
HAMP domain-containing protein [Cyanobacterium stanieri]	WP_193801032.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0,5	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0,267	0,39	0,4	0,64	0,3169			
hypothetical protein AY599_23435 [Leptolyngbya valderiana BDU 20041]	OAB60567.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,3169		
conserved domain protein [Synechococcus sp. JA-2-3B'a(2-13)]	ABD02215.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,3169		
hypothetical protein [Nostoc sp. CENA67]	WP_198123149.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,3169		
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Phormidium sp. FACHB-592]	WP_190447434.1	0	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0,6	0,72	0,467	0,498	0,3169
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcoleus sp. FACHB-1]	WP_190777630.1	1,5	3	0,375	2	0,13333	1	1	2	1	1	1	3	2	4	2	2	2	5	5	5	2	2	2	3	3	3	1	1	1	4	6	2	0	1	1	2,133	1,11	2,467	1,289	0,321
hypothetical protein DSM107003_50330 [Trichormus variabilis SAG 1403-4b]	RUS92467.1	0	0,5	3	0,5	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	2	2	2	2	3	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	2	0	4	1,2	0,8	1,4	0,773	0,3236
hypothetical protein BRC33_01555 [Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58]	PSO51060.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0,267	0,39	0,4	0,64	0,3267		
trypsin-like peptidase domain-containing protein [Trichocoleus sp. FACHB-90]	WP_190444534.1	0	0	#DIV/0!	6	#DIV/0!	1	1	2	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,533	0,569	0,3267		
DUF2207 domain-containing protein [Aulosira sp. FACHB-615]	WP_190872265.1	0	1	4,5	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	3	4	2	0	0	0	0	0	0,8	0,96	0,667	0,444	0,3267		

## Tabella Supplementare F

TIGR04222 domain-containing membrane protein, partial [Fischerella thermalis]	WP_1460 05577.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,6	0,72	0,467	0,56	0,3267	
C4-dicarboxylate ABC transporter [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ4257 1.1	6	#DIV/0!	0	0	0,5	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,8	0,64	0,667	0,711	0,3267	
DUF411 domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-711]	WP_1992 96469.1	0	2	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	2	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0,8	0,64	0,667	0,533	0,3267	
phosphate ABC transporter permease [Nostocales cyanobacterium]	TAE61232 .1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0,4	0,64	0,267	0,391	0,3267		
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Pseudanabaena sp. lw0831]	WP_2013 23554.1	6	1	0,9	0,25	1	0	0	0	1	1	1	3	4	2	4	4	4	2	2	2	2	2	2	1	1	1	3	3	3	1	1	1	2	2	2	1,8	0,64	2	1,2	0,3277	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_1909 69109.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	3	2	4	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,8	0,96	0,6	0,48	0,3277	
hypothetical protein CFP101_3023 0 [Chroococcus sp. FPU101]	GFE70413 .1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0,4	0,48	0,533	0,711	0,3351	
hypothetical protein [Vulcanococcus limneticus]	WP_1985 37914.1	1,66667	0	1,2	1	1	2	2	1	0	1	0	2	2	2	1	0	2	1	1	1	2	1	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1,133	0,58	1,2	0,64	0,3351	
DUF4114 domain-containing protein [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_1917 57095.1	3	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,48	0,467	0,684	0,3351
MULTISPECIE S: hypothetical protein [unclassified Tychonema]	WP_1940 12090.1	1	0	3	#DIV/0!	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0,8	0,64	0,667	0,444	0,3351	
MULTISPECIE S: protein translocase subunit SecD [Cyanobacteria]	WP_1904 54961.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,133	0,231	0,3351	

## Tabella Supplementare F

TIGR04222 domain-containing membrane protein [Iningainema tapete]	WP_190833550.1	2,4	0	1	0	2	3	3	1	1	2	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	4	4	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1,4	1,28	1,267	0,56	0,3424	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Fortiea sp. LEGE XX443]	WP_193886216.1	1	0	1,5	1,8	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	2	1	1	0	0	0	0	2	2	2	3	3	3	0	0	0	1,133	1,09	1,267	0,489	0,3488	
hypothetical protein [Okeania sp. KiyG1]	WP_202219676.1	0,4	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	1	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,533	0,71	0,667	0,8	0,3488	
MULTISPECIE S: hypothetical protein [Nostoc]	WP_190954404.1	0,42857	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	5	3	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,8	0,32	1	1,2	0,3551
CHAT domain-containing protein [Plectonema radiusum]	WP_193924565.1	0	1	0	3	#DIV/0!	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0,467	0,5	0,533	0,498	0,3596	
bile acid:sodium symporter [Cyanobium sp.]	PZV01523.1	0	0	1	2	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	0	0	0,467	0,68	0,4	0,48	0,3596		
hypothetical protein GFS31_23850 [Leptolyngbya sp. BL0902]	QQE65697.1	0	#DIV/0!	1,5	0,5	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0,4	0,48	0,467	0,684	0,3596		
UPF0182 protein [Cyanobium sp.]	GDX76406.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0,32	0,267	0,391	0,3596		
hypothetical protein [Anabaena catenula]	WP_190905422.1	0	2	0,375	9	1	2	2	1	1	1	1	4	5	3	0	1	0	1	1	1	0	0	0	2	1	3	1	1	1	3	3	3	1	1	1	1,4	0,93	1,6	1,067	0,3617	
hypothetical protein EAZ18_13075 [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG93126.1	0	#DIV/0!	3	#DIV/0!	0	3	2	3	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0,8	0,64	0,933	0,747	0,3722	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. FACHB-280]	WP_190978702.1	1,5	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	1	3	3	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,733	0,782	0,3722	
hypothetical protein DSM106972_087480 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUS96561.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,96	0,467	0,498	0,3722	





## Tabella Supplementare F

hypothetical protein [Okeania sp. KiyG1]	WP_202220454.1	0	#DIV/0!	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,667	0,444	0,3961		
mechanosensitive ion channel family protein, partial [Nostocales cyanobacterium]	TAF04346.1	0	0	#DIV/0!	6	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,333	0,444	0,3961
Na/Pi symporter [Coleofasciculus sp. FACHB-SPT9]	WP_190688216.1	2	#DIV/0!	0,25	#DIV/0!	#DIV/0!	1	2	1	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0,6	0,56	0,667	0,8	0,4031		
filamentous hemagglutinin N-terminal domain-containing protein [Leptolyngbya ectocarpus]	WP_193993648.1	0,4	0,8	1,5	0,6	1	1	1	0	4	2	4	2	2	2	2	2	1	2	2	2	1	0	1	3	3	2	3	3	3	1	1	1	2	1	3	1,867	0,94	1,933	0,631	0,4031		
hypothetical protein AY599_07790 [Leptolyngbya valderiana BDU 20041]	OAB60310.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	3	2	2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,4	0,48	0,467	0,622	0,4031		
metallothionein [Thermosynechococcus elongatus PKUAC-SCTE542]	AXY67778.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,333	0,444	0,4089	
rubredoxin [Leptolyngbya sp.]	PZV21555.1	6	#DIV/0!	0	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,333	0,444	0,4089	
ATP-binding cassette domain-containing protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG70290.1	3	#DIV/0!	0	#DIV/0!	0,5	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0,8	0,64	0,733	0,684	0,4137		
MULTISPECIES: hypothetical protein, partial [Nostoc]	WP_190958200.1	1	1,2	0,6	2	2	5	5	2	2	1	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	0,4	1,933	0,871	0,4137		
hypothetical protein [Dolichospermum sp. LEGE 00246]	WP_193962215.1	0	#DIV/0!	6	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,467	0,498	0,4137		
glycosyltransferase [Microcoleus sp. FACHB-831]	WP_190489833.1	0	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0,4	0,64	0,467	0,498	0,4137			
hypothetical protein [Limnoraphis robusta]	WP_200906280.1	1	1	0,4286	0,5	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	2	2	3	2	2	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1,2	0,32	1,267	0,72	0,4179	

## Tabella Supplementare F

hypothetical protein [Coleofasciculus sp. LEGE 07092]	WP_1939 33278.1	0	#DIV/0!	0	3	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,6	0,72	0,533	0,498	0,4179	
MULTISPECIE S: MAPEG family protein [unclassified Leptolyngbya]	WP_1907 75824.1	0	#DIV/0!	3	0	#DIV/0!	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,467	0,684	0,4247		
hypothetical protein [Microcoleus sp. FACHB-1]	WP_1907 79833.1	0	0,5	1,5	3	0,16667	0	0	1	2	2	2	0	0	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	1	0	2	1	1	1	3	3	3	0	1	0	1,067	0,9	1,133	0,693	0,43	
sodium dependent transporter [Cylindrospermum sp. FACHB-282]	WP_1904 61458.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,533	0,711	0,43		
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Coleofasciculus sp. FACHB-1120]	WP_1908 19608.1	0,6	#DIV/0!	0	0	1	2	2	3	0	0	0	1	1	1	0	1	0	2	2	2	1	1	1	3	3	3	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1,2	1,04	1,133	0,827	0,438	
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Trichocoleus sp. FACHB-46]	WP_1904 39170.1	0,75	0	0,6	4,33333	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	5	4	4	1	1	1	1,467	1,15	1,4	0,48	0,4461		
TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcystis aeruginosa]	WP_0522 75533.1	0,28571	0,272727	1,6667	0,5	#DIV/0!	2	2	1	4	4	3	2	2	2	2	1	3	0	0	0	1	0	1	1	1	1	3	3	4	1	1	1	3	1	5	1,8	1,2	1,867	0,978	0,4558	
hypothetical protein [Nostoc sp. CENA67]	WP_1981 23149.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	0,2	2	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	5	5	5	0	0	0	0	0	0	3	3	3	4	4	4	1	1	1	1,6	1,52	1,533	1,511	0,4674	
30S ribosome-binding factor RbfA [Synechococcus sp. BMK-MC-1]	WP_0119 34106.1	0	#DIV/0!	1,5	#DIV/0!	#DIV/0!	2	3	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0,6	0,48	0,6	0,72	0,5
hypothetical protein AUI36_40745, partial [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE11244 .1	1	0	3	#DIV/0!	#DIV/0!	2	2	1	2	1	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	1	2	0	0	0	2	1	3	0	0	0	1	1	1	0,933	0,75	0,933	0,747	0,5	
hypothetical protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_2062 62895.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0,6	0,72	0,6	0,72	0,5	

## Tabella Supplementare F

polysaccharide deacetylase family protein [Sphaerosperopsis aphanizomenoides]	WP_200319533.1	1,2	#DIV/0!	1	1	1	4	4	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	3	3	3	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	1	5	1,6	0,8	1,6	1,2	0,5											
alpha/beta fold hydrolase, partial [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF56517.1	0,5	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	2	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	1	1	1	0,733	0,68	0,733	0,587	0,5								
hypothetical protein [Anabaena catenula]	WP_190907675.1	1,5	#DIV/0!	1,8	0	1	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	0	0	0	0	3	3	3	0	0	0	1	1	1	1,2	1,04	1,2	0,64	0,5									
MULTISPECIES: late competence development ComFB family protein [unclassified Synechocystis]	WP_190598949.1	2	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,4	0,48	0,5					
MULTISPECIES: ATP-binding cassette domain-containing protein [unclassified Planktothricoides]	WP_190878551.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	1	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,6	0,72	0,6	0,48	0,5				
30S ribosomal protein S2 [Oxynema sp. CENA135]	WP_200668722.1	#DIV/0!	#DIV/0!	0	#DIV/0!	1	0	0	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,8	0,64	0,8	0,96	0,5			
(2Fe-2S)-binding protein [Nodosilinea sp. LEGE 07298]	WP_194021536.1	0	#DIV/0!	0	2	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,4	0,48	0,5			
cadmium resistance transporter [Sphaerosperopsis sp. LEGE 08334]	WP_194057069.1	0	0	6	0	#DIV/0!	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,4	0,48	0,5		
FAD-dependent oxidoreductase [Phormidium tenue]	WP_191129968.1	0	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	0	0	0	2	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,48	0,4	0,64	0,5	
membrane protein insertion efficiency factor YidD [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF59677.1	0	#DIV/0!	0	#DIV/0!	#DIV/0!	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,4	0,48	0,5
hypothetical protein [Anabaena lutea]	WP_190716725.1	0	#DIV/0!	#DIV/0!	#DIV/0!	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,4	0,64	0,4	0,48	0,5



## **Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression - Start time: 22/09/2021 at 13:12:52 / End time: 22/09/2021 at 13:12:54

Y / Features/Individuals table: Workbook = spiru protemics MetGliMicr- mod.xlsx / Sheet = spectral count / Range = 'spectral count'!\$B\$2:\$AF\$438 / 436 rows and 31 columns

X / Qualitative: Workbook = spiru protemics MetGliMicr- mod.xlsx / Sheet = spectral count / Range = 'spectral count'!\$AH\$5:\$AI\$35 / 30 rows and 2 columns

Test type: Parametric

Significance level (%): 5

p-values to keep: 438

Post-hoc

corrections:

None

### **Results for factor Control/GlyMPS:**

436 features with the lowest p-values (Control/GlyMPS):

Features	p-value	Significant	Control	GLY-MPS
QLE54565.1	<0,0001	Yes	2 (a)	0,600 (b)
WP_205127727.1	<0,0001	Yes	1,067 (a)	0,200 (b)
WP_193892838.1	<0,0001	Yes	1,400 (b)	2 (a)
WP_194031197.1	0,000	Yes	1,200 (a)	0,133 (b)
WP_069967271.1	0,000	Yes	2,067 (a)	0,400 (b)
WP_190646652.1	0,000	Yes	1 (a)	0,200 (b)
TAG72746.1	0,001	Yes	1,133 (a)	0,400 (b)
WP_194061020.1	0,001	Yes	0,333 (b)	1,200 (a)
PZV19156.1	0,001	Yes	0,333 (b)	1,200 (a)
WP_190641167.1	0,001	Yes	1,133 (a)	0,200 (b)
OUW29080.1	0,001	Yes	1 (a)	0,200 (b)
WP_190880604.1	0,001	Yes	0,267 (b)	1 (a)
EFA71962.1	0,002	Yes	0,467 (b)	1,400 (a)
RUT07331.1	0,002	Yes	1,933 (a)	0,533 (b)
PZV22156.1	0,002	Yes	0,400 (b)	1,200 (a)
WP_190552222.1	0,002	Yes	1,200 (a)	0,400 (b)
WP_190498022.1	0,002	Yes	1,067 (b)	2,333 (a)
WP_190544901.1	0,003	Yes	2,600 (a)	1,200 (b)
WP_204153929.1	0,003	Yes	1,400 (a)	0,533 (b)
WP_190509658.1	0,004	Yes	0,600 (b)	1,600 (a)
QQE65453.1	0,004	Yes	1,600 (a)	0,600 (b)
WP_190693781.1	0,004	Yes	0,400 (b)	1,200 (a)
KYC34998.1	0,005	Yes	0,467 (b)	1,400 (a)
WP_096647453.1	0,005	Yes	0,200 (b)	1 (a)
WP_194012652.1	0,005	Yes	0,200 (b)	1 (a)
WP_202799158.1	0,005	Yes	1,200 (b)	2 (a)
WP_190716776.1	0,005	Yes	0,867 (a)	0,200 (b)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_190877099.1	0,007	Yes	0,867 (a)	0,133 (b)
WP_202220192.1	0,009	Yes	0,667 (a)	0,200 (b)
WP_190533028.1	0,009	Yes	0,533 (b)	1,333 (a)
PSO50882.1	0,009	Yes	0 (b)	0,600 (a)
WP_172192413.1	0,009	Yes	0 (b)	0,600 (a)
WP_191130301.1	0,009	Yes	0 (b)	0,600 (a)
WP_199247786.1	0,009	Yes	0,400 (b)	1 (a)
WP_200989132.1	0,010	Yes	0,867 (a)	0,200 (b)
EFA69678.1	0,011	Yes	0,733 (b)	1,333 (a)
WP_190571708.1	0,011	Yes	0,933 (a)	0,333 (b)
WP_190687508.1	0,012	Yes	0,667 (b)	1,800 (a)
WP_194020073.1	0,013	Yes	0,200 (b)	0,800 (a)
WP_202925208.1	0,013	Yes	0,200 (b)	0,800 (a)
WP_190584281.1	0,013	Yes	0,600 (b)	1,400 (a)
PHX54282.1	0,013	Yes	0,800 (a)	0,200 (b)
WP_205370125.1	0,013	Yes	1,800 (a)	1,200 (b)
WP_190774509.1	0,013	Yes	1,267 (a)	0,333 (b)
WP_190798842.1	0,014	Yes	2 (a)	0,600 (b)
WP_206268896.1	0,015	Yes	1,200 (a)	0,400 (b)
WP_099076639.1	0,015	Yes	1 (a)	0,267 (b)
OAB59582.1	0,016	Yes	1 (a)	0,400 (b)
WP_071958170.1	0,019	Yes	1,067 (a)	0,267 (b)
WP_190540837.1	0,020	Yes	0,200 (b)	1,200 (a)
WP_198648846.1	0,021	Yes	1,200 (b)	2 (a)
WP_194029664.1	0,021	Yes	1,733 (a)	1 (b)
EKF01489.1	0,022	Yes	0,800 (a)	0,200 (b)
WP_190747056.1	0,024	Yes	0,067 (b)	0,600 (a)
WP_204140022.1	0,025	Yes	1,067 (a)	0,400 (b)
PZO37511.1	0,026	Yes	1,600 (a)	1 (b)
WP_190589965.1	0,027	Yes	3,333 (a)	2,333 (b)
WP_202225193.1	0,028	Yes	1 (a)	0,333 (b)
WP_190384620.1	0,029	Yes	0,533 (a)	0,067 (b)
WP_202925009.1	0,029	Yes	0,733 (a)	0,200 (b)
WP_201277660.1	0,029	Yes	0,733 (a)	0,200 (b)
WP_193873732.1	0,029	Yes	1,133 (a)	0,600 (b)
WP_190510841.1	0,029	Yes	0,800 (a)	0,267 (b)
WP_196513534.1	0,029	Yes	0,267 (b)	0,800 (a)
WP_190969110.1	0,031	Yes	1,200 (a)	0,400 (b)
RMG11410.1	0,033	Yes	1,400 (a)	0,733 (b)
WP_190440151.1	0,036	Yes	1 (b)	1,600 (a)
WP_202951037.1	0,039	Yes	0,667 (a)	0,200 (b)
WP_201278547.1	0,039	Yes	0,667 (a)	0,200 (b)
WP_115017691.1	0,039	Yes	1,467 (a)	1 (b)
RMG12678.1	0,039	Yes	0,533 (b)	1 (a)
TYQ25362.1	0,039	Yes	0,533 (b)	1 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_052288217.1	0,040	Yes	1,733 (a)	0,800 (b)
WP_190596242.1	0,043	Yes	0,733 (a)	0,200 (b)
KYC44207.1	0,043	Yes	0,733 (a)	0,200 (b)
WP_193969760.1	0,043	Yes	0,733 (a)	0,200 (b)
KAA0215022.1	0,043	Yes	0,733 (a)	0,200 (b)
WP_198016174.1	0,045	Yes	0,400 (a)	0 (b)
TAF62230.1	0,046	Yes	1,067 (a)	0,600 (b)
WP_193799404.1	0,047	Yes	1,200 (a)	0,467 (b)
WP_190670292.1	0,051	No	0,733 (a)	1,400 (a)
WP_206199749.1	0,052	No	0,600 (a)	0,067 (a)
WP_190476288.1	0,054	No	0,867 (a)	0,400 (a)
RMH71503.1	0,054	No	0,867 (a)	0,400 (a)
WP_146297278.1	0,054	No	0,600 (a)	0,133 (a)
WP_190791852.1	0,054	No	0,133 (a)	0,600 (a)
RMF27410.1	0,058	No	0,667 (a)	0,200 (a)
PXA98955.1	0,058	No	0,667 (a)	0,200 (a)
WP_039726390.1	0,058	No	0,333 (a)	0,800 (a)
WP_144036856.1	0,058	No	0,200 (a)	0,667 (a)
WP_190944756.1	0,058	No	0,800 (a)	0,267 (a)
TYQ26315.1	0,060	No	1 (a)	0,400 (a)
WP_190747360.1	0,066	No	1,600 (a)	2,600 (a)
WP_190560916.1	0,066	No	1,333 (a)	0,600 (a)
WP_202219585.1	0,067	No	1,467 (a)	0,600 (a)
WP_196516648.1	0,072	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_190721304.1	0,072	No	1,600 (a)	2 (a)
WP_190553273.1	0,072	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_143171001.1	0,072	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_197049567.1	0,072	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_199319264.1	0,072	No	0 (a)	0,400 (a)
WP_190545699.1	0,072	No	0 (a)	0,200 (a)
WP_193200787.1	0,072	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_206269233.1	0,072	No	1 (a)	0,600 (a)
WP_199924340.1	0,075	No	0,867 (a)	0,400 (a)
WP_206264729.1	0,077	No	1,533 (a)	1 (a)
WP_190406042.1	0,077	No	0,800 (a)	0,400 (a)
ABM75217.1	0,079	No	0,667 (a)	0,200 (a)
WP_190564595.1	0,081	No	0,667 (a)	0,267 (a)
WP_191760280.1	0,081	No	0,733 (a)	0,333 (a)
WP_190571189.1	0,081	No	1,333 (a)	0,933 (a)
WP_158199738.1	0,085	No	0,333 (a)	1 (a)
WP_016867120.1	0,087	No	0,067 (a)	0,467 (a)
AGZ05276.1	0,087	No	0,067 (a)	0,467 (a)
EKF03114.1	0,087	No	0,933 (a)	0,533 (a)
TAG88587.1	0,090	No	1,200 (a)	2,267 (a)
WP_190900847.1	0,091	No	1,067 (a)	0,467 (a)



**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

PZU92584.1	0,093	No	1,333 (a)	0,800 (a)
WP_191056339.1	0,098	No	0,133 (a)	0,533 (a)
RUT05617.1	0,099	No	1,467 (a)	0,733 (a)
WP_193999050.1	0,099	No	0,933 (a)	0,400 (a)
WP_198648972.1	0,099	No	0,800 (a)	0,333 (a)
WP_204140911.1	0,100	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_190461925.1	0,105	No	0,400 (a)	0,800 (a)
WP_199336902.1	0,105	No	0,200 (a)	0,600 (a)
WP_193869506.1	0,105	No	0,600 (a)	0,200 (a)
WP_199297987.1	0,105	No	0,600 (a)	0,200 (a)
WP_196524590.1	0,105	No	0,200 (a)	0,600 (a)
WP_144872369.1	0,105	No	0,200 (a)	0,600 (a)
TAG73743.1	0,105	No	0,400 (a)	0,800 (a)
PZV08091.1	0,105	No	0,200 (a)	0,600 (a)
PZO37072.1	0,109	No	0,467 (a)	1 (a)
WP_193980353.1	0,109	No	0,267 (a)	0,667 (a)
WP_193789136.1	0,109	No	0,667 (a)	1,067 (a)
WP_201280559.1	0,109	No	0,267 (a)	0,667 (a)
WP_193789138.1	0,109	No	0,267 (a)	0,667 (a)
WP_190871062.1	0,116	No	0,733 (a)	1,200 (a)
WP_168635090.1	0,116	No	2,067 (a)	1,467 (a)
OAB55551.1	0,121	No	0,267 (a)	0,800 (a)
WP_190717677.1	0,125	No	0,667 (a)	1 (a)
WP_052001668.1	0,125	No	0,667 (a)	1 (a)
WP_190700871.1	0,128	No	1,067 (a)	1,733 (a)
WP_193933351.1	0,133	No	0,600 (a)	0,200 (a)
PZV13151.1	0,133	No	0,200 (a)	0,600 (a)
WP_016868487.1	0,136	No	0,800 (a)	1,400 (a)
WP_190473364.1	0,144	No	2,533 (a)	3,133 (a)
WP_199248072.1	0,145	No	0,400 (a)	1 (a)
WP_205371333.1	0,148	No	0,600 (a)	0,267 (a)
WP_193858485.1	0,148	No	0,067 (a)	0,400 (a)
WP_190591707.1	0,148	No	1,533 (a)	1,067 (a)
WP_193935829.1	0,153	No	0,133 (a)	0 (a)
WP_190439790.1	0,153	No	1 (a)	0,600 (a)
WP_190838103.1	0,153	No	1 (a)	0,600 (a)
WP_198124303.1	0,153	No	0,600 (a)	1 (a)
WP_190774860.1	0,153	No	0,333 (a)	0,600 (a)
WP_199534183.1	0,157	No	1,133 (a)	1,800 (a)
QLE57491.1	0,162	No	1,867 (a)	0,933 (a)
TAF56591.1	0,162	No	0,667 (a)	1 (a)
WP_193981542.1	0,165	No	0,467 (a)	0,133 (a)
WP_190708778.1	0,165	No	0,133 (a)	0,467 (a)
WP_193887401.1	0,165	No	0,867 (a)	0,533 (a)
WP_190770488.1	0,165	No	0,133 (a)	0,467 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_194007700.1	0,168	No	0,933 (a)	1,067 (a)
PXA96576.1	0,176	No	1,667 (a)	1,200 (a)
WP_197725117.1	0,176	No	1,133 (a)	0,800 (a)
WP_190838519.1	0,176	No	0,800 (a)	0,467 (a)
WP_194070694.1	0,176	No	0,467 (a)	0,800 (a)
WP_186696554.1	0,183	No	0,400 (a)	0,800 (a)
TAG73547.1	0,183	No	0,600 (a)	0,200 (a)
TAF62521.1	0,183	No	0,267 (a)	0,600 (a)
KAB0241292.1	0,183	No	0,267 (a)	0,600 (a)
WP_193925652.1	0,183	No	0,267 (a)	0,600 (a)
WP_190492012.1	0,183	No	0,267 (a)	0,600 (a)
Q7V BX7.1	0,183	No	0,267 (a)	0,600 (a)
WP_190729224.1	0,183	No	0,267 (a)	0,600 (a)
QLE54702.1	0,183	No	0,600 (a)	0,267 (a)
PXA86880.1	0,183	No	0,733 (a)	0,400 (a)
WP_192216820.1	0,184	No	0,200 (a)	0,800 (a)
WP_193884858.1	0,184	No	0,200 (a)	0,800 (a)
EKF02417.1	0,188	No	1,333 (a)	0,867 (a)
WP_190747360.1	0,198	No	0,267 (a)	1 (a)
WP_190521021.1	0,201	No	0,600 (a)	1 (a)
TAH18555.1	0,204	No	1,133 (a)	0,600 (a)
WP_193996337.1	0,206	No	0,600 (a)	0,200 (a)
WP_102151917.1	0,206	No	0,200 (a)	0,600 (a)
WP_194021512.1	0,209	No	0,467 (a)	0,800 (a)
WP_190588513.1	0,216	No	0,400 (a)	0,733 (a)
OLE63410.1	0,216	No	0,267 (a)	0,600 (a)
WP_197673417.1	0,216	No	0,733 (a)	0,400 (a)
PZU95798.1	0,221	No	0,867 (a)	0,467 (a)
PZU96711.1	0,222	No	0,733 (a)	1,200 (a)
WP_190758235.1	0,234	No	0,533 (a)	0,933 (a)
WP_194000177.1	0,235	No	0,467 (a)	0,200 (a)
WP_190712296.1	0,236	No	2,133 (a)	1,533 (a)
WP_190592750.1	0,239	No	0,533 (a)	0,200 (a)
RMH77565.1	0,239	No	0,533 (a)	0,200 (a)
WP_190954404.1	0,239	No	0,267 (a)	0,800 (a)
WP_172353952.1	0,245	No	0,733 (a)	0,400 (a)
RMH73267.1	0,247	No	0,400 (a)	0,200 (a)
WP_190962043.1	0,247	No	0,533 (a)	0,267 (a)
WP_190797741.1	0,247	No	0,733 (a)	0,467 (a)
WP_190800491.1	0,252	No	0,333 (a)	0,600 (a)
WP_193969468.1	0,252	No	0,600 (a)	0,333 (a)
WP_190900166.1	0,256	No	1,333 (a)	1 (a)
TYQ31160.1	0,261	No	0,133 (a)	0,400 (a)
OLE52445.1	0,261	No	0,600 (a)	0,867 (a)
WP_193922440.1	0,261	No	0,133 (a)	0,400 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_190803977.1	0,261	No	1,067 (a)	0,800 (a)
WP_206044161.1	0,266	No	0,533 (a)	0,200 (a)
WP_194030541.1	0,266	No	0,800 (a)	0,467 (a)
PLS69632.1	0,271	No	0,467 (a)	0,267 (a)
WP_193789137.1	0,273	No	1,333 (a)	0,800 (a)
WP_200323316.1	0,273	No	3,333 (a)	2,800 (a)
WP_190620186.1	0,277	No	0,467 (a)	0,200 (a)
EKQ66779.1	0,277	No	0,467 (a)	0,200 (a)
PZO36329.1	0,277	No	0,467 (a)	0,200 (a)
WP_206603022.1	0,277	No	0,200 (a)	0,467 (a)
ABD03086.1	0,277	No	0,200 (a)	0,467 (a)
WP_190980648.1	0,277	No	0,200 (a)	0,467 (a)
WP_190382835.1	0,277	No	0,200 (a)	0,467 (a)
WP_190801074.1	0,278	No	1,600 (a)	1,133 (a)
WP_006617342.1	0,279	No	0,333 (a)	0,067 (a)
WP_199924365.1	0,279	No	1,400 (a)	1 (a)
PZV25070.1	0,279	No	1,067 (a)	1,333 (a)
WP_190630267.1	0,291	No	1,133 (a)	0,800 (a)
WP_192222529.1	0,292	No	0,600 (a)	0,333 (a)
WP_190444738.1	0,292	No	0,667 (a)	0,400 (a)
RMH74547.1	0,292	No	0,667 (a)	0,400 (a)
WP_190574486.1	0,292	No	0,333 (a)	0,600 (a)
WP_206267314.1	0,292	No	0,333 (a)	0,600 (a)
WP_006619225.1	0,292	No	0,333 (a)	0,600 (a)
WP_190954840.1	0,296	No	0,733 (a)	0,400 (a)
WP_193847114.1	0,299	No	0,200 (a)	0,067 (a)
WP_190957740.1	0,301	No	1,733 (a)	1,333 (a)
WP_190516899.1	0,326	No	0,667 (a)	0,400 (a)
WP_199337411.1	0,326	No	0,667 (a)	0,400 (a)
WP_190621335.1	0,326	No	0,600 (a)	0,333 (a)
PZU95647.1	0,326	No	0,667 (a)	0,400 (a)
EKF02772.1	0,327	No	1,467 (a)	1,133 (a)
WP_191964937.1	0,334	No	0,467 (a)	0,800 (a)
WP_196514145.1	0,338	No	0,933 (a)	0,600 (a)
AAQ00654.1	0,353	No	0,867 (a)	1,200 (a)
WP_194070027.1	0,356	No	0,667 (a)	0,400 (a)
WP_190483330.1	0,356	No	0,333 (a)	0,600 (a)
WP_190969131.1	0,356	No	2,267 (a)	2,733 (a)
WP_194023719.1	0,356	No	1,067 (a)	1,400 (a)
TAG97101.1	0,356	No	0,267 (a)	0,600 (a)
WP_190655056.1	0,356	No	1,067 (a)	1,400 (a)
TAH16746.1	0,364	No	0,733 (a)	0,933 (a)
TAF58822.1	0,364	No	0,733 (a)	0,933 (a)
WP_131457133.1	0,367	No	0,400 (a)	0,200 (a)
WP_196521115.1	0,367	No	0,400 (a)	0,200 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_199332213.1	0,379	No	2,200 (a)	2,600 (a)
WP_190586814.1	0,382	No	4 (a)	3,267 (a)
WP_152590462.1	0,382	No	0,733 (a)	1 (a)
WP_191756929.1	0,382	No	0,467 (a)	0,267 (a)
WP_190949069.1	0,390	No	1,400 (a)	1,800 (a)
OKH40768.1	0,393	No	1,933 (a)	1,533 (a)
WP_193992136.1	0,403	No	0,533 (a)	0,267 (a)
WP_029633365.1	0,405	No	0,667 (a)	0,400 (a)
WP_150107013.1	0,405	No	0,667 (a)	0,400 (a)
WP_193876592.1	0,410	No	0,400 (a)	0,200 (a)
WP_194064630.1	0,410	No	0,400 (a)	0,200 (a)
RUT02876.1	0,410	No	1,600 (a)	1,800 (a)
RUT01032.1	0,410	No	0,200 (a)	0,400 (a)
WP_190467456.1	0,410	No	0,200 (a)	0,400 (a)
WP_190737656.1	0,410	No	0,200 (a)	0,400 (a)
WP_190970394.1	0,410	No	0,200 (a)	0,400 (a)
WP_193881742.1	0,410	No	0,200 (a)	0,400 (a)
WP_193958709.1	0,410	No	2,267 (a)	1,800 (a)
WP_190871063.1	0,420	No	2,800 (a)	2,267 (a)
WP_193935543.1	0,422	No	0,467 (a)	0,267 (a)
WP_069965115.1	0,422	No	0,467 (a)	0,267 (a)
GDX77144.1	0,422	No	0,467 (a)	0,267 (a)
WP_190748585.1	0,422	No	0,467 (a)	0,267 (a)
WP_190494001.1	0,422	No	0,467 (a)	0,267 (a)
OUW98297.1	0,422	No	0,267 (a)	0,467 (a)
WP_193801724.1	0,422	No	0,267 (a)	0,467 (a)
WP_190672226.1	0,422	No	0,267 (a)	0,467 (a)
WP_171574637.1	0,423	No	1,333 (a)	1 (a)
GFE69534.1	0,429	No	0,333 (a)	0,533 (a)
PSO50744.1	0,429	No	0,467 (a)	0,667 (a)
WP_193918337.1	0,429	No	0,467 (a)	0,667 (a)
WP_199343694.1	0,429	No	0,867 (a)	0,667 (a)
WP_193813792.1	0,432	No	0,600 (a)	0,400 (a)
WP_006616591.1	0,432	No	0,400 (a)	0,600 (a)
WP_190471193.1	0,432	No	0,400 (a)	0,600 (a)
WP_190586329.1	0,435	No	2 (a)	1,600 (a)
WP_190632974.1	0,437	No	1,800 (a)	1,400 (a)
WP_190768689.1	0,437	No	2,400 (a)	2,800 (a)
WP_190562219.1	0,438	No	0,800 (a)	0,533 (a)
WP_190439383.1	0,440	No	1,400 (a)	0,933 (a)
OUW54648.1	0,445	No	0,600 (a)	0,800 (a)
OUW57352.1	0,451	No	1 (a)	1,200 (a)
GFE68019.1	0,456	No	0,533 (a)	0,800 (a)
OLE01882.1	0,461	No	1,533 (a)	1,333 (a)
WP_190465368.1	0,461	No	0,667 (a)	0,867 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

PLS67529.1	0,461	No	0,667 (a)	0,867 (a)
GDX72432.1	0,461	No	1,333 (a)	1,533 (a)
QLE55980.1	0,463	No	1,667 (a)	1,400 (a)
WP_193888631.1	0,463	No	0,400 (a)	0,600 (a)
WP_094586970.1	0,463	No	0,600 (a)	0,400 (a)
WP_190744226.1	0,463	No	0,600 (a)	0,400 (a)
WP_190559073.1	0,484	No	0,467 (a)	0,267 (a)
WP_198649076.1	0,494	No	1,267 (a)	1,600 (a)
OAB55676.1	0,499	No	1,733 (a)	1,933 (a)
WP_190684105.1	0,500	No	0,800 (a)	0,600 (a)
WP_199341666.1	0,500	No	0,800 (a)	0,600 (a)
OZH54272.1	0,514	No	0,400 (a)	0,267 (a)
WP_199780755.1	0,514	No	0,400 (a)	0,600 (a)
WP_190906091.1	0,526	No	1 (a)	1,200 (a)
PSO91151.1	0,532	No	0,933 (a)	0,800 (a)
WP_193891157.1	0,533	No	1,400 (a)	1,067 (a)
AXY67300.1	0,541	No	0,333 (a)	0,200 (a)
WP_191758906.1	0,541	No	0,333 (a)	0,200 (a)
WP_190777630.1	0,555	No	2,467 (a)	2,133 (a)
WP_190504398.1	0,556	No	1,533 (a)	1,800 (a)
ABO17855.1	0,559	No	0,800 (a)	0,600 (a)
WP_197166391.1	0,559	No	0,600 (a)	0,800 (a)
WP_040483559.1	0,564	No	1,067 (a)	0,867 (a)
WP_193892841.1	0,564	No	1,867 (a)	2,067 (a)
QKQ74190.1	0,573	No	1,267 (a)	1,067 (a)
WP_193933148.1	0,574	No	1,400 (a)	1,200 (a)
WP_190969109.1	0,574	No	0,600 (a)	0,800 (a)
WP_194144104.1	0,577	No	0,667 (a)	0,800 (a)
WP_190450542.1	0,577	No	0,667 (a)	0,800 (a)
WP_194012090.1	0,577	No	0,667 (a)	0,800 (a)
RUS92467.1	0,588	No	1,400 (a)	1,200 (a)
WP_190575343.1	0,590	No	0,733 (a)	0,600 (a)
WP_193801032.1	0,590	No	0,400 (a)	0,267 (a)
WP_190957386.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
WP_126387156.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
OAB60567.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
ABD02215.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
PZO51894.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
WP_198123149.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
WP_190528636.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
WP_190540066.1	0,590	No	0,267 (a)	0,400 (a)
WP_017661922.1	0,597	No	0,467 (a)	0,333 (a)
GFE70413.1	0,601	No	0,533 (a)	0,400 (a)
WP_190494981.1	0,601	No	0,533 (a)	0,400 (a)
WP_191757095.1	0,601	No	0,467 (a)	0,600 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_197151004.1	0,601	No	0,467 (a)	0,600 (a)
ABC99307.1	0,601	No	0,467 (a)	0,600 (a)
WP_190447434.1	0,601	No	0,467 (a)	0,600 (a)
WP_193741440.1	0,606	No	1,133 (a)	1 (a)
WP_199296469.1	0,606	No	0,667 (a)	0,800 (a)
WP_190404590.1	0,606	No	0,867 (a)	1 (a)
WP_190544280.1	0,616	No	0,733 (a)	0,600 (a)
PSO51060.1	0,616	No	0,400 (a)	0,267 (a)
TAE61232.1	0,616	No	0,267 (a)	0,400 (a)
OLE52502.1	0,616	No	0,267 (a)	0,400 (a)
WP_146005577.1	0,626	No	0,467 (a)	0,600 (a)
EKE99824.1	0,626	No	0,533 (a)	0,400 (a)
WP_190444534.1	0,626	No	0,533 (a)	0,400 (a)
WP_196511022.1	0,630	No	0,667 (a)	0,800 (a)
WP_190454961.1	0,638	No	0,133 (a)	0,200 (a)
WP_194010246.1	0,645	No	1,733 (a)	1,533 (a)
RAQ42571.1	0,650	No	0,667 (a)	0,800 (a)
WP_201323554.1	0,652	No	2 (a)	1,800 (a)
WP_190954404.1	0,652	No	1 (a)	0,800 (a)
WP_190905422.1	0,670	No	1,600 (a)	1,400 (a)
RUS95983.1	0,672	No	1,200 (a)	1,400 (a)
WP_193963495.1	0,677	No	2,467 (a)	2,333 (a)
WP_202219676.1	0,677	No	0,667 (a)	0,533 (a)
GDX76406.1	0,679	No	0,267 (a)	0,200 (a)
TAG93126.1	0,692	No	0,933 (a)	0,800 (a)
WP_190978702.1	0,699	No	0,733 (a)	0,600 (a)
RUS96561.1	0,704	No	0,467 (a)	0,600 (a)
WP_190872265.1	0,706	No	0,667 (a)	0,800 (a)
WP_193886216.1	0,711	No	1,267 (a)	1,133 (a)
PZO45017.1	0,716	No	1,067 (a)	1 (a)
RUS99186.1	0,716	No	0,867 (a)	1 (a)
WP_193924565.1	0,726	No	0,533 (a)	0,467 (a)
PHX56409.1	0,729	No	0,733 (a)	0,600 (a)
AMA08056.1	0,749	No	0,333 (a)	0,400 (a)
QLE56074.1	0,749	No	0,400 (a)	0,333 (a)
RUR74499.1	0,754	No	0,733 (a)	0,800 (a)
WP_190878376.1	0,765	No	0,333 (a)	0,267 (a)
WP_194028531.1	0,765	No	0,333 (a)	0,267 (a)
WP_190833550.1	0,769	No	1,267 (a)	1,400 (a)
WP_190734483.1	0,776	No	0,533 (a)	0,600 (a)
OAB60310.1	0,776	No	0,467 (a)	0,400 (a)
WP_190757075.1	0,776	No	1,733 (a)	1,800 (a)
WP_193890553.1	0,778	No	0,533 (a)	0,467 (a)
WP_202220454.1	0,790	No	0,667 (a)	0,600 (a)
RUT00757.1	0,790	No	0,333 (a)	0,400 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

WP_194015261.1	0,790	No	0,600 (a)	0,667 (a)
TAF04346.1	0,790	No	0,333 (a)	0,400 (a)
AXY67778.1	0,790	No	0,333 (a)	0,400 (a)
WP_200906280.1	0,793	No	1,267 (a)	1,200 (a)
PZV01523.1	0,793	No	0,400 (a)	0,467 (a)
WP_193962215.1	0,793	No	0,467 (a)	0,400 (a)
WP_190489833.1	0,793	No	0,467 (a)	0,400 (a)
QQE65697.1	0,793	No	0,467 (a)	0,400 (a)
WP_194014177.1	0,793	No	0,533 (a)	0,600 (a)
WP_193933278.1	0,793	No	0,533 (a)	0,600 (a)
PZV21555.1	0,804	No	0,333 (a)	0,400 (a)
WP_198537914.1	0,812	No	1,200 (a)	1,133 (a)
GDX73528.1	0,812	No	0,867 (a)	0,800 (a)
TAG70290.1	0,818	No	0,733 (a)	0,800 (a)
WP_190688216.1	0,826	No	0,667 (a)	0,600 (a)
WP_190775824.1	0,828	No	0,467 (a)	0,400 (a)
WP_190461458.1	0,828	No	0,533 (a)	0,600 (a)
WP_190779833.1	0,858	No	1,133 (a)	1,067 (a)
WP_193993648.1	0,863	No	1,933 (a)	1,867 (a)
WP_190958200.1	0,863	No	1,933 (a)	2 (a)
WP_190819608.1	0,870	No	1,133 (a)	1,200 (a)
WP_190439170.1	0,876	No	1,400 (a)	1,467 (a)
WP_052275533.1	0,895	No	1,867 (a)	1,800 (a)
WP_198123149.1	0,920	No	1,533 (a)	1,600 (a)
WP_011934106.1	1,000	No	0,600 (a)	0,600 (a)
OLE11244.1	1,000	No	0,933 (a)	0,933 (a)
WP_206262895.1	1,000	No	0,600 (a)	0,600 (a)
WP_200319533.1	1,000	No	1,600 (a)	1,600 (a)
TAF56517.1	1,000	No	0,733 (a)	0,733 (a)
WP_190907675.1	1,000	No	1,200 (a)	1,200 (a)
WP_190598949.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_190878551.1	1,000	No	0,600 (a)	0,600 (a)
WP_200668722.1	1,000	No	0,800 (a)	0,800 (a)
WP_194021536.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_194057069.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_191129968.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
TAF59677.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_190716725.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_196513064.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_199311020.1	1,000	No	0,400 (a)	0,400 (a)
WP_197285281.1	1,000	No	1,600 (a)	1,600 (a)
WP_026721322.1	1,000	No	0,800 (a)	0,800 (a)
WP_194007912.1	1,000	No	1 (a)	1 (a)
WP_190627032.1	1,000	No	0,800 (a)	0,800 (a)
WP_193991160.1	1,000	No	0,600 (a)	0,600 (a)

**Tabella Supplementare G:**

*Analisi statistica della "Differential expression" nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche rispetto ai campioni di controllo.*

---

WP_190669564.1	1,000	No	0,667 (a)	0,667 (a)
WP_190879952.1	1,000	No	0,733 (a)	0,733 (a)
WP_193882388.1	1,000	No	0,333 (a)	0,333 (a)
WP_199313512.1	1,000	No	0,533 (a)	0,533 (a)



**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

XLSTAT 2021.3.1.1187 - Heat maps - Start time: 21/09/2021 at 18:17:23 / End time: 21/09/2021 at 18:19:05

Center: Yes

Reduce: Yes

Color scale: Red to green through black

Color calibration: Automatic(Min: -1 / Max: 1)

Chart scaling factor: Width: 1 / Height: 1

Summary statistics:

Variable	Observations	Obs. with missing data	Obs. without missing data	Minimum	Maximum	Mean	Std. deviation
WP_200989132.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,730
WP_194031197.1	30	0	30	0,000	2,000	0,667	0,844
WP_204140022.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,828
WP_190646652.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,675
WP_071958170.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,959
QQE65453.1	30	0	30	0,000	3,000	1,100	0,995
WP_190641167.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,844
EKF01489.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,731
OUW29080.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,724
WP_190620186.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP_202951037.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,626
WP_190592750.1	30	0	30	0,000	3,000	0,367	0,765
WP_190877099.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,777
WP_205371333.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,626
WP_201278547.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,626
WP_190596242.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,730
WP_193996337.1	30	0	30	0,000	4,000	0,400	0,855
KYC44207.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,730
WP_193969760.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,730
WP_150107013.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,860
WP_099076639.1	30	0	30	0,000	3,000	0,633	0,850
TAG72746.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,626
WP_190774509.1	30	0	30	0,000	4,000	0,800	1,064
WP_190575343.1	30	0	30	0,000	2,000	0,667	0,661
WP_190838519.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP_193799404.1	30	0	30	0,000	3,000	0,833	1,020
WP_205127727.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
PHX54282.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,682
WP_193924565.1	30	0	30	0,000	1,000	0,500	0,509
WP_190944756.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,776
WP_190476288.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

WP_202219585.1	30	0	30	0,000	5,000	1,033	1,299
WP_206044161.1	30	0	30	0,000	3,000	0,367	0,809
WP_202925009.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP_193869506.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_190621335.1	30	0	30	0,000	3,000	0,467	0,730
WP_201277660.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP_193935829.1	30	0	30	0,000	1,000	0,067	0,254
WP_193969468.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,629
WP_190384620.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,596
TYQ26315.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,877
QLE54702.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_193933351.1	30	0	30	0,000	3,000	0,400	0,724
WP_190962043.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,621
AXY67300.1	30	0	30	0,000	2,000	0,267	0,583
WP_190564595.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,629
WP_190878376.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,596
WP_194028531.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,596
KAA0215022.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,730
WP_193992136.1	30	0	30	0,000	3,000	0,400	0,855
RMF27410.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
PZO37511.1	30	0	30	0,000	3,000	1,300	0,750
WP_202220192.1	30	0	30	0,000	1,000	0,433	0,504
WP_193789137.1	30	0	30	0,000	4,000	1,067	1,311
WP_204153929.1	30	0	30	0,000	3,000	0,967	0,850
WP_011934106.1	30	0	30	0,000	3,000	0,600	0,724
RUT07331.1	30	0	30	0,000	4,000	1,233	1,305
WP_052288217.1	30	0	30	0,000	5,000	1,267	1,258
TAG93126.1	30	0	30	0,000	3,000	0,867	0,900
WP_190571708.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP_194070027.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,776
WP_199924340.1	30	0	30	0,000	3,000	0,633	0,718
WP_190969110.1	30	0	30	0,000	4,000	0,800	1,031
WP_198648972.1	30	0	30	0,000	3,000	0,567	0,774
WP_193999050.1	30	0	30	0,000	2,000	0,667	0,884
WP_190544901.1	30	0	30	0,000	5,000	1,900	1,373
WP_190801074.1	30	0	30	0,000	4,000	1,367	1,159
QLE54565.1	30	0	30	0,000	3,000	1,300	0,988
RMG11410.1	30	0	30	0,000	3,000	1,067	0,868
WP_190803977.1	30	0	30	0,000	2,000	0,933	0,640
WP_190798842.1	30	0	30	0,000	6,000	1,300	1,601
TAF62230.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,648
WP_069967271.1	30	0	30	0,000	4,000	1,233	1,357
RUT05617.1	30	0	30	0,000	4,000	1,100	1,213
AMA08056.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,556
PXA98955.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

RMH71503.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP 190688216.1	30	0	30	0,000	3,000	0,633	0,809
WP 190954840.1	30	0	30	0,000	3,000	0,567	0,858
WP 190716776.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP 194030541.1	30	0	30	0,000	3,000	0,633	0,809
WP 190900847.1	30	0	30	0,000	3,000	0,767	0,971
WP 193981542.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP 172353952.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,774
WP 193887401.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,651
PXA86880.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,679
WP 190406042.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,621
WP 190797741.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,621
WP 193873732.1	30	0	30	0,000	2,000	0,867	0,681
WP 193813792.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,682
EKE99824.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,730
PSO51060.1	30	0	30	0,000	3,000	0,333	0,711
WP 193935543.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 198016174.1	30	0	30	0,000	2,000	0,200	0,551
WP 199297987.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP 069965115.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
GDX77144.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 131457133.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,596
WP 193876592.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP 017661922.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP 146297278.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
EKQ66779.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 192222529.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
RMH77565.1	30	0	30	0,000	3,000	0,367	0,765
WP 196521115.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,596
WP 193890553.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,630
TAG73547.1	30	0	30	0,000	3,000	0,400	0,814
WP 190748585.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 190510841.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP 206199749.1	30	0	30	0,000	3,000	0,333	0,758
WP 191758906.1	30	0	30	0,000	2,000	0,267	0,583
WP 191756929.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,615
PZO36329.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 190494001.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 194064630.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP 006617342.1	30	0	30	0,000	3,000	0,200	0,664
WP 193993648.1	30	0	30	0,000	4,000	1,900	1,029
EFA69678.1	30	0	30	0,000	3,000	1,033	0,669
OLE11244.1	30	0	30	0,000	3,000	0,933	0,944
WP 197673417.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,728
TAH16746.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,592

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

QLE57491.1	30	0	30	0,000	7,000	1,400	1,812
WP 193886216.1	30	0	30	0,000	3,000	1,200	0,961
WP 040483559.1	30	0	30	0,000	3,000	0,967	0,928
OAB59582.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,702
WP 171574637.1	30	0	30	0,000	3,000	1,167	1,117
WP 168635090.1	30	0	30	0,000	4,000	1,767	1,040
QLE55980.1	30	0	30	0,000	4,000	1,533	0,973
WP 190562219.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,922
WP 190905422.1	30	0	30	0,000	5,000	1,500	1,253
WP 190734483.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,626
WP 190439383.1	30	0	30	0,000	5,000	1,167	1,621
QKQ74190.1	30	0	30	0,000	3,000	1,167	0,950
WP 206262895.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,814
PZU95798.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,884
WP 206269233.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
WP 190439790.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,761
WP 200323316.1	30	0	30	1,000	5,000	3,067	1,311
WP 190871063.1	30	0	30	0,000	6,000	2,533	1,776
WP 194144104.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,640
WP 190777630.1	30	0	30	0,000	6,000	2,300	1,512
WP 190632974.1	30	0	30	0,000	4,000	1,600	1,380
WP 201323554.1	30	0	30	0,000	4,000	1,900	1,185
WP 193933148.1	30	0	30	0,000	4,000	1,300	0,952
WP 200319533.1	30	0	30	0,000	5,000	1,600	1,248
WP 190586329.1	30	0	30	0,000	6,000	1,800	1,375
WP 197725117.1	30	0	30	0,000	3,000	0,967	0,669
WP 190712296.1	30	0	30	0,000	5,000	1,833	1,367
WP 199924365.1	30	0	30	0,000	3,000	1,200	0,997
WP 196516648.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
WP 190954404.1	30	0	30	0,000	5,000	0,900	1,185
WP 190560916.1	30	0	30	0,000	3,000	0,967	1,098
TAH18555.1	30	0	30	0,000	5,000	0,867	1,137
WP 200906280.1	30	0	30	0,000	3,000	1,233	0,679
WP 190552222.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,761
WP 196514145.1	30	0	30	0,000	4,000	0,767	0,935
TAG70290.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,774
PZU92584.1	30	0	30	0,000	4,000	1,067	0,868
WP 190559073.1	30	0	30	0,000	3,000	0,367	0,765
GFE70413.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
PZU95647.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,730
WP 094586970.1	30	0	30	0,000	3,000	0,500	0,731
ABM75217.1	30	0	30	0,000	3,000	0,433	0,728
WP 190444738.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP 190494981.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP 190516899.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,730

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

WP_029633365.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,860
WP_199337411.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,730
WP_199332213.1	30	0	30	1,000	6,000	2,400	1,221
WP_190586814.1	30	0	30	0,000	8,000	3,633	2,251
WP_193963495.1	30	0	30	1,000	5,000	2,400	0,855
WP_190958200.1	30	0	30	1,000	5,000	1,967	1,033
OLE01882.1	30	0	30	0,000	3,000	1,433	0,728
PXA96576.1	30	0	30	0,000	3,000	1,433	0,935
WP_190700871.1	30	0	30	0,000	5,000	1,400	1,192
WP_194007700.1	30	0	30	0,000	2,000	1,000	0,263
WP_190591707.1	30	0	30	0,000	4,000	1,300	0,877
WP_193891157.1	30	0	30	0,000	5,000	1,233	1,431
WP_052275533.1	30	0	30	0,000	5,000	1,833	1,341
EKF02417.1	30	0	30	0,000	3,000	1,100	0,960
WP_190900166.1	30	0	30	0,000	2,000	1,167	0,791
WP_194029664.1	30	0	30	0,000	3,000	1,367	0,890
RUS92467.1	30	0	30	0,000	4,000	1,300	0,988
RUR74499.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,568
WP_190906091.1	30	0	30	0,000	2,000	1,100	0,845
PZO45017.1	30	0	30	0,000	2,000	1,033	0,490
WP_190465368.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,728
EKF03114.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,640
WP_190630267.1	30	0	30	0,000	2,000	0,967	0,850
WP_190684105.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,794
WP_190744226.1	30	0	30	0,000	3,000	0,500	0,731
TAF56517.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,740
WP_191760280.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,629
WP_196524590.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
RUT02876.1	30	0	30	1,000	3,000	1,700	0,651
WP_190957740.1	30	0	30	0,000	3,000	1,533	1,042
WP_190717677.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,592
WP_205370125.1	30	0	30	1,000	3,000	1,500	0,682
WP_115017691.1	30	0	30	0,000	2,000	1,233	0,626
WP_190439170.1	30	0	30	0,000	5,000	1,433	1,135
WP_198537914.1	30	0	30	0,000	2,000	1,167	0,747
EKF02772.1	30	0	30	0,000	4,000	1,300	0,915
OKH40768.1	30	0	30	0,000	4,000	1,733	1,258
WP_196511022.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,740
WP_190571189.1	30	0	30	0,000	3,000	1,133	0,629
WP_193958709.1	30	0	30	0,000	5,000	2,033	1,520
WP_193892838.1	30	0	30	1,000	2,000	1,700	0,466
WP_190721304.1	30	0	30	1,000	3,000	1,800	0,610
WP_193892841.1	30	0	30	0,000	4,000	1,967	0,928
WP_190907675.1	30	0	30	0,000	3,000	1,200	0,997
TAF56591.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,648

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

OAB55676.1	30	0	30	1,000	4,000	1,833	0,791
WP_198649076.1	30	0	30	0,000	4,000	1,433	1,305
RUS95983.1	30	0	30	0,000	5,000	1,300	1,264
WP_190838103.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,761
WP_202219676.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,855
WP_202225193.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,844
GDX73528.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,747
PSO91151.1	30	0	30	0,000	2,000	0,867	0,571
QLE56074.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,556
WP_190598949.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_190878551.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,675
PHX56409.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	1,028
ABO17855.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,915
WP_190444534.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,730
WP_190969109.1	30	0	30	0,000	4,000	0,700	0,952
WP_199341666.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,794
WP_200668722.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,887
WP_190544280.1	30	0	30	0,000	2,000	0,667	0,711
RMH74547.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
RUS99186.1	30	0	30	0,000	3,000	0,933	0,980
PZV01523.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_194021536.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_190779833.1	30	0	30	0,000	3,000	1,100	0,995
WP_190957386.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
RUT00757.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
TYQ31160.1	30	0	30	0,000	2,000	0,267	0,640
WP_193962215.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_006616591.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,682
WP_190770488.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP_194057069.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
OAB60310.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,626
WP_193801032.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP_191129968.1	30	0	30	0,000	3,000	0,400	0,724
TAF59677.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
OZH54272.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,547
WP_194015261.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP_190716725.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_190775824.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,817
WP_196513064.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_199311020.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_190589965.1	30	0	30	1,000	6,000	2,833	1,262
WP_190969131.1	30	0	30	1,000	5,000	2,500	1,358
WP_190949069.1	30	0	30	0,000	3,000	1,600	1,248
WP_199343694.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,679
WP_197285281.1	30	0	30	0,000	4,000	1,600	1,329

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

WP_026721322.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
TAF58822.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,592
WP_206268896.1	30	0	30	0,000	3,000	0,800	0,925
WP_190819608.1	30	0	30	0,000	3,000	1,167	1,085
WP_198123149.1	30	0	30	0,000	5,000	1,567	1,775
WP_194023719.1	30	0	30	0,000	3,000	1,233	0,971
WP_194007912.1	30	0	30	0,000	2,000	1,000	0,643
WP_190473364.1	30	0	30	1,000	4,000	2,833	1,117
WP_190757075.1	30	0	30	1,000	3,000	1,767	0,626
WP_190833550.1	30	0	30	0,000	4,000	1,333	1,213
AAQ00654.1	30	0	30	0,000	5,000	1,033	0,964
WP_190588513.1	30	0	30	0,000	3,000	0,567	0,728
WP_190450542.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,640
WP_190871062.1	30	0	30	0,000	2,000	0,967	0,809
WP_190553273.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
WP_194010246.1	30	0	30	0,000	4,000	1,633	1,159
WP_190627032.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,664
WP_193991160.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,675
WP_190978702.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,922
WP_193741440.1	30	0	30	0,000	2,000	1,067	0,691
WP_190504398.1	30	0	30	0,000	5,000	1,667	1,213
WP_197166391.1	30	0	30	0,000	3,000	0,700	0,915
WP_190489833.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_191757095.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP_190669564.1	30	0	30	0,000	2,000	0,667	0,711
WP_193888631.1	30	0	30	0,000	3,000	0,500	0,731
WP_190872265.1	30	0	30	0,000	4,000	0,733	0,944
PLS67529.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,728
WP_196513534.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP_146005577.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,730
RAQ42571.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,785
WP_197151004.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP_190768689.1	30	0	30	1,000	7,000	2,600	1,380
WP_190747360.1	30	0	30	0,000	5,000	2,100	1,494
WP_199534183.1	30	0	30	0,000	4,000	1,467	1,279
WP_143171001.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
PZV25070.1	30	0	30	0,000	2,000	1,200	0,664
WP_206264729.1	30	0	30	0,000	2,000	1,267	0,828
WP_190670292.1	30	0	30	0,000	3,000	1,067	0,944
WP_199296469.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,691
RMG12678.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,626
WP_199247786.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,651
OUW54648.1	30	0	30	0,000	2,000	0,700	0,702
WP_190879952.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,785
WP_190687508.1	30	0	30	0,000	6,000	1,233	1,278

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

TYQ25362.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,626
RUS96561.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,937
WP_190747056.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
TAG97101.1	30	0	30	0,000	4,000	0,433	0,971
PLS69632.1	30	0	30	0,000	1,000	0,367	0,490
WP_206603022.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP_190800491.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,629
GFE69534.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
ABC99307.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP_193882388.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,606
WP_190574486.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
PSO50744.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,679
RMH73267.1	30	0	30	0,000	1,000	0,300	0,466
QQE65697.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_144872369.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_190471193.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,682
WP_193980353.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP_190461458.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,817
WP_199780755.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,820
WP_194014177.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,679
WP_190404590.1	30	0	30	0,000	2,000	0,933	0,691
TAF62521.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_190483330.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,776
WP_194000177.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,606
WP_198648846.1	30	0	30	1,000	5,000	1,600	0,968
GDX72432.1	30	0	30	0,000	2,000	1,433	0,728
WP_202799158.1	30	0	30	0,000	3,000	1,600	0,814
OUW57352.1	30	0	30	0,000	2,000	1,100	0,712
WP_190533028.1	30	0	30	0,000	3,000	0,933	0,868
WP_199313512.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP_194070694.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP_052001668.1	30	0	30	0,000	2,000	0,833	0,592
WP_190521021.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,847
WP_202220454.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP_190440151.1	30	0	30	0,000	3,000	1,300	0,794
WP_204140911.1	30	0	30	0,000	3,000	0,800	0,664
WP_190655056.1	30	0	30	0,000	3,000	1,233	0,971
TAG88587.1	30	0	30	0,000	5,000	1,733	1,721
WP_193789136.1	30	0	30	0,000	2,000	0,867	0,681
KYC34998.1	30	0	30	0,000	3,000	0,933	0,944
WP_152590462.1	30	0	30	0,000	2,000	0,867	0,819
WP_197049567.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
OLE52445.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,640
KAB0241292.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
PZV22156.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,761



**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

WP 039726390.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,679
WP 198124303.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,761
ABD03086.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
OUW98297.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
TAF04346.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 016867120.1	30	0	30	0,000	2,000	0,267	0,640
WP 126387156.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
AGZ05276.1	30	0	30	0,000	2,000	0,267	0,640
WP 193847114.1	30	0	30	0,000	1,000	0,133	0,346
OAB60567.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 193858485.1	30	0	30	0,000	2,000	0,233	0,626
WP 191056339.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
RUT01032.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
ABD02215.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
AXY67778.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
PZO51894.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 199319264.1	30	0	30	0,000	2,000	0,200	0,610
WP 198123149.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 193922440.1	30	0	30	0,000	2,000	0,267	0,640
TAE61232.1	30	0	30	0,000	3,000	0,333	0,711
WP 190545699.1	30	0	30	0,000	1,000	0,100	0,305
WP 193801724.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 190672226.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP 190528636.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
TAG73743.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,675
WP 193918337.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,679
WP 190980648.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 193933278.1	30	0	30	0,000	2,000	0,567	0,679
WP 190467456.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
OLE52502.1	30	0	30	0,000	3,000	0,333	0,711
WP 190708778.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP 190382835.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
WP 190509658.1	30	0	30	0,000	4,000	1,100	0,995
WP 016868487.1	30	0	30	0,000	5,000	1,100	1,094
WP 190584281.1	30	0	30	0,000	3,000	1,000	0,910
PZU96711.1	30	0	30	0,000	4,000	0,967	1,033
WP 194061020.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,774
WP 190498022.1	30	0	30	0,000	6,000	1,700	1,208
WP 096647453.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,814
WP 190461925.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,675
WP 194012090.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,640
WP 194021512.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,718
WP 190447434.1	30	0	30	0,000	2,000	0,533	0,681
WP 190758235.1	30	0	30	0,000	3,000	0,733	0,907
GFE68019.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	0,959

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

OAB55551.1	30	0	30	0,000	3,000	0,533	0,937
WP_190747360.1	30	0	30	0,000	6,000	0,633	1,542
WP_190774860.1	30	0	30	0,000	1,000	0,467	0,507
WP_191964937.1	30	0	30	0,000	3,000	0,633	0,928
WP_193200787.1	30	0	30	0,000	2,000	0,800	0,610
WP_194020073.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,682
WP_199248072.1	30	0	30	0,000	3,000	0,700	1,119
PZO37072.1	30	0	30	0,000	2,000	0,733	0,907
PZV19156.1	30	0	30	0,000	2,000	0,767	0,774
WP_158199738.1	30	0	30	0,000	3,000	0,667	1,061
WP_190791852.1	30	0	30	0,000	2,000	0,367	0,669
WP_144036856.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
GDX76406.1	30	0	30	0,000	1,000	0,233	0,430
WP_190737656.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
OLE63410.1	30	0	30	0,000	3,000	0,433	0,728
WP_206267314.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP_193925652.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_190454961.1	30	0	30	0,000	1,000	0,167	0,379
WP_190492012.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_190540066.1	30	0	30	0,000	2,000	0,333	0,661
PZV13151.1	30	0	30	0,000	3,000	0,400	0,724
WP_190970394.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP_006619225.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP_102151917.1	30	0	30	0,000	3,000	0,400	0,855
PSO50882.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP_201280559.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
WP_172192413.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP_186696554.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,814
PZV21555.1	30	0	30	0,000	3,000	0,367	0,718
WP_191130301.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP_193881742.1	30	0	30	0,000	2,000	0,300	0,651
WP_193789138.1	30	0	30	0,000	2,000	0,467	0,681
EFA71962.1	30	0	30	0,000	3,000	0,933	0,868
WP_190693781.1	30	0	30	0,000	3,000	0,800	0,805
WP_190954404.1	30	0	30	0,000	4,000	0,533	1,224
WP_192216820.1	30	0	30	0,000	4,000	0,500	1,225
PZV08091.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
Q7VBX7.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_202925208.1	30	0	30	0,000	2,000	0,500	0,682
WP_190729224.1	30	0	30	0,000	2,000	0,433	0,679
WP_199336902.1	30	0	30	0,000	2,000	0,400	0,675
WP_193884858.1	30	0	30	0,000	4,000	0,500	1,225
WP_190880604.1	30	0	30	0,000	2,000	0,633	0,669
WP_194012652.1	30	0	30	0,000	2,000	0,600	0,814
WP_190540837.1	30	0	30	0,000	4,000	0,700	1,208

**Tabella Supplementare H:**

*Heat map delle Proteine differenzialmente accumulate (DAP) nei campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato e microplastiche rispetto ai livelli di espressione di ciascuna proteina nei campioni di controllo.*

---

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

#	Identified Proteins (794/867)	Accession Number (NCBI)	Accession Number (Uniprot)	Molecular Weight	Gene ontology (GO)	Gene ontology (biological process)	Gene ontology (cellular component)	Gene ontology (molecular function)
173	four-helix bundle copper-binding protein [Anabaenopsis elenkinii]	WP_200989132.1	<a href="#">A0ZBY1</a>	14 kDa		other biological process		
220	metallothionein [Lusitaniella coriacea]	WP_194031197.1	<a href="#">A0A1Z3HTQ5</a>	6 kDa	metal ion binding; transferase activity	cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process		metal ion binding; transferase activity
123	hypothetical protein [Halomicronema sp. CCY15110]	WP_204140022.1	A0A2T1DLH6	10 kDa	integral component of membrane	intracellular protein transmembrane transport; protein targeting; protein transport by the Sec complex	integral component of membrane	
138	FAD-dependent oxidoreductase [Oculatella sp. FACHB-28]	WP_190646652.1	A0A120MUU7	77 kDa	cellulase activity; L-aspartate oxidase activity; NAD biosynthetic process	NAD biosynthetic process		cellulase activity; L-aspartate oxidase activity
149	MULTISPECIES: metallothionein [unclassified Desertifilum]	WP_071958170.1	K9XVF5	6 kDa	metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity; cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process	cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process		metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

170	hypothetical protein GFS31_21410 [Leptolyngbya sp. BL0902]	QQE65453.1	A0A1U7J8H0	79 kDa	Holliday junction helicase complex; integral component of membrane; ATP binding; four-way junction helicase activity; DNA recombination; DNA repair	DNA recombination; DNA repair	Holliday junction helicase complex; integral component of membrane	ATP binding; four-way junction helicase activity
185	MULTISPECIES: metallothionein [Synechococcales]	WP_190641167.1	B7KK77	6 kDa	metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity; cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process	cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process		metal ion binding
213	hypothetical protein FDUTEX481_07936 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF01489.1	K9PG67	9 kDa	carbohydrate metabolic process	carbohydrate metabolic process		
228	GRRM system radical SAM/SPASM domain protein [Cyanobacteria bacterium TMED177]	Ouw29080.1	Q3AZB2	45 kDa	iron-sulfur cluster binding; metal ion binding; oxidoreductase activity	other biological process		iron-sulfur cluster binding; metal ion binding; oxidoreductase activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

247	DUF928 domain-containing protein [Calothrix membranacea]	WP_19062018 6.1	K9QT15	30 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
250	PE-PGRS family protein [Kamptonema formosum]	WP_20295103 7.1	A0A672GSX 0	6 kDa	microtubule; ATP binding; microtubule binding; microtubule motor activity; microtubule-based movement	microtubule-based movement	microtubule	ATP binding; microtubule binding; microtubule motor activity
254	MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostocaceae]	WP_19059275 0.1	A0A218QNS 0	47 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
260	MULTISPECIES: protein kinase [unclassified Planktothricoides]	WP_19087709 9.1	D5A4J2	78 kDa	ATP binding; protein prenyltransferase activity; protein serine kinase activity; protein threonine kinase activity; protein prenylation	protein prenylation		ATP binding; protein prenyltransferase activity; protein serine kinase activity; protein threonine kinase activity
275	metallothionein [Thermoleptolyngbya sp. PKUAC-SCTB121]	WP_20537133 3.1	A0A369HXL 4	5 kDa	metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity; cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process	cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process		metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

280	UUP1 family membrane protein [Scytonema tolypothrichoides]	WP_20127854 7.1	A0A0C2QY C4	61 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
283	MULTISPECIES: DNA-directed RNA polymerase subunit beta" [unclassified Synechocystis]	WP_19059624 2.1	P73334	145 kDa	DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding
309	metallothionein [Leptolyngbya ectocarpus]	WP_19399633 7.1	D4ZYS3	6 kDa	metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity; cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process	cell redox homeostasis; glycerol ether metabolic process		metal ion binding; protein disulfide oxidoreductase activity
312	ferredoxin [Scytonema hofmannii PCC 7110]	KYC44207.1		14 kDa		other biological process		
502	DUF3267 domain-containing protein [Nodosilinea sp. LEGE 07088]	WP_19396976 0.1	A0A1B2EN8 7	25 kDa	integral component of membrane; NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity; ATP synthesis coupled electron transport	ATP synthesis coupled electron transport	integral component of membrane	NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity
506	hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA [Halotheca sp. PCC 7418]	WP_15010701 3.1	A0A223V8S 0	177 kDa	membrane; calcium ion binding; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	calcium ion binding

## Tabella Supplementare I:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

517	MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostoc]	WP_09907663 9.1	A0A671THC 6	8 kDa	integral component of membrane; hyaluronic acid binding; cell adhesion	cell adhesion	integral component of membrane	hyaluronic acid binding
64	calcium-binding protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG72746.1	A0A547PIU3	151 kDa	extracellular region; calcium ion binding; toxin activity; pathogenesis	pathogenesis	extracellular region	calcium ion binding; toxin activity
92	hypothetical protein [Leptolyngbya sp. FACHB-16]	WP_19077450 9.1	A0A663DX4 1	6 kDa	integral component of membrane; integrin binding involved in cell- matrix adhesion; cell- cell adhesion; integrin- mediated signaling pathway; positive regulation of lymphocyte migration	cell-cell adhesion; integrin- mediated signaling pathway; positive regulation of lymphocyte migration	integral component of membrane	integrin binding involved in cell- matrix adhesion
103	adenosylcobinamide- GDP ribazoletransferase [Pseudanabaena sp. FACHB-1050]	WP_19057534 3.1	L8MZS5	27 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; adenosylcobinamide- GDP ribazoletransferase activity; cobalamin 5'- phosphate synthase activity; cobalamin biosynthetic process	other biological process	integral component of membrane; plasma membrane	adenosylcobinamide -GDP ribazoletransferase activity; cobalamin 5'-phosphate synthase activity



**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

131	cation diffusion facilitator family transporter [Iningainema tapete]	WP_19083851 9.1	Q8TT88	32 kDa	integral component of membrane; membrane; plasma membrane; cadmium ion transmembrane transporter activity; cation transmembrane transporter activity; ferrous iron transmembrane transporter activity; zinc efflux active transmembrane transporter activity; cadmium ion transmembrane transport; cellular cadmium ion homeostasis; cellular iron ion homeostasis; cellular zinc ion homeostasis	cadmium ion transmembrane transport; cellular cadmium ion homeostasis; cellular iron ion homeostasis; cellular zinc ion homeostasis	integral component of membrane; membrane; plasma membrane	cadmium ion transmembrane transporter activity; cation transmembrane transporter activity; ferrous iron transmembrane transporter activity; zinc efflux active transmembrane transporter activity
166	iron chelate uptake ABC transporter family permease subunit [Cyanobacterium stanieri]	WP_19379940 4.1	P72591	37 kDa	integral component of plasma membrane; transmembrane transporter activity; siderophore-dependent iron import into cell	siderophore-dependent iron import into cell	integral component of plasma membrane	transmembrane transporter activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

169	hypothetical protein, partial [Okeania hirsuta]	WP_20512772 7.1	A0A1Q9E9B 9	21 kDa	nucleic acid binding; transferase activity, transferring acyl groups; zinc ion binding; DNA integration	DNA integration		nucleic acid binding; transferase activity, transferring acyl groups; zinc ion binding
181	alpha/beta hydrolase [Tychonema bourrellyi FEM_GT703]	PHX54282.1	A0A2G4EX K9	48 kDa	integral component of membrane; peptidase activity	other biological process	integral component of membrane	peptidase activity
188	CHAT domain-containing protein [Plectonema radiosum]	WP_19392456 5.1	A0A1Z4LD G5	112 kDa	acetylcholine receptor binding; protein-membrane adaptor activity; chemical synaptic transmission	chemical synaptic transmission		acetylcholine receptor binding; protein-membrane adaptor activity
205	hypothetical protein [Nostoc flagelliforme]	WP_19094475 6.1	A0A4R4EK0 8	34 kDa	integral component of membrane; metalloendopeptidase inhibitor activity	other biological process	integral component of membrane	metalloendopeptidase inhibitor activity
211	hypothetical protein [Anabaena azotica]	WP_19047628 8.1	A0A2S9QC1 7	6 kDa	chromosome; cytoplasm; ATP binding; DNA binding; DNA topoisomerase type II (double strand cut, ATP-hydrolyzing) activity; DNA topological change; DNA-dependent DNA replication	DNA-dependent DNA replication; DNA topological change	chromosome; cytoplasm	ATP binding; DNA binding; DNA topoisomerase type II (double strand cut, ATP-hydrolyzing) activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

230	AAA family ATPase [Okeania sp. KiyG1]	WP_20221958 5.1	A0A073CCE 7	15 kDa	ATP binding; ATPase activity	other biological process		ATPase activity; ATP binding
298	TPM domain-containing protein, partial [Geitlerinema sp. P-1104]	WP_20604416 1.1	K9TGY3	54 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
299	hypothetical protein [Myxacorys almedinensis]	WP_20292500 9.1		8 kDa		other biological process		
313	tetratricopeptide repeat protein [Planktothrix mougeotii]	WP_19386950 6.1	A0A239Q0E 7	93 kDa	integral component of membrane; methyltransferase activity; methylation	methylation	integral component of membrane	methyltransferase activity
317	CHAT domain-containing protein [Calothrix membranacea]	WP_19062133 5.1	K9UWM9	98 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
318	DEAD/DEAH box helicase [Sphaerospermopsis reniformis]	WP_20127766 0.1	A0A1Z4UK0 4	119 kDa	ATP binding; DNA binding; hydrolase activity; methyltransferase activity; methylation	methylation		ATP binding; DNA binding; hydrolase activity; methyltransferase activity
339	hypothetical protein [Cuspidothrix issatschenkoii]	WP_19393582 9.1	K7VTT4	25 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

344	DUF2207 domain-containing protein [Nodosilinea sp. LEGE 07088]	WP_19396946 8.1	A0A1Z3HG0 8	41 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
346	methyltransferase domain-containing protein, partial [Aphanizomenon flos-aquae]	WP_19038462 0.1	K7WJJ9	24 kDa	methyltransferase activity; methylation	methylation		methyltransferase activity
348	hypothetical protein PseudUWO311_12360 [Pseudanabaena sp. UWO311]	TYQ26315.1	A0A2K8SUF 9	59 kDa	peptidase activity			peptidase activity
351	carboxypeptidase M32 [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE54702.1	Q8YLP6	41 kDa	cytoplasm; carbon fixation; photosynthesis; ribulose bisphosphate carboxylase complex assembly	carbon fixation; photosynthesis; ribulose bisphosphate carboxylase complex assembly	cytoplasm	
352	DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [Gloeocapsopsis crepidinum]	WP_19393335 1.1	K9XIX1	147 kDa	DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding
371	Nif11-like leader peptide family natural product precursor	WP_19096204 3.1		10 kDa		other biological process		

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

	[Desmonostoc muscorum]							
417	hypothetical protein D3A95_01350 [Thermosynechococcus elongatus PKUAC-SCTE542]	AXY67300.1	W9EJV4	14 kDa	integral component of membrane; ATP binding; DNA binding; cell division; chromosome segregation	cell division; chromosome segregation	integral component of membrane	ATP binding; DNA binding
476	lasso peptide biosynthesis B2 protein [Anabaena sphaerica]	WP_19056459 5.1	K9RK79	31 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
496	histidine kinase [Nostoc sp. FACHB-973]	WP_19087837 6.1	A0A5P8VTK 4	6 kDa	arginine-tRNA ligase activity; ATP binding; transferase activity; arginyl-tRNA aminoacylation	arginyl-tRNA aminoacylation		arginine-tRNA ligase activity; ATP binding; transferase activity
513	serine/threonine phosphatase [Lusitaniella coriacea]	WP_19402853 1.1	B4VQX2	75 kDa	metal ion binding; protein serine/threonine phosphatase activity	other biological process		metal ion binding; protein serine/threonine phosphatase activity
515	hypothetical protein EDM82_08760 [Cyanobacteria bacterium CYA]	KAA0215022.1	A0A0D2MX G1	8 kDa	integral component of membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane	
762	RecQ family ATP-dependent DNA helicase [Leptolyngbya ectocarpus]	WP_19399213 6.1	U9W2D3	55 kDa	ATP binding; helicase activity; nucleic acid binding; DNA recombination	DNA recombination		ATP binding; helicase activity; nucleic acid binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

764	hypothetical protein D6756_01965 [Cyanobacteria bacterium J083]	RMF27410.1	D2VGV8	12 kDa	nuclear cap binding complex; RNA cap binding; mRNA cis splicing, via spliceosome	mRNA cis splicing, via spliceosome	nuclear cap binding complex	RNA cap binding
56	hypothetical protein DCF19_18590 [Pseudanabaena frigida]	PZO37511.1		26 kDa		other biological process		
66	hypothetical protein [Okeania sp. KiyG1]	WP_20222019 2.1		152 kDa		other biological process		
114	hypothetical protein, partial [Kamptonema formosum]	WP_19378913 7.1	X1WIA8	5 kDa	nucleus; metal ion binding; ubiquitin-protein transferase activity; interstrand cross-link repair	interstrand cross-link repair	nucleus	metal ion binding; ubiquitin-protein transferase activity
116	hypothetical protein [Leptolyngbya sp. CCY15150]	WP_20415392 9.1	A0A517NJ03	11 kDa	integral component of membrane; cell communication	cell communication	integral component of membrane	
130	30S ribosome-binding factor RbfA [Synechococcus sp. BMK-MC-1]	WP_01193410 6.1	A5GNX9	16 kDa	cytoplasm; maturation of SSU-rRNA	maturation of SSU-rRNA	cytoplasm	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

151	hypothetical protein DSM106972_025920 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT07331.1	C1DYX5	8 kDa	nucleus; ribosome; structural constituent of ribosome; regulation of DNA-templated transcription, elongation; regulation of transcription by RNA polymerase II; translation	regulation of DNA-templated transcription, elongation; regulation of transcription by RNA polymerase II; translation	nucleus; ribosome	structural constituent of ribosome
174	MULTISPECIES: S-layer homology domain-containing protein [Cyanobacteria]	WP_052288217.1		42 kDa	peptidase activity	other biological process		peptidase activity
177	hypothetical protein EAZ18_13075 [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG93126.1	<a href="#">A0A172YIT4</a>	11 kDa	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity; lyase activity; fatty acid beta-oxidation	fatty acid beta-oxidation		3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity; lyase activity
233	molecular chaperone DnaK [Alkalinema sp. FACHB-956]	WP_190571708.1	A0A251WIS6	98 kDa	ATP binding; unfolded protein binding; protein folding	protein folding		ATP binding; unfolded protein binding
246	calcium-binding protein [Tychonema sp. LEGE 06208]	WP_194070027.1	A0A1X7MTR5	182 kDa	membrane; calcium ion binding; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	calcium ion binding
265	hypothetical protein [Anabaena sp. WA102]	WP_199924340.1	L8HD93	8 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

279	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_19096911 0.1	K9QGD2	34 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
332	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH [Cyanotheca sp. BG0011]	WP_19864897 2.1	B1X0L4	64 kDa	integral component of membrane; thylakoid membrane; ATP binding; ATP-dependent peptidase activity; metalloendopeptidase activity; zinc ion binding; cell division; protein catabolic process	cell division; protein catabolic process	integral component of membrane; thylakoid membrane	ATP binding; ATP-dependent peptidase activity; metalloendopeptidase activity; zinc ion binding
498	mechanosensitive ion channel [Nodularia sp. LEGE 06071]	WP_19399905 0.1	W6FW71	61 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	
19	MULTISPECIES: hypothetical protein [Calothrix]	WP_19054490 1.1	A0A1Z4K55 7	9 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
20	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Leptolyngbya sp. FACHB-261]	WP_19080107 4.1	A0A0M1JTV 0	54 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
28	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE54565.1	A0A552ATB 5	19 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	



**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

75	hypothetical protein D6728_08905 [Cyanobacteria bacterium J055]	RMG11410.1	A0A552ATB5	38 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
80	hypothetical protein [Leptolyngbya sp. FACHB-261]	WP_190803977.1		63 kDa		other biological process		
133	cistern family PEP-CTERM protein [Leptolyngbya sp. FACHB-541]	WP_190798842.1		86 kDa	cytoplasm; nucleus; preribosome, small subunit precursor; rRNA processing	rRNA processing	cytoplasm; nucleus; preribosome, small subunit precursor	
139	calcium-binding protein, partial [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF62230.1		98 kDa	calcium ion binding; hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds; carbohydrate metabolic process	carbohydrate metabolic process		calcium ion binding; hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds
145	MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [unclassified Desertifilum]	WP_069967271.1		51 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
183	hypothetical protein DSM106972_036240 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT05617.1		78 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

195	hypothetical protein AWQ23_01250 [Synechococcus sp. PCC 73109]	AMA08056.1		115 kDa	ATP binding; DNA replication origin binding; DNA replication	DNA replication		ATP binding; DNA replication origin binding
196	FeS assembly scaffold SufA [Nostoc sp. 3335mG]	PXA98955.1		13 kDa	iron-sulfur cluster binding; structural molecule activity; protein maturation by iron-sulfur cluster transfer	protein maturation by iron-sulfur cluster transfer		iron-sulfur cluster binding; structural molecule activity
199	peptidase S8 [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH71503.1		79 kDa	membrane; calcium ion binding; serine-type endopeptidase activity; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	calcium ion binding; serine-type endopeptidase activity
204	Na/Pi symporter [Coleofasciculus sp. FACHB-SPT9]	WP_19068821.6.1		44 kDa	integral component of membrane; phosphate ion transmembrane transporter activity; sodium:phosphate symporter activity; sodium-dependent phosphate transport	sodium-dependent phosphate transport	integral component of membrane	phosphate ion transmembrane transporter activity; sodium:phosphate symporter activity
216	MULTISPECIES: MATE family efflux transporter [Nostoc]	WP_19095484.0.1		50 kDa	integral component of membrane; antiporter activity; xenobiotic transmembrane transporter activity	other biological process	integral component of membrane	antiporter activity; xenobiotic transmembrane transporter activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

217	hypothetical protein [Anabaena lutea]	WP_19071677 6.1		13 kDa	integral component of membrane; metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity; immune response; toll-like receptor signaling pathway	immune response; toll-like receptor signaling pathway	integral component of membrane	metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity
224	methyltransferase domain-containing protein [Lusitaniella coriacea]	WP_19403054 1.1		47 kDa	methyltransferase activity; methylation	methylation		methyltransferase activity
226	MULTISPECIES: isoprenylcysteine carboxylmethyltransferase family protein [Nostoc]	WP_19090084 7.1		22 kDa	integral component of membrane; methyltransferase activity; methylation	methylation	integral component of membrane	methyltransferase activity
231	molecular chaperone DnaK [Phormidium sp. LEGE 05292]	WP_19398154 2.1		79 kDa	ATP binding; unfolded protein binding; protein folding	protein folding		ATP binding; unfolded protein binding
274	MULTISPECIES: DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [unclassified Thermoleptolyngbya]	WP_17235395 2.1		146 kDa	DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding
278	SWIM zinc finger family protein [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_19388740 1.1		31 kDa	ATP binding; zinc ion binding; SOS response	SOS response		ATP binding; zinc ion binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

285	hypothetical protein DMC47_33460 [Nostoc sp. 3335mG]	PXA86880.1		42 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
286	S-layer homology domain-containing protein [Anabaena subtropica]	WP_19040604 2.1		75 kDa	cellulase activity; metabolic process	metabolic process		cellulase activity
345	FecR domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-541]	WP_19079774 1.1		57 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
349	MULTISPECIES: pentapeptide repeat-containing protein [unclassified Coleofasciculus]	WP_19387373 2.1		75 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
363	hypothetical protein [Cyanobium sp. LEGE 06143]	WP_19381379 2.1		14 kDa		other biological process		
366	hypothetical protein FDUTEX481_09701 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKE99824.1		8 kDa	hydrolase activity, acting on glycosyl bonds; metabolic process	metabolic process		hydrolase activity, acting on glycosyl bonds

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

398	hypothetical protein BRC33_01555 [Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58]	PSO51060.1		509 kDa	host cell cytoplasm; lysozyme activity; cell wall macromolecule catabolic process; cytolysis; defense response to bacterium; peptidoglycan catabolic process	cell wall macromolecule catabolic process; cytolysis; defense response to bacterium; peptidoglycan catabolic process	host cell cytoplasm	lysozyme activity
407	2-isopropylmalate synthase [Cuspidothrix issatschenkoi]	WP_19393554 3.1		44 kDa	transferase activity, transferring acyl groups, acyl groups converted into alkyl on transfer; carboxylic acid metabolic process	carboxylic acid metabolic process		transferase activity, transferring acyl groups, acyl groups converted into alkyl on transfer
408	trypsin-like serine protease [Cyanotheca sp. PCC 7425]	WP_19801617 4.1		36 kDa	serine-type endopeptidase activity; pathogenesis	pathogenesis		serine-type endopeptidase activity
409	YfhO family protein [Trichocoleus sp. FACHB-40]	WP_19929798 7.1		97 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
426	MULTISPECIES: HEAT repeat domain-containing protein [unclassified Desertifilum]	WP_06996511 5.1		112 kDa	integral component of membrane; phycobilisome; lyase activity	other biological process	integral component of membrane; phycobilisome	lyase activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

443	NAD(P) transhydrogenase subunit beta [Cyanobium sp.]	GDX77144.1		49 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; NAD(P)+ transhydrogenase (AB-specific) activity; NADP binding	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	NAD(P)+ transhydrogenase (AB-specific) activity; NADP binding
451	VCBS domain-containing protein, partial [Synechococcus sp. BS56D]	WP_13145713 3.1		1158 kDa	membrane; calcium ion binding; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	calcium ion binding
452	precorrin-8X methylmutase [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_19387659 2.1		42 kDa	DNA binding; precorrin-8X methylmutase activity; cobalamin biosynthetic process; regulation of transcription, DNA-templated	cobalamin biosynthetic process; regulation of transcription, DNA-templated		DNA binding; precorrin-8X methylmutase activity
455	MULTISPECIES: Calvin cycle protein CP12 [Cyanobacteria]	WP_01766192 2.1		8 kDa	chloroplast	other biological process	chloroplast	
470	FtsW/RodA/SpoVE family cell cycle protein [Euhalothece natronophila]	WP_14629727 8.1		42 kDa	integral component of membrane; cell division	cell division	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

479	hypothetical protein OsccyDRAFT_4577 [Leptolyngbyaceae cyanobacterium JSC-12]	EKQ66779.1		22 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; acyl-phosphate glycerol-3-phosphate acyltransferase activity; phospholipid biosynthetic process	phospholipid biosynthetic process	integral component of membrane; plasma membrane	acyl-phosphate glycerol-3-phosphate acyltransferase activity
486	DUF2330 domain-containing protein [Microcoleus sp. FACHB-SPT15]	WP_192222529.1		50 kDa	integral component of membrane	other biological process	integral component of membrane	
487	ABC transporter ATP-binding protein [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH77565.1		69 kDa	integral component of membrane; ATP binding; ATPase activity; ATPase-coupled transmembrane transporter activity	other biological process	integral component of membrane	ATPase activity; ATPase-coupled transmembrane transporter activity; ATP binding
493	plasmid mobilization relaxosome protein MobC [Nostoc sp. WHI]	WP_196521115.1		15 kDa	regulation of transcription, DNA-templated	regulation of transcription, DNA-templated		
500	hypothetical protein [Nostoc sp. LEGE 06077]	WP_193890553.1		34 kDa	integral component of membrane; phosphatidate cytidyltransferase activity; CDP-diacylglycerol biosynthetic process	CDP-diacylglycerol biosynthetic process	integral component of membrane	phosphatidate cytidyltransferase activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

501	hypothetical protein EAZ23_10140 [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG73547.1		20 kDa		other biological process		
509	VacB/RNase II family 3'-5' exoribonuclease [Nodosilinea sp. FACHB-131]	WP_19074858 5.1		89 kDa	cytoplasm; exoribonuclease II activity; RNA binding	other biological process	cytoplasm	exoribonuclease II activity; RNA binding
510	EI24 domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-321]	WP_19051084 1.1		33 kDa	membrane integral component of plasma membrane; high-affinity sulfate:proton symporter activity; cysteine biosynthetic process; sulfate assimilation	cysteine biosynthetic process	integral component of plasma membrane	high-affinity sulfate:proton symporter activity
519	molecular chaperone DnaK [Thermosynechococcus sp. TA-1]	WP_20619974 9.1		75 kDa	ATP binding; unfolded protein binding; protein folding	<a href="#">protein folding</a>		ATP binding; unfolded protein binding
522	cadmium-translocating P-type ATPase [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_19175890 6.1		72 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; ATP binding; ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; copper ion binding; copper ion transport	copper ion transport	integral component of membrane; plasma membrane	ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; ATP binding; copper ion binding



**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

523	hypothetical protein [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_19175692 9.1		8 kDa	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase activity; phosphopantetheine binding; fatty acid biosynthetic process	fatty acid biosynthetic process		3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase activity; phosphopantetheine binding
742	hypothetical protein DCF19_21935 [Pseudanabaena frigida]	PZO36329.1		23 kDa	NAD binding; NADP binding; oxidoreductase activity, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor; protein dimerization activity; cellular amino acid biosynthetic process	cellular amino acid biosynthetic process		NAD binding; NADP binding; oxidoreductase activity, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor; protein dimerization activity
747	serine/threonine phosphatase [Phormidium sp. FACHB-1136]	WP_19049400 1.1		65 kDa	integral component of membrane; protein serine/threonine phosphatase activity		integral component of membrane	protein serine/threonine phosphatase activity
759	hypothetical protein, partial [Tychonema sp. LEGE 07203]	WP_19406463 0.1		143 kDa	catalytic activity; iron-sulfur cluster binding; metal ion binding			catalytic activity; iron-sulfur cluster binding; metal ion binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

791	MULTISPECIES: radical SAM protein [Arthrospira]	WP_00661734 2.1		48 kDa	extracellular region; calcium ion binding; toxin activity; pathogenesis	pathogenesis	extracellular region	calcium ion binding; toxin activity
6	filamentous hemagglutinin N- terminal domain- containing protein [Leptolyngbya ectocarpus]	WP_19399364 8.1		141 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
15	RNA polymerase Rpb1 [Cylindrospermopsis raciborskii CS-505]	EFA69678.1		150 kDa	DNA binding; DNA- directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA- templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding
32	hypothetical protein AUI36_40745, partial [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE11244.1		79 kDa	polysaccharide catabolic process	polysaccharide catabolic process		
36	hypothetical protein [Leptolyngbya sp. O- 77]	WP_19767341 7.1		19 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
37	chaperonin GroEL [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAH16746.1		60 kDa	cytoplasm; ATP binding; unfolded protein binding; protein refolding	protein refolding	cytoplasm	ATP binding; unfolded protein binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

47	four-helix bundle copper-binding protein [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE57491.1		14 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
62	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Fortica sp. LEGE XX443]	WP_19388621.6.1		34 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
67	hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA [Lyngbya aestuarii]	WP_04048355.9.1		181 kDa	ATP binding; ATPase activity	other biological process		ATPase activity; ATP binding
79	hypothetical protein AY600_03080 [Phormidium willei BDU 130791]	OAB59582.1		19 kDa	nucleic acid binding; transferase activity, transferring acyl groups; zinc ion binding; DNA integration	DNA integration		nucleic acid binding; transferase activity, transferring acyl groups; zinc ion binding
84	hypothetical protein [Phormidium sp. CLA17]	WP_17157463.7.1		64 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
94	MULTISPECIES: hypothetical protein [Aphanizomenonaceae]	WP_16863509.0.1		30 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
96	hypothetical protein FD725_10840 [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE55980.1		13 kDa		other biological process		

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

142	phosphate ABC transporter permease PstA [Trichocoleus sp. FACHB-262]	WP_19056221 9.1		32 kDa	integral component of plasma membrane; inorganic phosphate transmembrane transporter activity; phosphate ion transmembrane transport	phosphate ion transmembrane transport	integral component of plasma membrane	
148	hypothetical protein [Anabaena catenula]	WP_19090542 2.1		11 kDa	CCR4-NOT complex; mRNA catabolic process	mRNA catabolic process	CCR4-NOT complex	
157	SpoIIE family protein phosphatase [Microcoleus sp. FACHB-DQ6]	WP_19073448 3.1		54 kDa	integral component of membrane; phosphatase activity; signal transduction	signal transduction	integral component of membrane	phosphatase activity
178	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Trichocoleus sp. FACHB-46]	WP_19043938 3.1		18 kDa		other biological process		
187	hypothetical protein FBB35_13420 [Nostoc sp. TCL240-02]	QKQ74190.1		35 kDa	extracellular region; feruloyl esterase activity	other biological process	extracellular region	feruloyl esterase activity
229	hypothetical protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_20626289 5.1		6 kDa		other biological process		
266	HlyD family secretion protein [Pseudanabaena sp.]	PZU95798.1		42 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

356	hypothetical protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_20626923 3.1		6 kDa	nucleus; DNA replication-independent nucleosome assembly	DNA replication-independent nucleosome assembly	nucleus	
381	MULTISPECIES: hypothetical protein [unclassified Coleofasciculus]	WP_19043979 0.1		33 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
4	hypothetical protein [Sphaerospermopsis aphanizomenoides]	WP_20032331 6.1		13 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
14	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Aulosira sp. FACHB-615]	WP_19087106 3.1		36 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
51	putative baseplate assembly protein [Nostoc sp. LEGE 12447]	WP_19414410 4.1		124 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
54	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcoleus sp. FACHB-1]	WP_19077763 0.1		53 kDa		other biological process		
57	MULTISPECIES: four-helix bundle copper-binding protein [unclassified Calothrix]	WP_19063297 4.1		14 kDa		other biological process		

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

63	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Pseudanabaena sp. lw0831]	WP_20132355 4.1		26 kDa		other biological process		
68	TIGR04222 domain-containing membrane protein, partial [Coleofasciculus sp. LEGE 07092]	WP_19393314 8.1		54 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
69	polysaccharide deacetylase family protein [Sphaerospermopsis aphanizomenoides]	WP_20031953 3.1		31 kDa	hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds; hydrolase activity, acting on glycosyl bonds; xylan catabolic process	xylan catabolic process		hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds; hydrolase activity, acting on glycosyl bonds
70	hypothetical protein [Calothrix sp. FACHB-156]	WP_19058632 9.1		10 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
73	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Pseudanabaena sp. ABRG5-3]	WP_19772511 7.1		55 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

87	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Oscillatoria sp. FACHB-1406]	WP_19071229 6.1		34 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
97	hypothetical protein [Anabaena sp. WA102]	WP_19992436 5.1		84 kDa	<a href="#">calcium ion binding</a>	other biological process		<a href="#">calcium ion binding</a>
98	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. WHI]	WP_19651664 8.1		39 kDa	chitin binding; chitinase activity; carbohydrate metabolic process	carbohydrate metabolic process		chitinase activity; chitin binding
135	MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostoc]	WP_19095440 4.1		13 kDa	integral component of membrane; metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity; immune response; toll-like receptor signaling pathway	immune response; toll-like receptor signaling pathway	integral component of membrane	metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity
137	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Trichocoleus sp. FACHB-262]	WP_19056091 6.1		18 kDa	integral component of membrane; metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity; immune response; toll-like receptor signaling pathway	immune response; toll-like receptor signaling pathway	integral component of membrane	metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

143	precorrin-3B synthase [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAH18555.1		61 kDa	4 iron, 4 sulfur cluster binding; heme binding; metal ion binding; oxidoreductase activity; precorrin-8X methylmutase activity; cobalamin biosynthetic process	cobalamin biosynthetic process		4 iron, 4 sulfur cluster binding; heme binding; metal ion binding; oxidoreductase activity; precorrin- 8X methylmutase activity
146	hypothetical protein [Limnoraphis robusta]	WP_20090628 0.1		8 kDa		other biological process		
159	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Trichocoleus sp. FACHB-591]	WP_19055222 2.1		19 kDa		other biological process		
184	ABC transporter permease subunit [Nostoc sp. NZL]	WP_19651414 5.1		33 kDa	membrane; ATP binding; ATPase activity; nitrate transmembrane transporter activity	other biological process	<a href="#">membrane</a>	ATPase activity; ATP binding; nitrate transmembrane transporter activity
191	ATP-binding cassette domain-containing protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG70290.1		59 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; carbohydrate transport; transmembrane transport	carbohydrate transport; transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	



**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

222	hypothetical protein DCE90_18050 [Pseudanabaena sp.]	PZU92584.1		74 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
243	DUF1634 domain-containing protein [Trichocoleus sp. FACHB-262]	WP_19055907 3.1		16 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
259	hypothetical protein CFPU101_30230 [Chroococcus sp. FPU101]	GFE70413.1		20 kDa		other biological process		
264	ferredoxin [Leptolyngbya sp.]	PZU95647.1		13 kDa		other biological process		
268	MULTISPECIES: bile acid:sodium symporter [unclassified Synechococcus]	WP_09458697 0.1		30 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
287	conserved hypothetical protein [Prochlorococcus marinus str. NATL1A]	ABM75217.1		19 kDa	<a href="#">plastid</a>	other biological process	<a href="#">plastid</a>	
328	MULTISPECIES: metallothionein [unclassified Trichocoleus]	WP_19044473 8.1		6 kDa	metal ion binding	metal ion binding	metal ion binding	
361	sugar transferase [Phormidium sp. FACHB-1136]	WP_19049498 1.1		25 kDa	integral component of membrane; transferase activity	integral component of membrane	integral component of membrane	transferase activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

516	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Planktothrix sp. FACHB-1365]	WP_19051689 9.1		14 kDa		integral component of membrane		
733	hypothetical protein [Scytonema hofmannii]	WP_02963336 5.1		13 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
778	MULTISPECIES: glycosyltransferase [unclassified Nostoc]	WP_19933741 1.1		43 kDa	integral component of membrane; transferase activity	integral component of membrane	integral component of membrane	transferase activity
3	hypothetical protein [Fischerella sp. FACHB-380]	WP_19933221 3.1		7 kDa	ADP-dependent NAD(P)H-hydrate dehydratase activity; ATP binding; metal ion binding; NADHX epimerase activity; NADPHX epimerase activity; nicotinamide nucleotide metabolic process	nicotinamide nucleotide metabolic process		ADP-dependent NAD(P)H-hydrate dehydratase activity; ATP binding; metal ion binding; NADHX epimerase activity; NADPHX epimerase activity
5	hypothetical protein [Calothrix sp. FACHB-156]	WP_19058681 4.1		10 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
17	hypothetical protein [Dolichospermum sp. LEGE 00246]	WP_19396349 5.1		12 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

21	MULTISPECIES: hypothetical protein, partial [Nostoc]	WP_19095820 0.1		8 kDa	chromosome; cytoplasm; ATP binding; DNA binding; chromosome condensation; DNA replication; sister chromatid cohesion	chromosome condensation; DNA replication; sister chromatid cohesion	chromosome; cytoplasm	ATP binding; DNA binding
25	hypothetical protein AUI36_43765, partial [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE01882.1		72 kDa	membrane; calcium ion binding; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	calcium ion binding
31	hypothetical protein DMC47_17205 [Nostoc sp. 3335mG]	PXA96576.1		30 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
35	TIGR04222 domain- containing membrane protein [Anabaena minutissima]	WP_19070087 1.1		34 kDa	integral component of membrane	integral component of membrane	integral component of membrane	
40	hypothetical protein [Tolypothrix sp. LEGE 11397]	WP_19400770 0.1		7 kDa	nucleolus; ribosomal large subunit biogenesis	ribosomal large subunit biogenesis	nucleolus	
52	MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostocaceae]	WP_19059170 7.1		5 kDa	integral component of membrane; methyltransferase activity; RNA binding; RNA methylation	RNA methylation	integral component of membrane	methyltransferase activity; RNA binding

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

74	hypothetical protein [Dolichospermum sp. LEGE 00240]	WP_19389115 7.1		13 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
77	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcystis aeruginosa]	WP_05227553 3.1		57 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
78	hypothetical protein FDUTEX481_07141 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF02417.1		6 kDa	nucleus; DNA replication-independent nucleosome assembly	DNA replication-independent nucleosome assembly	nucleus	
93	MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc]	WP_19090016 6.1		35 kDa	extracellular region; carbohydrate binding; endo-1,4-beta-xylanase activity; xylan catabolic process	xylan catabolic process	extracellular region	carbohydrate binding; endo-1,4-beta-xylanase activity
102	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Lusitaniella coriacea]	WP_19402966 4.1		34 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
107	hypothetical protein DSM107003_50330 [Trichormus variabilis SAG 1403-4b]	RUS92467.1		54 kDa	DNA binding; regulation of transcription, DNA-templated	regulation of transcription, DNA-templated		<a href="#">DNA binding</a>
118	hypothetical protein PCC6912_52740 [Chlorogloeopsis fritschii PCC 6912]	RUR74499.1		40 kDa		other biological process		

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

127	hypothetical protein [Anabaena catenula]	WP_19090609 1.1		8 kDa	integral component of membrane; ATP binding; protein serine kinase activity; protein threonine kinase activity	transmembrane transport	<a href="#">integral component of membrane</a>	ATP binding; protein serine kinase activity; protein threonine kinase activity
153	hypothetical protein DCF19_00540 [Pseudanabaena frigida]	PZO45017.1		9 kDa	nucleus; ribonucleoprotein complex; RNA binding; RNA processing	RNA processing	nucleus; ribonucleoprotein complex	RNA binding
186	hypothetical protein [Anabaena azotica]	WP_19046536 8.1		11 kDa	preribosome, small subunit precursor; rRNA processing	rRNA processing	preribosome, small subunit precursor	
207	magnesium chelatase subunit ChlD [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF03114.1		6 kDa	nucleus; DNA replication-independent nucleosome assembly	DNA replication-independent nucleosome assembly	nucleus	
214	MULTISPECIES: DUF2207 domain-containing protein [unclassified Calothrix]	WP_19063026 7.1		32 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
223	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. FACHB-110]	WP_19068410 5.1		37 kDa		other biological process		

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

232	magnesium/cobalt transporter CorA [Microcoleus sp. FACHB-61]	WP_19074422 6.1		45 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; cobalt ion transmembrane transporter activity; magnesium ion transmembrane transporter activity	other biological process	integral component of membrane; plasma membrane	cobalt ion transmembrane transporter activity; magnesium ion transmembrane transporter activity
253	alpha/beta fold hydrolase, partial [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF56517.1		86 kDa	integral component of membrane; cell division	cell division	integral component of membrane	
273	hypothetical protein [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_19176028 0.1		51 kDa	integral component of membrane; cell division	cell division	integral component of membrane	
375	SDR family NAD(P)-dependent oxidoreductase [Nostoc sp. BAE]	WP_19652459 0.1		62 kDa	oxidation-reduction process	oxidation-reduction process		
1	HNH endonuclease [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT02876.1		19 kDa	endonuclease activity	other biological process		endonuclease activity
23	MULTISPECIES: FGGY-family carbohydrate kinase [Nostoc]	WP_19095774 0.1		50 kDa	kinase activity; phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor	carbohydrate metabolic process	kinase activity; phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor; carbohydrate metabolic process	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

29	cyanoexosortase B system-associated protein [Oscillatoria sp. FACHB-1406]	WP_19071767 7.1		28 kDa	integral component of membrane; cell division	cell division	integral component of membrane	
33	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Thermoleptolyngbya sp. PKUAC-SCTB121]	WP_20537012 5.1		59 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
41	iron uptake porin [Synechococcus sp. UW140]	WP_11501769 1.1		70 kDa	integral component of membrane	carbohydrate transport	integral component of membrane	porin activity
44	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Trichocoleus sp. FACHB-46]	WP_19043917 0.1		53 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
48	hypothetical protein [Vulcanococcus limneticus]	WP_19853791 4.1		5 kDa	metal ion binding	other biological process	metal ion binding	
81	hypothetical protein FDUTEX481_05572 [Tolypothrix sp. PCC 7601]	EKF02772.1		35 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
117	DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [Phormidium ambiguum IAM M-71]	OKH40768.1		150 kDa	DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

121	VCBS repeat-containing protein [Nostoc sp. NZL]	WP_19651102 2.1		99 kDa	membrane; calcium ion binding; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	<a href="#">calcium ion binding</a>
8	hypothetical protein [Nostoc parmelioides]	WP_19057118 9.1		19 kDa	nucleus; DNA binding	DNA binding	nucleus;	DNA binding
11	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcystis sp. LEGE 08355]	WP_19395870 9.1		56 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
13	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. LEGE 06077]	WP_19389283 8.1		37 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
16	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcystis flos-aquae]	WP_19072130 4.1		56 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
24	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. LEGE 06077]	WP_19389284 1.1		38 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
38	hypothetical protein [Anabaena catenula]	WP_19090767 5.1		31 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	



**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

42	cadmium-translocating P-type ATPase [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF56591.1		77 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; ATP binding; ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; copper ion binding; copper ion transport	copper ion transport	integral component of membrane; plasma membrane	ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; ATP binding; copper ion binding
59	hypothetical protein AY600_02030, partial [Phormidium willei BDU 130791]	OAB55676.1		84 kDa	cobalamin biosynthetic process	cobalamin biosynthetic process		
86	hypothetical protein, partial [Cyanotheca sp. BG0011]	WP_19864907 6.1		266 kDa	pathogenesis	pathogenesis		
90	hypothetical protein DSM107003_26450 [Trichormus variabilis SAG 1403-4b]	RUS95983.1		30 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
100	hypothetical protein [Iningainema tapete]	WP_19083810 3.1		44 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
101	hypothetical protein [Okeania sp. KiyG1]	WP_20221967 6.1	transmembrane transport	8 kDa	isomerase activity	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	isomerase activity

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

115	mechanosensitive ion channel [Okeania sp. KiyG1]	WP_202225193.1	transmembrane transport	63 kDa		transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	
119	hypothetical protein LB MAG40_01850 [Cyanobium sp.]	GDX73528.1		37 kDa	integral component of membrane	transmembrane transport	integral component of membrane	
124	glycosyl transferase [Cyanobacteria bacterium QS_9_48_30]	PSO91151.1		49 kDa	transferase activity	other biological process	transferase activity	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

192	DUF4114 domain-containing protein [Nostoc sp. TCL26-01]	QLE56074.1	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules; polysaccharide catabolic process	764 kDa	calcium ion binding; hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds	polysaccharide catabolic process	integral component of membrane; calcium ion binding; hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules; polysaccharide catabolic process	
193	MULTISPECIES: late competence development ComFB family protein [unclassified Synechocystis]	WP_19059894.1		41 kDa				
202	MULTISPECIES: ATP-binding cassette domain-containing protein [unclassified Planktothricoides]	WP_19087855.1		54 kDa	ATPase activity; ATP binding	integral component of membrane	integral component of membrane; ATP binding; ATPase activity	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

218	cadmium-translocating P-type ATPase [Tychonema bourrellyi FEM_GT703]	PHX56409.1		71 kDa	ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; ATP binding; metal ion binding	integral component of membrane; plasma membrane	integral component of membrane; plasma membrane; ATP binding; ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; metal ion binding	
221	Conserved hypothetical protein [Prochlorococcus marinus str. MIT 9301]	ABO17855.1		5 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
240	trypsin-like peptidase domain-containing protein [Trichocoleus sp. FACHB-90]	WP_19044453 4.1		48 kDa	serine-type endopeptidase activity		serine-type endopeptidase activity	
258	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_19096910 9.1		36 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

261	FGGY-family carbohydrate kinase [Nostoc punctiforme]	WP_19934166 6.1		48 kDa	kinase activity; phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor	carbohydrate metabolic process	kinase activity; phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor; carbohydrate metabolic process	
270	30S ribosomal protein S2 [Oxynema sp. CENA135]	WP_20066872 2.1		31 kDa	small ribosomal subunit; structural constituent of ribosome; translation	translation	small ribosomal subunit	structural constituent of ribosome
272	ATP-binding cassette domain-containing protein [Microcystis elabens]	WP_19054428 0.1		66 kDa	integral component of membrane; ATP binding; ATPase activity; ATPase-coupled transmembrane transporter activity		integral component of membrane	ATPase activity; ATPase-coupled transmembrane transporter activity; ATP binding
277	Rne/Rng family ribonuclease [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH74547.1		76 kDa	ribonuclease activity; RNA binding; RNA processing	RNA processing		ribonuclease activity; RNA binding
281	hypothetical protein DSM106972_078880 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUS99186.1		12 kDa	thylakoid lumen; electron transfer activity; heme binding; iron ion binding		thylakoid lumen	electron transfer activity; heme binding; iron ion binding
294	bile acid:sodium symporter [Cyanobium sp.]	PZV01523.1		31 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

297	(2Fe-2S)-binding protein [Nodosilinea sp. LEGE 07298]	WP_19402153 6.1		17 kDa				
301	hypothetical protein [Microcoleus sp. FACHB-1]	WP_19077983 3.1		74 kDa	DNA binding; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; zinc ion binding
305	MULTISPECIES: filamentous hemagglutinin N-terminal domain-containing protein [Nostoc]	WP_19095738 6.1		81 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
308	hypothetical protein DSM106972_071660 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT00757.1		134 kDa	ADP binding; DNA binding; regulation of transcription, DNA-templated	regulation of transcription, DNA-templated		ADP binding; DNA binding
311	DUF4384 domain-containing protein [Pseudanabaena sp. UWO310]	TYQ31160.1		78 kDa	membrane			membrane
316	hypothetical protein [Dolichospermum sp. LEGE 00246]	WP_19396221 5.1		31 kDa	methyltransferase activity; methylation	<a href="#">methylation</a>		methyltransferase activity
319	MULTISPECIES: hypothetical protein [Arthrospira]	WP_00661659 1.1		20 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

326	MULTISPECIES: ABC transporter permease subunit [unclassified <i>Leptolyngbya</i> ]	WP_19077048 8.1		34 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	
327	cadmium resistance transporter [ <i>Sphaerospermopsis</i> sp. LEGE 08334]	WP_19405706 9.1		24 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
330	hypothetical protein AY599_07790 [ <i>Leptolyngbya valderiana</i> BDU 20041]	OAB60310.1		56 kDa	outer membrane		outer membrane	
350	HAMP domain-containing protein [ <i>Cyanobacterium stanieri</i> ]	WP_19380103 2.1		98 kDa	integral component of membrane, signal transduction	signal transduction	integral component of membrane	
353	FAD-dependent oxidoreductase [ <i>Phormidium tenue</i> ]	WP_19112996 8.1		58 kDa	flavin adenine dinucleotide binding; oxidoreductase activity, acting on CH-OH group of donors			flavin adenine dinucleotide binding; oxidoreductase activity, acting on CH-OH group of donors
358	membrane protein insertion efficiency factor YidD [ <i>Oscillatoriales cyanobacterium</i> ]	TAF59677.1		20 kDa				

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

373	hypothetical protein AFK68_11980 [Hydrocoleum sp. CS-953]	OZH54272.1		80 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	
377	hypothetical protein [Microcystis aeruginosa]	WP_19401526 1.1		70 kDa	intein-mediated protein splicing	intein-mediated protein splicing		
454	hypothetical protein [Anabaena lutea]	WP_19071672 5.1		19 kDa	cytoplasm; RNA binding; rRNA (guanosine-2'-O-)-methyltransferase activity		cytoplasm	RNA binding; rRNA (guanosine-2'-O-)-methyltransferase activity
511	MULTISPECIES: MAPEG family protein [unclassified Leptolyngbya]	WP_19077582 4.1		15 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
525	exopolysaccharide biosynthesis polyprenyl glycosylphosphotransferase [Nostoc sp. NZL]	WP_19651306 4.1		54 kDa	integral component of membrane; undecaprenyl-phosphate galactose phosphotransferase activity		integral component of membrane	undecaprenyl-phosphate galactose phosphotransferase activity
757	hypothetical protein [Trichocoleus sp. FACHB-69]	WP_19931102 0.1		51 kDa				
2	MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostocaceae]	WP_19058996 5.1		38 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	



**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

7	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_19096913 1.1		34 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
9	hypothetical protein [Nostoc punctiforme]	WP_19094906 9.1		13 kDa				
22	hypothetical protein [Nostoc calcicola]	WP_19934369 4.1		26 kDa				
26	MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [unclassified Planktothricoides]	WP_19728528 1.1		54 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
34	MULTISPECIES: COP23 domain-containing protein [Hapalosiphonaceae]	WP_02672132 2.1		21 kDa				
45	calcium-binding protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF58822.1		183 kDa	extracellular region; calcium ion binding; toxin activity; intein-mediated protein splicing; pathogenesis	intein-mediated protein splicing; pathogenesis	extracellular region	calcium ion binding; toxin activity
50	hypothetical protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_20626889 6.1		4 kDa	nucleus; DNA replication-independent nucleosome assembly	DNA replication-independent nucleosome assembly	nucleus	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

71	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Coleofasciculus sp. FACHB-1120]	WP_19081960 8.1		34 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
95	hypothetical protein [Nostoc sp. CENA67]	WP_19812314 9.1		13 kDa				
108	S-layer homology domain-containing protein [Nodosilinea sp. LEGE 07298]	WP_19402371 9.1		42 kDa	peptidase activity			<a href="#">peptidase activity</a>
182	hypothetical protein, partial [Tolypothrix sp. LEGE 11397]	WP_19400791 2.1		5 kDa	nucleus; DNA replication-independent nucleosome assembly	DNA replication-independent nucleosome assembly	nucleus	
12	MULTISPECIES: four-helix bundle copper-binding protein [unclassified Planktothrix]	WP_19047336 4.1		14 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
18	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcoleus sp. FACHB-68]	WP_19075707 5.1		53 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
49	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Iningainema tapete]	WP_19083355 0.1		37 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

65	Uncharacterized membrane protein [Prochlorococcus marinus subsp. marinus str. CCMP1375]	AAQ00654.1		17 kDa	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane	
85	MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostocaceae]	WP_19058851.3.1		7 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
106	DUF2213 domain-containing protein [Phormidium sp. FACHB-592]	WP_19045054.2.1		46 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
109	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Aulosira sp. FACHB-615]	WP_19087106.2.1		34 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
126	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Trichocoleus sp. FACHB-591]	WP_19055327.3.1		53 kDa	methyltransferase activity; methylation	methylation		methyltransferase activity
156	MULTISPECIES: methyltransferase domain-containing protein [unclassified Tychonema]	WP_19401024.6.1		59 kDa	methyltransferase activity; methylation	methylation		methyltransferase activity
172	MULTISPECIES: 30S ribosomal protein S2 [Cyanobacteria]	WP_19062703.2.1		29 kDa	small ribosomal subunit; structural constituent of ribosome; translation	translation	small ribosomal subunit	structural constituent of ribosome

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

197	hypothetical protein [Leptolyngbya ectocarpus]	WP_19399116 0.1		12 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
215	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. FACHB-280]	WP_19097870 2.1		40 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
336	hypothetical protein [Prochlorococcus marinus]	WP_19374144 0.1		5 kDa				
61	hypothetical protein [Oscillatoria sp. FACHB-1407]	WP_19050439 8.1		59 kDa	peptidase activity			peptidase activity
162	O-antigen ligase family protein [Synechococcus sp. CBW1107]	WP_19716639 1.1		47 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
165	glycosyltransferase [Microcoleus sp. FACHB-831]	WP_19048983 3.1		44 kDa	transferase activity			transferase activity
171	DUF4114 domain-containing protein [Komarekiella sp. 'clone 1']	WP_19175709 5.1		53 kDa	membrane; calcium ion binding; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	membrane	calcium ion binding
175	metallothionein [Microcoleus sp. FACHB-672]	WP_19066956 4.1		5 kDa	metal ion binding			metal ion binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

189	hypothetical protein, partial [Fortiea sp. LEGE XX443]	WP_19388863 1.1		121 kDa	ADP binding			ADP binding
198	DUF2207 domain-containing protein [Aulosira sp. FACHB-615]	WP_19087226 5.1		32 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
206	protein phosphatase 2C domain-containing protein [Cyanobacteria bacterium M5B4]	PLS67529.1		37 kDa	DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	transcription, DNA-templated		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding
271	DNA-directed RNA polymerase subunit beta" [Nostoc sp. NZL]	WP_19651353 4.1		147 kDa				
342	TIGR04222 domain-containing membrane protein, partial [Fischerella thermalis]	WP_14600557 7.1		26 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
357	C4-dicarboxylate ABC transporter [Arthrospira sp. O9.13F]	RAQ42571.1		47 kDa	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

379	metal ABC transporter permease [Synechococcus sp. CBW1108]	WP_19715100 4.1		28 kDa	ATP-binding cassette (ABC) transporter complex; integral component of plasma membrane; ATPase-coupled transmembrane transporter activity		ATP-binding cassette (ABC) transporter complex; integral component of plasma membrane	ATPase-coupled transmembrane transporter activity
10	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcoleus sp. FACHB-1515]	WP_19076868 9.1		53 kDa	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane	
39	hypothetical protein [Tolypothrix sp. FACHB-123]	WP_19074736 0.1		14 kDa	integral component of membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	
72	hypothetical protein [Prochlorococcus sp. HOT208_60m_813L03]	WP_19953418 3.1		5 kDa				
88	PspC domain-containing protein [Phormidium ambiguum]	WP_14317100 1.1		21 kDa	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane	
91	hypothetical protein DCF18_00150 [Cyanobium sp.]	PZV25070.1		9 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

104	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_20626472 9.1		37 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
110	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. FACHB-190]	WP_19067029 2.1		36 kDa				
152	DUF411 domain-containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-711]	WP_19929646 9.1		14 kDa				
58	mechanosensitive ion channel family protein [Cyanobacteria bacterium J055]	RMG12678.1		33 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	
82	DUF4347 domain-containing protein [[Phormidium] sp. ETS-05]	WP_19924778 6.1		18 kDa	integral component of membrane; calcium ion binding; cell communication	cell communication	integral component of membrane	calcium ion binding
99	hypothetical protein CBD48_04540 [Cyanobacteria bacterium TMED188]	Ouw54648.1		9 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

129	MULTISPECIES: cadmium-translocating P-type ATPase [unclassified Planktothricoides]	WP_19087995 2.1		72 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; ATP binding; ATPase- coupled cation transmembrane transporter activity; metal ion binding; metal ion transport	metal ion transport	integral component of membrane; plasma membrane	ATPase-coupled cation transmembrane transporter activity; ATP binding; metal ion binding
147	cistern family PEP- CTERM protein [Leptolyngbya sp. FACHB-671]	WP_19068750 8.1		86 kDa	peptidase activity			peptidase activity
155	hypothetical protein PseudUWO310_19340 [Pseudanabaena sp. UWO310]	TYQ25362.1		71 kDa	integral component of membrane			integral component of membrane
239	hypothetical protein DSM106972_087480 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUS96561.1		18 kDa	integral component of membrane			integral component of membrane
241	tail fiber domain- containing protein [Tolypothrix sp. FACHB-123]	WP_19074705 6.1		147 kDa				
244	DNA helicase RecQ [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG97101.1		83 kDa				



**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

245	metallothionein [Cyanobacteria bacterium M5B4]	PLS69632.1		6 kDa	metal ion binding			metal ion binding
248	nitrogenase cofactor biosynthesis protein NifB [Leptolyngbya ohadii]	WP_20660302 2.1		58 kDa	4 iron, 4 sulfur cluster binding; catalytic activity; metal ion binding; nitrogen fixation	nitrogen fixation		4 iron, 4 sulfur cluster binding; catalytic activity; metal ion binding
251	glycosyltransferase [Leptolyngbya sp. FACHB-261]	WP_19080049 1.1		44 kDa	transferase activity			transferase activity
252	hypothetical protein CFPU101_21440 [Chroococcus sp. FPU101]	GFE69534.1		59 kDa	integral component of membrane; potassium ion transmembrane transporter activity		integral component of membrane	potassium ion transmembrane transporter activity
255	hypothetical protein CYA_1118 [Synechococcus sp. JA- 3-3Ab]	ABC99307.1		17 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
257	iron chelate uptake ABC transporter family permease subunit [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_19388238 8.1		37 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transporter activity		integral component of membrane; plasma membrane	transmembrane transporter activity
263	toxin [Alkalinema sp. FACHB-956]	WP_19057448 6.1		300 kDa	integral component of membrane			integral component of membrane

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

276	hypothetical protein BRC33_02360 [Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58]	PSO50744.1		29 kDa	<a href="#">metal ion binding</a>			metal ion binding
306	metallothionein [Cyanobacteria bacterium J007]	RMH73267.1		6 kDa	<a href="#">metal ion binding</a>			metal ion binding
323	hypothetical protein GFS31_23850 [Leptolyngbya sp. BL0902]	QQE65697.1		46 kDa	cytoplasm; GTP binding; GTPase activity; translation release factor activity, codon specific; regulation of translational termination	regulation of translational termination	cytoplasm	GTPase activity; GTP binding; translation release factor activity, codon specific
333	efflux RND transporter permease subunit [Hyella patelloides]	WP_14487236 9.1		114 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transporter activity		integral component of membrane; plasma membrane	transmembrane transporter activity
334	VTT domain-containing protein [Anabaena azotica]	WP_19047119 3.1		27 kDa	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plasma membrane	
340	glycyl radical protein [Phormidium sp. LEGE 05292]	WP_19398035 3.1		94 kDa	transferase activity			transferase activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

343	sodium dependent transporter [Cylindrospermum sp. FACHB-282]	WP_19046145 8.1		31 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
354	DUF86 domain-containing protein [Hapalosiphon sp. MRB220]	WP_19978075 5.1		9 kDa	transferase activity			transferase activity
367	hypothetical protein [Synechocystis salina]	WP_19401417 7.1		8 kDa	actin binding			actin binding
374	FecR domain-containing protein [Pseudanabaena sp. FACHB-723]	WP_19040459 0.1		33 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
378	nitrate ABC transporter, permease protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAF62521.1		32 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; nitrate transmembrane transporter activity		integral component of membrane; plasma membrane	nitrate transmembrane transporter activity
485	metallothionein [Pseudanabaena sp. FACHB-2040]	WP_19048333 0.1		6 kDa	metal ion binding; transferase activity			metal ion binding; transferase activity
520	cation:proton antiporter [Nodularia sp. LEGE 06071]	WP_19400017 7.1		45 kDa	integral component of membrane; solute:proton antiporter activity		integral component of membrane	solute:proton antiporter activity
60	hypothetical protein [Cyanotheca sp. BG0011]	WP_19864884 6.1		20 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

120	hypothetical protein LBMAG39_08650 [Cyanobium sp.]	GDX72432.1		7 kDa				
27	TIGR04222 domain- containing membrane protein [Moorea producons]	WP_20279915 8.1		55 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
53	hypothetical protein CBD48_00990 [Cyanobacteria bacterium TMED188]	Ouw57352.1		53 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transferase activity, transferring glycosyl groups		integral component of membrane; plasma membrane	transferase activity, transferring glycosyl groups
89	MULTISPECIES: hypothetical protein [unclassified Limnothrix]	WP_19053302 8.1		6 kDa	metal ion binding			<a href="#">metal ion binding</a>
141	radical SAM protein [Leptolyngbya sp. FACHB-671]	WP_19931351 2.1		34 kDa	catalytic activity; iron- sulfur cluster binding; metal ion binding			catalytic activity; iron-sulfur cluster binding; metal ion binding

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

176	hypothetical protein [Tychonema sp. LEGE 06208]	WP_19407069 4.1		165 kDa	integral component of membrane; calcium ion binding; endonuclease activity; metalloproteinase activity; nucleic acid binding; cell communication; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules; polysaccharide catabolic process	cell communication; homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules; polysaccharide catabolic process	integral component of membrane	calcium ion binding; endonuclease activity; metalloproteinase activity; nucleic acid binding
210	transposase [Lyngbya aestuarii]	WP_05200166 8.1		42 kDa	DNA binding; DNA recombination; transposition	DNA recombination; transposition		DNA binding
225	hypothetical protein [Planktothrix sp. FACHB-1365]	WP_19052102 1.1		46 kDa	calcium ion binding			calcium ion binding
284	hypothetical protein [Okeania sp. KiyG1]	WP_20222045 4.1		37 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
30	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Trichocoleus sp. FACHB-90]	WP_19044015 1.1		34 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

55	PD-(D/E)XK nuclease family protein [Halomicronema sp. CCY15110]	WP_20414091 1.1		25 kDa	ATP binding; DNA binding; DNA helicase activity; exonuclease activity; DNA repair	DNA repair		ATP binding; DNA binding; DNA helicase activity; exonuclease activity
105	hypothetical protein [Nostoc linckia]	WP_19065505 6.1		14 kDa	nucleus; ribosome; structural constituent of ribosome; regulation of DNA-templated transcription, elongation; regulation of transcription by RNA polymerase II; translation	regulation of DNA-templated transcription, elongation; regulation of transcription by RNA polymerase II; translation	nucleus; ribosome	structural constituent of ribosome
112	calcium-binding protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG88587.1		137 kDa	metal ion binding; metal ion transport	metal ion transport		metal ion transport
46	hypothetical protein [Kamptonema formosum]	WP_19378913 6.1		7 kDa	metal ion binding; metal ion transport	metal ion transport		metal ion binding
122	hypothetical protein WA1_09670 [Scytonema hofmannii PCC 7110]	KYC34998.1		17 kDa				
128	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sphaeroides]	WP_15259046 2.1		39 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

134	hypothetical protein [Prochlorococcus sp. MIT 0604]	WP_19704956 7.1		6 kDa	integral component of membrane; metalloendopeptidase activity		integral component of membrane	metalloendopeptidase activity
140	hypothetical protein AUI36_18110 [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE52445.1		14 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
208	hypothetical protein EZJ55_12615 [Microcystis aeruginosa EAWAG127a]	KAB0241292.1		57 kDa				
227	DedA family protein [Cyanobium sp.]	PZV22156.1		25 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
282	MULTISPECIES: hypothetical protein [Cyanobacteria]	WP_03972639 0.1		34 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
368	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostoc sp. CENA67]	WP_19812430 3.1		36 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
395	alpha-2-macroglobulin family protein [Synechococcus sp. JA-2-3B'a(2-13)]	ABD03086.1		177 kDa	extracellular space; carbohydrate binding; endopeptidase inhibitor activity		extracellular space	carbohydrate binding; endopeptidase inhibitor activity

**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

397	AAA family ATPase [Cyanobacteria bacterium TMED229]	Ouw98297.1		89 kDa	ATP binding; DNA binding; DNA helicase activity			ATP binding; DNA binding; DNA helicase activity
400	mechanosensitive ion channel family protein, partial [Nostocales cyanobacterium]	TAF04346.1		53 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transmembrane transport	transmembrane transport	integral component of membrane; plasma membrane	
402	MULTISPECIES: glycosyltransferase [Fischerella]	WP_01686712 0.1		38 kDa	transferase activity			transferase activity
403	protein kinase [Pseudanabaena sp. ABRG5-3]	WP_12638715 6.1		73 kDa	integral component of membrane; ATP binding; protein serine kinase activity; protein threonine kinase activity		integral component of membrane	ATP binding; protein serine kinase activity; protein threonine kinase activity
411	McyB [Nostoc sp. 152]	AGZ05276.1		242 kDa	catalytic activity; phosphopantetheine binding			catalytic activity; phosphopantetheine binding
415	ABC transporter permease subunit [Dolichospermum flos- aquae]	WP_19384711 4.1		42 kDa	ATP-binding cassette (ABC) transporter complex; transmembrane transporter activity; amino acid transport	amino acid transport	ATP-binding cassette (ABC) transporter complex	transmembrane transporter activity



**Tabella Supplementare I:**

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

416	hypothetical protein AY599_23435 [Leptolyngbya valderiana BDU 20041]	OAB60567.1		80 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
420	LysR family transcriptional regulator [cf. Phormidesmis sp. LEGE 11477]	WP_19385848 5.1		38 kDa	DNA-binding transcription factor activity		DNA-binding transcription factor activity	
422	hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA, partial [Planktothrix sp. FACHB-1355]	WP_19105633 9.1		160 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
439	hypothetical protein DSM106972_070380 [Calothrix desertica PCC 7102]	RUT01032.1		20 kDa				
440	conserved domain protein [Synechococcus sp. JA-2-3B'a(2-13)]	ABD02215.1		278 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
445	metallothionein [Thermosynechococcus elongatus PKUAC- SCTE542]	AXY67778.1		6 kDa	metal ion binding			metal ion binding
458	ATP-dependent helicase [Phormidesmis priestleyi]	PZO51894.1		122 kDa				

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

460	glycosyltransferase [Anabaena minutissima]	WP_19931926 4.1		41 kDa	integral component of membrane; transferase activity		<a href="#">integral component of membrane</a>	transferase activity
463	hypothetical protein [Nostoc sp. CENA67]	WP_19812314 9.1		283 kDa				
474	O-antigen ligase family protein [Plectonema radiosum]	WP_19392244 0.1		46 kDa	integral component of membrane; ligase activity		<a href="#">integral component of membrane</a>	ligase activity
477	phosphate ABC transporter permease [Nostocales cyanobacterium]	TAE61232.1		26 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
480	MULTISPECIES: tryptophan-rich sensory protein [Calothrix]	WP_19054569 9.1		29 kDa				
481	cation:proton antiporter [Cyanobacterium stanieri]	WP_19380172 4.1		74 kDa	integral component of membrane; solute:proton antiporter activity		<a href="#">integral component of membrane</a>	solute:proton antiporter activity
482	MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostocales]	WP_19067222 6.1		12 kDa	<a href="#">nucleic acid binding</a>			<a href="#">nucleic acid binding</a>
483	MULTISPECIES: arsenosugar biosynthesis radical SAM protein ArsS [unclassified Limnothrix]	WP_19052863 6.1		37 kDa	catalytic activity; iron- sulfur cluster binding; metal ion binding			catalytic activity; iron-sulfur cluster binding; metal ion binding

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

495	filamentous hemagglutinin N-terminal domain-containing protein [Oscillatoriales cyanobacterium]	TAG73743.1		235 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
504	RNA-binding protein [Desmonostoc muscorum]	WP_193918337.1		13 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
505	hypothetical protein [Nostoc sp. FACHB-280]	WP_190980648.1		18 kDa				
524	hypothetical protein [Coleofasciculus sp. LEGE 07092]	WP_193933278.1		61 kDa	integral component of membrane; helicase activity; nucleic acid binding		<a href="#">integral component of membrane</a>	helicase activity; nucleic acid
751	hypothetical protein [Anabaena azotica]	WP_190467456.1		114 kDa	nucleotide binding; transferase activity; DNA replication	DNA replication		nucleotide binding; transferase activity
765	hypothetical protein AUI36_18085 [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE52502.1		44 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
769	hypothetical protein [Anabaena minutissima]	WP_190708778.1		36 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

## Tabella Supplementare I:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

789	OpgC domain-containing protein [Aphanizomenon flos-aquae]	WP_19038283 5.1		43 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
76	hypothetical protein [Leptolyngbya sp. FACHB-321]	WP_19050965 8.1		18 kDa	integral component of membrane; molybdate ion transmembrane transporter activity		<a href="#">integral component of membrane</a>	<a href="#">molybdate ion transmembrane transporter activity</a>
111	MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Fischerella]	WP_01686848 7.1		54 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
113	MULTISPECIES: TIGR04222 domain-containing membrane protein [Nostocales]	WP_19058428 1.1		34 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
154	hypothetical protein DCE90_08665 [Pseudanabaena sp.]	PZU96711.1		33 kDa				
179	hypothetical protein [Tychonema sp. LEGE 07203]	WP_19406102 0.1		10 kDa	2 iron, 2 sulfur cluster binding; DNA binding; regulation of transcription, DNA-templated; response to oxidative stress	regulation of transcription, DNA-templated; response to oxidative stress		2 iron, 2 sulfur cluster binding; DNA binding
43	TIGR04222 domain-containing membrane protein [Microcoleus sp. FACHB-53]	WP_19049802 2.1		53 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

125	MULTISPECIES: microcyclamide/patella mide family RiPP [Nostocales]	WP_09664745 3.1		8 kDa				
144	four-helix bundle copper-binding protein [Cylindrospermum sp. FACHB-282]	WP_19046192 5.1		14 kDa				
150	MULTISPECIES: hypothetical protein [unclassified Tychonema]	WP_19401209 0.1		6 kDa	integral component of membrane; metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity; immune response; toll-like receptor signaling pathway	immune response; toll- like receptor signaling pathway	<a href="#">integral component of membrane</a>	metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity
219	four-helix bundle copper-binding protein [Nodosilinea sp. LEGE 07298]	WP_19402151 2.1		14 kDa				
362	membrane protein insertion efficiency factor YidD [Phormidium sp. FACHB-592]	WP_19044743 4.1		25 kDa				
158	hypothetical protein [Microcoleus sp. FACHB-68]	WP_19075823 5.1		12 kDa	integral component of membrane; GTP binding		<a href="#">integral component of membrane</a>	<a href="#">GTP binding</a>

## Tabella Supplementare I:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

164	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase, putative [Chroococcus sp. FPU101]	GFE68019.1		31 kDa	integral component of membrane; serine-type D-Ala-D-Ala carboxypeptidase activity		<a href="#">integral component of membrane</a>	<a href="#">serine-type D-Ala-D-Ala carboxypeptidase activity</a>
200	30S ribosomal protein S2 [Leptolyngbya valderiana BDU 20041]	OAB55551.1		34 kDa	small ribosomal subunit; structural constituent of ribosome; translation	<a href="#">translation</a>	<a href="#">small ribosomal subunit</a>	<a href="#">structural constituent of ribosome</a>
236	hypothetical protein [Tolypothrix sp. FACHB-123]	WP_19074736 0.1		283 kDa	integral component of membrane; transmembrane transport	<a href="#">transmembrane transport</a>	<a href="#">integral component of membrane</a>	
364	MULTISPECIES: DNA-directed RNA polymerase subunit beta' [unclassified Leptolyngbya]	WP_19077486 0.1		147 kDa	DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding; transcription, DNA-templated	<a href="#">transcription, DNA-templated</a>		DNA binding; DNA-directed 5'-3' RNA polymerase activity; zinc ion binding
468	hypothetical protein [Synechococcus sp. RSCCF101]	WP_19196493 7.1		409 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
83	hypothetical protein [Nostoc sp. MG11]	WP_19320078 7.1		22 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
136	DEAD/DEAH box helicase [Synechocystis salina]	WP_19402007 3.1		206 kDa	ATP binding; helicase activity; nucleic acid binding		ATP binding; helicase activity; nucleic acid binding	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

163	hypothetical protein [[Phormidium] sp. ETS-05]	WP_19924807 2.1		30 kDa	<a href="#">transferase activity</a>			<a href="#">transferase activity</a>
180	hypothetical protein DCF19_19805 [Pseudanabaena frigida]	PZO37072.1		94 kDa				
203	signal peptide peptidase SppA [Leptolyngbya sp.]	PZV19156.1		66 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; serine-type peptidase activity; signal peptide processing	<a href="#">signal peptide processing</a>	integral component of membrane; plas ma membrane	<a href="#">serine-type peptidase activity</a>
262	M15 family metallopeptidase [Microcystis aeruginosa]	WP_15819973 8.1		29 kDa				carboxypeptidase activity
295	DUF3536 domain- containing protein [Leptolyngbya sp. FACHB-711]	WP_19079185 2.1		102 kDa	hydrolase activity; carbohydrate metabolic process	<a href="#">carbohydrate metabolic process</a>		<a href="#">hydrolase activity</a>
296	exosortase/archaeosorta se family protein [Synechococcus sp. MW101C3]	WP_14403685 6.1		29 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; peptidase activity		integral component of membrane; plas ma membrane	<a href="#">peptidase activity</a>
300	UPF0182 protein [Cyanobium sp.]	GDX76406.1		101 kDa	integral component of membrane; plasma membrane		integral component of membrane; plas ma membrane	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

304	CHAT domain-containing protein [Microcoleus sp. FACHB-DQ6]	WP_19073765 6.1		90 kDa	protein prenyltransferase activity; protein prenylation	<a href="#">protein prenylation</a>		<a href="#">protein prenyltransferase activity</a>
314	hypothetical protein AUI36_09955 [Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4]	OLE63410.1		98 kDa	methyltransferase activity; nucleic acid binding; methylation	<a href="#">methylation</a>		methyltransferase activity; nucleic acid binding
315	16S rRNA (adenine(1518)-N(6)/adenine(1519)-N(6))-dimethyltransferase RsmA [Nostoc sp. UHCC 0702]	WP_20626731 4.1		33 kDa	cytoplasm; 16S rRNA (adenine(1518)-N(6)/adenine(1519)-N(6))-dimethyltransferase activity; RNA binding; rRNA (adenine-N6,N6-)-dimethyltransferase activity		<a href="#">cytoplasm</a>	16S rRNA (adenine(1518)-N(6)/adenine(1519)-N(6))-dimethyltransferase activity; RNA binding; rRNA (adenine-N6,N6-)-dimethyltransferase activity
320	M50 family metalloproteinase [Desmonostoc muscorum]	WP_19392565 2.1		26 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	



## Tabella Supplementare I:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

335	MULTISPECIES: protein translocase subunit SecD [Cyanobacteria]	WP_19045496 1.1		51 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; P-P-bond- hydrolysis-driven protein transmembrane transporter activity; intracellular protein transmembrane transport; protein targeting; protein transport by the Sec complex	intracellular protein transmembrane transport; protei n targeting; protei n transport by the Sec complex	integral component of membrane; plas ma membrane	<a href="#">P-P-bond- hydrolysis-driven protein transmembrane transporter activity</a>
338	hypothetical protein [Microcoleus sp. FACHB-831]	WP_19049201 2.1		94 kDa	<a href="#">glutathione metabolic process</a>	<a href="#">glutathione metabolic process</a>		
341	MULTISPECIES: DEAD/DEAH box helicase [Calothrix]	WP_19054006 6.1		241 kDa	ATP binding; nucleic acid binding			ATP binding; nucleic acid binding
347	HEPN domain- containing protein [Pseudanabaena sp.]	PZV13151.1		14 kDa				
360	S-layer homology domain-containing protein [Nostoc spongiaeforme]	WP_19097039 4.1		74 kDa	<a href="#">peptidase activity</a>			<a href="#">peptidase activity</a>
376	MULTISPECIES: AbrB family transcriptional regulator [Arthrospira]	WP_00661922 5.1		41 kDa	integral component of membrane; regulation of gene expression	<a href="#">regulation of gene expression</a>	<a href="#">integral component of membrane</a>	

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

388	hormogonium polysaccharide biosynthesis protein HpsA [Fischerella thermalis]	WP_102151917.1		180 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
430	lysylphosphatidylglycerol synthetase [Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58]	PSO50882.1		35 kDa	integral component of membrane; plasma membrane			integral component of membrane; plasma membrane
433	PBP1A family penicillin-binding protein [Hassallia byssoidea]	WP_201280559.1		95 kDa	integral component of membrane; carboxypeptidase activity; penicillin binding; peptidoglycan glycosyltransferase activity		<a href="#">integral component of membrane</a>	carboxypeptidase activity; penicillin binding; peptidoglycan glycosyltransferase activity
472	microcyclamide/patellamide family RiPP [Microcoleus asticus]	WP_172192413.1		8 kDa				
490	MULTISPECIES: conjugal transfer protein TrbI [unclassified Cyanobium]	WP_186696554.1		6 kDa	<a href="#">metal ion binding</a>			<a href="#">metal ion binding</a>
494	rubredoxin [Leptolyngbya sp.]	PZV21555.1		17 kDa	integral component of membrane; iron ion binding; oxidation-reduction process	<a href="#">oxidation-reduction process</a>	<a href="#">integral component of membrane</a>	<a href="#">iron ion binding</a>

## Tabella Supplementare I:

*Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di A. maxima di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.*

512	response regulator [Phormidium tenue]	WP_19113030 1.1		114 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; phosphorelay sensor kinase activity		integral component of membrane; plasma membrane	<a href="#">phosphorelay sensor kinase activity</a>
734	glycogen synthase GlgA [Oculatella sp. LEGE 06141]	WP_19388174 2.1		57 kDa	alpha-1,4-glucan synthase activity; glycogen (starch) synthase activity; starch synthase activity; glycogen biosynthetic process	<a href="#">glycogen biosynthetic process</a>		alpha-1,4-glucan synthase activity; glycogen (starch) synthase activity; starch synthase activity
792	hypothetical protein [Kamptonema formosum]	WP_19378913 8.1		8 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
190	hypothetical protein CRD_02480 [Raphidiopsis brookii D9]	EFA71962.1		8 kDa				
167	calcium-binding protein [Microcoleus sp. FACHB-45]	WP_19069378 1.1		222 kDa	calcium ion binding; intein-mediated protein splicing	<a href="#">intein-mediated protein splicing</a>		<a href="#">calcium ion binding</a>
237	WP_190954404.1- DECOY MULTISPECIES: hypothetical protein [Nostoc]	WP_19095440 4.1		283 kDa	integral component of membrane; metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity; immune response; toll-like receptor signaling pathway	immune response; toll-like receptor signaling pathway	<a href="#">integral component of membrane</a>	metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

238	FHA domain-containing protein [Microcoleus sp. FACHB-SPT15]	WP_19221682 0.1		40 kDa	integral component of membrane; endonuclease activity; metal ion binding; nucleic acid binding		<a href="#">integral component of membrane</a>	endonuclease activity; metal ion binding; nucleic acid binding
249	hypothetical protein DCF32_05715 [Leptolyngbya sp.]	PZV08091.1		9 kDa	integral component of membrane		integral component of membrane	
337	RecName: Full=Uncharacterized RNA methyltransferase Pro_0965	Q7VBX7.1		48 kDa		<a href="#">RNA processing</a>		4 iron, 4 sulfur cluster binding metal ion binding RNA methyltransferase activity
768	hypothetical protein [Myxacorys almedinensis]	WP_20292520 8.1		12 kDa	magnesium ion binding; ribonuclease activity; toxin activity			magnesium ion binding; ribonuclease activity; toxin activity
194	glycosyltransferase family 39 protein [Nostoc sp. FACHB-888]	WP_19072922 4.1		62 kDa	integral component of membrane; plasma membrane; transferase activity, transferring glycosyl groups		integral component of membrane; plasma membrane	<a href="#">transferase activity, transferring glycosyl groups</a>
242	FecR domain-containing protein [Oscillatoria sp. FACHB-1407]	WP_19933690 2.1		53 kDa				

**Tabella Supplementare I:**

Gene ontology (GO): biological process, cellular component, molecular function delle proteine estratte dai campioni di *A. maxima* di colture trattate con 0,2mM glifosato più microplastiche.

161	four-helix bundle copper-binding protein [Fortiea sp. LEGE XX443]	WP_19388485 8.1		14 kDa				
201	DUF2207 domain-containing protein [Nostoc sp. FACHB-973]	WP_19088060 4.1		33 kDa	integral component of membrane			integral component of membrane
380	MULTISPECIES: hypothetical protein [unclassified Tychonema]	WP_19401265 2.1		5 kDa	integral component of membrane; metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity; immune response; toll-like receptor signaling pathway	immune response; toll-like receptor signaling pathway	<a href="#">integral component of membrane</a>	metal ion binding; transmembrane signaling receptor activity
160	MULTISPECIES: DUF2207 domain-containing protein [Calothrix]	WP_19054083 7.1		32 kDa	integral component of membrane			integral component of membrane

## Tabella Supplementare L

**Tabella Supplementare L:** Livelli di espressione dell'enzima EPSPS e Chorismate synthase identificate nei campioni di *Arthrospira maxima* trattati con glifosato e microplastiche. Numero di spettri di massa identificati in ciascun campione di controllo (CTRL) e ai diversi giorni di trattamento con glifosato e microplastiche (Gly-MPs), valori di Fold change e significatività dei livelli di espressione nei trattati rispetto al controllo ai diversi giorni di trattamento. n=3. In rosso i valori di probabilità associata a un test t di Student con  $P < 0.001$  e  $P < 0.0001$ .

Sample	Accession Number	Identified Proteins	Alternate ID	Molecular Weight	Quantitative Variance	Statistics	Exclusive Spectrum Count										Fold Chage Gly-MPs vs control							
							CTRL 7d	CTRL 14d	CTRL 21d	CTRL 28 d	CTRL 35d	CTRL 42 d	Gly-MPs 7d	Gly-MPs 14 d	Gly-MPs 21d	Gly-MPs 28 d	Gly-MPs 35 d	Gly-MPs 42 d	FC 7d	FC 14d	FC 21d	FC 28 d	FC 35d	FC 42 d
biological replicate 1	A0A3D0SGP0	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium UBA11991 OX=2055789 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	46 kDa	68%		29	40	50	44	46	7	38	32	38	55	16	8	1.31	0.8	0.76	1.25	0.348	1.1429
	A0A5M4D3E7	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium CYA OX=2484221 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	52 kDa	56%		38	45	39	26	23	12	25	21	25	27	7	15	0.66	0.47	0.64	1.0385	0.304	1.25
	A0A349HYN1	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium UBA10660 OX=2060919 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	38 kDa	49%		36	31	25	29	18	7	42	22	26	31	4	4	1.17	0.71	1.04	1.069	0.222	0.5714
	A0A3D0SKF1	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium UBA11991 OX=2055789 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	38 kDa	61%		38	32	23	35	10	9	26	25	22	21	3	16	0.68	0.78	0.96	0.6	0.3	1.7778
	A0A1Z9JJ68	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium TMED177 OX=1986677 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	38 kDa	72%		38	43	35	15	7	13	21	27	26	19	3	12	0.55	0.63	0.74	1.2667	0.429	0.9231
	A0A3M1KWS9	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium J083 OX=2420336 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	39 kDa	54%		21	35	26	14	14	3	23	27	25	14	7	9	1.1	0.77	0.96	1	0.5	3
	A0A353QXV2	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium UBA9971 OX=2055776 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	46 kDa	56%		22	26	25	26	15	7	21	16	26	20	3	12	0.95	0.62	1.04	0.7692	0.2	1.7143
	A0A3M1T3J5	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium J055 OX=2420338 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	39 kDa	54%		27	39	22	30	12	2	29	20	26	27	7	10	1.07	0.51	1.18	0.9	0.583	5
	A0A5M4D0X9	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium CYA OX=2484221 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	42 kDa	60%		33	24	30	22	22	7	21	17	14	32	8	6	0.64	0.71	0.47	1.4545	0.364	0.8571
	A0A351L8S8	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium UBA11371 OX=2055770 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	39 kDa	56%		28	29	31	22	15	7	27	23	14	24	9	2	0.96	0.79	0.45	1.0909	0.6	0.2857



## Tabella Supplementare L

biological replicate 2

A0A3M1KU44	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium J083 OX=2420336 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	47 kDa	60%		13	30	22	19	10	2	20	16	9	14	7	7	1.54	0.53	0.41	0.7368	0.7	3.5
A0A357A4A6	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium UBA11691 OX=2055778 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	48 kDa	56%		10	23	21	10	10	4	21	14	17	16	1	6	2.1	0.61	0.81	1.6	0.1	1.5
A0A2T2R9G2	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium SW_9_44_58 OX=1919144 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	48 kDa	61%		17	23	16	18	6	2	15	16	23	20	1	7	0.88	0.7	1.44	1.1111	0.167	3.5
A0A3M0YJT8	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium J149 OX=2420335 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	39 kDa	50%		24	19	15	19	12	5	23	14	13	12	5	7	0.96	0.74	0.87	0.6316	0.417	1.4
A0A3M2G9N9	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium J007 OX=2420339 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	48 kDa	63%		17	21	11	8	10	2	17	22	19	11	1	3	1	1.05	1.73	1.375	0.1	1.5
A0A1Z9JHE9	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium TMED177 OX=1986677 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	46 kDa	60%		18	16	21	12	8	2	12	11	13	18	2	7	0.67	0.69	0.62	1.5	0.25	3.5
A0A2T2S2G2	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium QS_8_64_29 OX=1919134 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	48 kDa	58%		17	14	17	13	12	1	13	11	17	13	1	6	0.76	0.79	1	1	0.083	6
A0A1Q7ZAR7	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium 13_1_40CM_2_61_4 OX=1805101 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	39 kDa	67%		18	26	16	15	10	1	21	11	19	13	1	2	1.17	0.42	1.19	0.8667	0.1	2
A0A351L5P3	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Cyanobacteria bacterium UBA11371 OX=2055770 GN=aroA PE=3 SV=1	aroA	48 kDa	56%		19	16	12	14	6	1	14	9	10	15	1	5	0.74	0.56	0.83	1.0714	0.167	5
A0A3C1M158	Chorismate synthase OS=Cyanobacteria bacterium UBA8156 OX=2055767 GN=aroC PE=3 SV=1	aroC	39 kDa	63%		20	17	17	12	10	3	25	7	10	10	7	6	1.25	0.41	0.59	0.8333	0.7	2
Q2JLV2	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Synechococcus sp. (strain JA-2-3B'a(2-13)) OX=321332 GN=aroA PE=3 SV=2	aroA	47 kDa	59%		13	16	14	13	7	3	19	12	16	11	1	1	1.46	0.75	1.14	0.8462	0.143	0.3333
					Total spectra	275	314	256	223	151	46	286	202	254	233	40	89						
					Fold Change (cumulative)	1.04	0.64331	0.99219	1.04484	0.2649	1.9348												









Tabella Supplementare M:

Tabella Supplementare M: Numero di spettri di massa identificati per ciascuna proteina in ciascun campione di controllo (CTRL) e ai diversi giorni di trattamento con glifosato e microplastiche (Gly-MPs)

Proteins	CTR L.7d	CTR L.14d	CTRL 21d	CTRL 28d	CTR L.35d	CTRL 42d	Gly-MPs 7d	Gly-MPs 14d	Gly-MPs 21d	Gly-MPs 28d	Gly-MPs 35d	Gly-MPs 42d	CTRL 7d	CTR L.14d	CTRL 21d	CTRL 28d	CTR L.35d	CTRL 42d	Gly-MPs 7d	Gly-MPs 14d	Gly-MPs 21d	Gly-MPs 28d	Gly-MPs 35d	Gly-MPs 42d	CTR L.7d	CTR L.14d	CTRL 21d	CTR L.28d	CTR L.35d	CTRL 42d	Gly-MPs 7d	Gly-MPs 14d	Gly-MPs 21d	Gly-MPs 28d	Gly-MPs 35d	Gly-MPs 42d	CTRL 7d	CTR L.14d	CTRL 21d	CTRL 28d	CTR L.35d	CTRL 42d	Gly-MPs 7d	Gly-MPs 14d	Gly-MPs 21d	Gly-MPs 28d	Gly-MPs 35d	Gly-MPs 42d																												
A0A3M2GCR5	15	20	16	14	7	2	17	11	17	5	4	4	15	20	16	14	7	2	17	11	17	5	4	4	16	21	17	15	8	3	16	10	16	4	3	3	14	19	15	13	6	1	17	11	17	5	4	4	15	20	16	14	7	2	16	10	16	4	3	3																
A0A3M1SNT3	12	11	15	16	10	2	11	14	15	11	2	8	12	11	15	16	10	2	11	14	15	11	2	8	12	11	15	16	10	2	11	14	15	11	2	8	12	11	15	16	10	2	11	14	15	11	2	8	12	11	15	16	10	2	10	13	14	10	1	7																
A0A2N5JQ00	13	22	24	10	3	1	11	10	13	17	3	6	13	22	24	10	3	1	11	10	13	17	3	6	14	23	25	11	4	2	10	9	12	16	2	5	12	21	23	9	2	0	11	10	13	17	3	6	13	22	24	10	3	1	10	9	12	16	2	5																
A0A3M2FSH8	19	8	12	13	7	1	19	8	12	14	6	4	19	8	12	13	7	1	19	8	12	14	6	4	19	8	12	13	7	1	19	8	12	14	6	4	19	8	12	14	6	4	19	8	12	14	6	4	19	8	12	13	7	1	18	7	11	13	5	3																
A0A2T2RNU8	16	22	12	7	12	2	9	10	13	10	3	5	16	22	12	7	12	2	9	10	13	10	3	5	16	22	12	7	12	2	9	10	13	10	3	5	16	22	12	7	12	2	9	10	13	10	3	5	16	22	12	7	12	2	8	9	12	9	2	4																
A0A2T2S2N8	9	11	15	20	9	1	12	4	10	21	3	4	9	11	15	20	9	1	12	4	10	21	3	4	9	11	15	20	9	1	12	4	10	21	3	4	9	11	15	20	9	1	12	4	10	21	3	4	9	11	15	20	9	1	11	3	9	20	2	3																
A0A350Y9P9	22	12	17	14	8	3	8	10	17	12	0	9	22	12	17	14	8	3	8	10	17	12	0	9	22	12	17	14	8	3	8	10	17	12	0	9	22	12	17	14	8	3	8	10	17	12	0	9	22	12	17	14	8	3	7	9	16	11	-1	8																
A0A2N5JY2	9	10	15	16	7	3	10	7	7	16	1	9	9	10	15	16	7	3	10	7	7	16	1	9	9	10	15	16	7	3	10	7	7	16	1	9	9	10	15	16	7	3	10	7	7	16	1	9	9	10	15	16	7	3	9	6	15	0	8																	
A0A352XCJ5	10	17	13	7	7	2	11	4	19	8	3	3	10	17	13	7	7	2	11	4	19	8	3	3	10	17	13	7	7	2	11	4	19	8	3	3	10	17	13	7	7	2	11	4	19	8	3	3	10	17	13	7	7	2	10	3	18	7	2	2																
A0A352AGQ3	17	16	15	13	7	3	10	7	14	17	3	2	17	16	15	13	7	3	10	7	14	17	3	2	17	16	15	13	7	3	10	7	14	17	3	2	18	17	16	14	8	4	9	6	13	16	2	1	16	15	14	12	6	2	10	7	14	17	3	2	17	16	15	13	7	3	9	6	13	16	2	1				
A0A3M0YJ25	14	13	10	12	11	2	14	5	9	9	2	2	14	13	10	12	11	2	14	5	9	9	2	2	14	13	10	12	11	2	14	5	9	9	2	2	15	14	11	13	12	3	13	4	8	8	1	1	13	12	9	11	10	1	14	5	9	9	2	2	14	13	10	12	11	2	13	4	8	8	1	1				
A0A3M1PBC8	6	12	13	14	4	1	4	5	8	8	1	7	6	12	13	14	4	1	4	5	8	8	1	7	6	12	13	14	4	1	4	5	8	8	1	7	6	12	13	14	4	1	4	5	8	8	1	7	6	12	13	14	4	1	3	4	7	7	0	6																
A0A350YGB3	8	19	10	6	8	3	6	7	6	5	2	8	19	10	6	8	3	6	7	6	5	2	8	19	10	6	8	3	6	7	6	5	2	9	20	11	7	9	4	5	6	6	5	4	1	7	18	9	5	7	2	6	7	6	5	2	8	19	10	6	8	3	5	6	5	4	1									
A0A3CONDG2	16	8	12	7	10	1	4	4	16	9	3	3	16	8	12	7	10	1	4	4	16	9	3	3	16	8	12	7	10	1	4	4	16	9	3	3	17	9	13	8	11	2	3	15	8	2	2	15	7	11	6	9	0	4	4	16	9	3	3	16	8	12	7	10	1	3	3	15	8	2	2					
QJLJL4	16	6	11	12	4	0	14	8	7	6	0	3	16	6	11	12	4	0	14	8	7	6	0	3	16	6	11	12	4	0	14	8	7	6	0	3	17	7	12	13	5	-1	13	7	6	5	-1	2	15	5	10	11	3	-1	14	8	7	6	0	3	16	6	11	12	4	0	13	7	6	5	-1	2				
A0A3B8R09	6	13	7	5	6	3	8	6	6	14	2	3	6	13	7	5	6	3	8	6	6	14	2	3	6	13	7	5	6	3	8	6	6	14	2	3	7	14	8	6	7	4	7	5	5	13	1	2	5	12	6	4	5	2	8	6	6	14	2	3	6	13	7	5	6	3	7	5	5	13	1	2				
A0A355DNL9	5	7	2	6	6	1	12	4	1	8	0	9	5	7	2	6	6	1	12	4	1	8	0	9	5	7	2	6	6	1	12	4	1	8	0	9	5	7	2	6	6	1	12	4	1	8	0	9	5	7	2	6	6	1	11	3	0	7	-1	8																
A0A359BK59	28	19	19	12	12	4	23	8	25	14	5	4	28	19	19	12	12	4	23	8	25	14	5	4	28	19	19	12	12	4	23	8	25	14	5	4	29	20	13	13	5	22	7	24	13	4	3	27	18	18	11	11	3	23	8	25	14	5	4	28	19	19	12	12	4	22	7	24	13	4	3					
A0A3M2FMF8	20	29	26	12	14	6	25	22	23	25	1	8	20	29	26	12	14	6	25	22	23	25	1	8	20	29	26	12	14	6	25	22	23	25	1	8	21	30	27	13	15	7	24	21	22	24	0	7	19	28	25	11	13	5	25	22	23	25	1	8	20	29	26	12	14	6	24	21	22	24	0	7				
A0A359BJK3	26	21	13	18	16	5	19	13	17	16	3	9	26	21	13	18	16	5	19	13	17	16	3	9	26	21	13	18	16	5	19	13	17	16	3	9	27	22	14	19	17	6	18	12	16	15	2	8	25	20	12	17	15	4	19	16	13	17	16	3	9	26	21	13	18	16	5	18	12	16	15	2	8			
A0A353WL5A	15	24	16	28	8	5	19	16	23	25	3	11	15	24	16	28	8	5	19	16	23	25	3	11	15	24	16	28	8	5	19	16	23	25	3	11	16	25	17	29	9	6	18	15	22	24	2	10	14	23	15	27	7	4	19	16	23	25	3	11	15	24	16	28	8	5	18	15	22	24	2	10				
A0A3M1KU44	13	30	22	19	10	2	20	16	9	14	7	7	13	30	22	19	10	2	20	16	9	14	7	7	13	30	22	19	10	2	20	16	9	14	7	7	14	31	23	20	11	3	19	15	8	13	6	5	9	12	29	21	18	9	3	20	16	9	14	7	7	13	30	22	19	10	2	19	10	2	19	15	8	13	6	6
A0A357A4A6	10	23	21	10	10	4	21	14	17	16	1	6	10	23	21	10	10	4	21	14	17	16	1	6	10	23	21	10	10	4	21	14	17	16	1	6	11	11	5	20	13	16	15	0	5	9	22	20	9	9	3	21	14	17	16	1	6	10	23	21	10	10	4	20	13	16	15	0	5							
A0A2T2R9G2	17	23	16	18	6	2	15	16	23	20	1	7	17	23	16	18	6	2	15	16	23	20	1	7	17	23	16	18	6	2	15	16	23	20	1	7	18	24	17	19	7	3	14	15	22	19	0	6	16	22	15	17	5	1	15	16	23	20	1	7	17	23	16	18	6	2	14	15	22	19	0	6				
A0A3M0YJF8	24	19	15	19	12	5	23	14	13	12	5	7	24	19	15	19	12	5	23	14	13	12	5	7	24	19	15	19	12	5	23	14	13	12	5	7	25	20	16	20	13	6	22	13	12	11	4	6	23	18	14	18	11	4	23	14	13	12	5	7	24	19	15	19	12	5	22	13	12	11	4	6				
A0A3M2G9N9	17	21	11	8	10	2	17	22	19	11	1	3	17	21	11	8	10	2	17	22	19	11	1	3	17	21	11	8	10	2	17	22	19	11	1	3	18	22	12	9	11	3	16	21	18	10	0																													

**Tabella Supplementare N:**  
*Analisi statistica della “Differential expression” dell’enzima EPSPS e Chorismate synthase identificate nei campioni di Arthrospira maxima trattati con glifosato e microplastiche.*

XLSTAT 2021.3.1.1187 - Differential expression - Start time: 24/09/2021 at 12:40:19 / End time: 24/09/2021 at 12:40:21 / Microsoft Excel 12.06776

Y / Features/Individuals table: Workbook = EPSPS fold change and statistics.xlsx / Sheet = spectrum counts / Range = 'spectrum counts'!\$A\$1:\$AK\$48 / 47 rows and 37 columns

X / Qualitative: Workbook = EPSPS fold change and statistics.xlsx / Sheet = spectrum counts / Range = 'spectrum counts'!\$BY\$7:\$BZ\$43 / 36 rows and 2 columns

Test type: Parametric

Significance level (%): 5

p-values to keep: 663

Post-hoc corrections: None

**Results for factor sample: Treated/control**

47 features with the lowest p-values (sample):

Features	p-value	Significant	Gly-MPs 7d	Gly-MPs 14 d	Gly-MPs 21d	Gly-MPs 28 d	Gly-MPs 35 d	Gly-MPs 42 d	CTRL 7d	CTRL 14d	CTRL 21d	CTRL 28 d	CTRL 35d	CTRL 42 d
A0A3M2GCR5	<0,0001	Yes	15 (g)	20 (j)	16 (h)	14 (f)	7 (d)	2 (a)	17 (i)	11 (e)	17 (i)	5 (c)	4 (b)	4 (b)
A0A3M1SNT3	<0,0001	Yes	12 (e)	11 (d)	15 (g)	16 (h)	10 (c)	2 (a)	11 (d)	14 (f)	15 (g)	11 (d)	2 (a)	8 (b)
A0A2N5JQ00	<0,0001	Yes	13 (f)	22 (h)	24 (i)	10 (d)	3 (b)	1 (a)	11 (e)	10 (d)	13 (f)	17 (g)	3 (b)	6 (c)
A0A3M2FSH8	<0,0001	Yes	19 (i)	8 (e)	12 (f)	13 (g)	7 (d)	1 (a)	19 (i)	8 (e)	12 (f)	14 (h)	6 (c)	4 (b)
A0A2T2RNU8	<0,0001	Yes	16 (i)	22 (j)	12 (g)	7 (d)	12 (g)	2 (a)	9 (e)	10 (f)	13 (h)	10 (f)	3 (b)	5 (c)
A0A2T2S2N8	<0,0001	Yes	9 (d)	11 (f)	15 (h)	20 (i)	9 (d)	1 (a)	12 (g)	4 (c)	10 (e)	21 (j)	3 (b)	4 (c)
A0A350Y9P9	<0,0001	Yes	22 (i)	12 (f)	17 (h)	14 (g)	8 (c)	3 (b)	8 (c)	10 (e)	17 (h)	12 (f)	0 (a)	9 (d)
A0A2N5JSY2	<0,0001	Yes	9 (d)	10 (e)	15 (f)	16 (g)	7 (c)	3 (b)	10 (e)	7 (c)	7 (c)	16 (g)	1 (a)	9 (d)
A0A352XCJ5	<0,0001	Yes	10 (f)	17 (i)	13 (h)	7 (d)	7 (d)	2 (a)	11 (g)	4 (c)	19 (j)	8 (e)	3 (b)	3 (b)
A0A352AGQ3	<0,0001	Yes	17 (i)	16 (h)	15 (g)	13 (e)	7 (c)	3 (b)	10 (d)	7 (c)	14 (f)	17 (i)	3 (b)	2 (a)
A0A3M0YJ25	<0,0001	Yes	14 (h)	13 (g)	10 (d)	12 (f)	11 (e)	2 (a)	14 (h)	5 (b)	9 (c)	9 (c)	2 (a)	2 (a)
A0A3M1PBC8	<0,0001	Yes	6 (d)	12 (g)	13 (h)	14 (i)	4 (b)	1 (a)	4 (b)	5 (c)	8 (f)	8 (f)	1 (a)	7 (e)
A0A350YGB3	<0,0001	Yes	8 (f)	19 (h)	10 (g)	6 (d)	8 (f)	3 (b)	6 (d)	7 (e)	7 (e)	6 (d)	5 (c)	2 (a)
A0A3C0NDG2	<0,0001	Yes	16 (i)	8 (e)	12 (h)	7 (d)	10 (g)	1 (a)	4 (c)	4 (c)	16 (i)	9 (f)	3 (b)	3 (b)
Q2JLD4	<0,0001	Yes	16 (j)	6 (d)	11 (g)	12 (h)	4 (c)	0 (a)	14 (i)	8 (f)	7 (e)	6 (d)	0 (a)	3 (b)
A0A3B8JRQ9	<0,0001	Yes	6 (d)	13 (g)	7 (e)	5 (c)	6 (d)	3 (b)	8 (f)	6 (d)	6 (d)	14 (h)	2 (a)	3 (b)

**Tabella Supplementare N:**  
*Analisi statistica della “Differential expression” dell’enzima EPSPS e Chorismate synthase identificate nei campioni di Arthrospira maxima trattati con glifosato e microplastiche.*

A0A355DNL9	<0,0001	Yes	5 (e)	7 (g)	2 (c)	6 (f)	6 (f)	1 (b)	12 (j)	4 (d)	1 (b)	8 (h)	0 (a)	9 (i)
A0A359BK59	<0,0001	Yes	28 (i)	19 (f)	19 (f)	12 (d)	12 (d)	4 (a)	23 (g)	8 (c)	25 (h)	14 (e)	5 (b)	4 (a)
A0A3M2FMT8	<0,0001	Yes	20 (f)	29 (k)	26 (j)	12 (d)	14 (e)	6 (b)	25 (i)	22 (g)	23 (h)	25 (i)	1 (a)	8 (c)
A0A359BJK3	<0,0001	Yes	26 (j)	21 (i)	13 (d)	18 (g)	16 (e)	5 (b)	19 (h)	13 (d)	17 (f)	16 (e)	3 (a)	9 (c)
A0A353WLA5	<0,0001	Yes	15 (e)	24 (i)	16 (f)	28 (k)	8 (c)	5 (b)	19 (g)	16 (f)	23 (h)	25 (j)	3 (a)	11 (d)
A0A3M1KU44	<0,0001	Yes	13 (e)	30 (k)	22 (j)	19 (h)	10 (d)	2 (a)	20 (i)	16 (g)	9 (c)	14 (f)	7 (b)	7 (b)
A0A357A4A6	<0,0001	Yes	10 (d)	23 (i)	21 (h)	10 (d)	10 (d)	4 (b)	21 (h)	14 (e)	17 (g)	16 (f)	1 (a)	6 (c)
A0A2T2R9G2	<0,0001	Yes	17 (g)	23 (j)	16 (f)	18 (h)	6 (c)	2 (b)	15 (e)	16 (f)	23 (j)	20 (i)	1 (a)	7 (d)
A0A3M0YJT8	<0,0001	Yes	24 (i)	19 (g)	15 (f)	19 (g)	12 (c)	5 (a)	23 (h)	14 (e)	13 (d)	12 (c)	5 (a)	7 (b)
A0A3M2G9N9	<0,0001	Yes	17 (g)	21 (i)	11 (f)	8 (d)	10 (e)	2 (b)	17 (g)	22 (j)	19 (h)	11 (f)	1 (a)	3 (c)
A0A1Z9JHE9	<0,0001	Yes	18 (h)	16 (g)	21 (i)	12 (e)	8 (c)	2 (a)	12 (e)	11 (d)	13 (f)	18 (h)	2 (a)	7 (b)
A0A2T2S2G2	<0,0001	Yes	17 (g)	14 (f)	17 (g)	13 (e)	12 (d)	1 (a)	13 (e)	11 (c)	17 (g)	13 (e)	1 (a)	6 (b)
A0A1Q7ZAR7	<0,0001	Yes	18 (h)	26 (k)	16 (g)	15 (f)	10 (c)	1 (a)	21 (j)	11 (d)	19 (i)	13 (e)	1 (a)	2 (b)
A0A351L5P3	<0,0001	Yes	19 (j)	16 (i)	12 (f)	14 (g)	6 (c)	1 (a)	14 (g)	9 (d)	10 (e)	15 (h)	1 (a)	5 (b)
A0A3C1M158	<0,0001	Yes	20 (g)	17 (f)	17 (f)	12 (e)	10 (d)	3 (a)	25 (h)	7 (c)	10 (d)	10 (d)	7 (c)	6 (b)
Q2JLV2	<0,0001	Yes	13 (f)	16 (h)	14 (g)	13 (f)	7 (c)	3 (b)	19 (i)	12 (e)	16 (h)	11 (d)	1 (a)	1 (a)
A0A3D0SGP0	<0,0001	Yes	29 (d)	40 (g)	50 (j)	44 (h)	46 (i)	7 (a)	38 (f)	32 (e)	38 (f)	55 (k)	16 (c)	8 (b)
A0A5M4D3E7	<0,0001	Yes	38 (i)	45 (k)	39 (j)	26 (g)	23 (e)	12 (b)	25 (f)	21 (d)	25 (f)	27 (h)	7 (a)	15 (c)
A0A349HYN1	<0,0001	Yes	36 (i)	31 (h)	25 (e)	29 (g)	18 (c)	7 (b)	42 (j)	22 (d)	26 (f)	31 (h)	4 (a)	4 (a)
A0A3D0SKF1	<0,0001	Yes	38 (l)	32 (j)	23 (g)	35 (k)	10 (c)	9 (b)	26 (i)	25 (h)	22 (f)	21 (e)	3 (a)	16 (d)
A0A1Z9JJ68	<0,0001	Yes	38 (k)	43 (l)	35 (j)	15 (e)	7 (b)	13 (d)	21 (g)	27 (i)	26 (h)	19 (f)	3 (a)	12 (c)
A0A3M1KWS9	<0,0001	Yes	21 (e)	35 (j)	26 (h)	14 (d)	14 (d)	3 (a)	23 (f)	27 (i)	25 (g)	14 (d)	7 (b)	9 (c)
A0A353QXV2	<0,0001	Yes	22 (h)	26 (j)	25 (i)	26 (j)	15 (d)	7 (b)	21 (g)	16 (e)	26 (j)	20 (f)	3 (a)	12 (c)
A0A3M1T3J5	<0,0001	Yes	27 (h)	39 (k)	22 (f)	30 (j)	12 (d)	2 (a)	29 (i)	20 (e)	26 (g)	27 (h)	7 (b)	10 (c)
A0A5M4D0X9	<0,0001	Yes	33 (k)	24 (h)	30 (i)	22 (g)	22 (g)	7 (b)	21 (f)	17 (e)	14 (d)	32 (j)	8 (c)	6 (a)
A0A351L8S8	<0,0001	Yes	28 (j)	29 (k)	31 (l)	22 (f)	15 (e)	7 (b)	27 (i)	23 (g)	14 (d)	24 (h)	9 (c)	2 (a)
Q2JXD0	<0,0001	Yes	22 (h)	16 (d)	16 (d)	22 (h)	19 (f)	6 (b)	24 (i)	19 (f)	17 (e)	21 (g)	7 (c)	4 (a)
A0A349HX20	<0,0001	Yes	31 (j)	22 (h)	23 (i)	18 (e)	15 (d)	7 (b)	20 (f)	11 (c)	18 (e)	21 (g)	3 (a)	3 (a)

**Tabella Supplementare N:**  
*Analisi statistica della “Differential expression” dell’enzima EPSPS e Chorismate synthase identificate nei campioni di Arthrospira maxima trattati con glifosato e microplastiche.*

A0A355ULH0	<0,0001	Yes	17 (f)	33 (j)	30 (i)	24 (h)	13 (d)	8 (c)	24 (h)	16 (e)	17 (f)	22 (g)	2 (a)	4 (b)
A0A2T2RE12	<0,0001	Yes	25 (g)	26 (h)	24 (f)	27 (i)	19 (d)	7 (b)	25 (g)	16 (c)	20 (e)	27 (i)	4 (a)	7 (b)
A0A2T2RU64	<0,0001	Yes	23 (i)	20 (g)	22 (h)	24 (j)	12 (d)	1 (a)	30 (l)	29 (k)	17 (f)	15 (e)	2 (b)	5 (c)

**Results for factor Control/treated:**

47 features with the lowest p-values (Control/treated):

Features	p-value	Significant	Treated	control	treated
A0A5M4D3E7	0.011	Yes	30,500 (b)	20 (a)	30,500 (b)
A0A350YGB3	0.037	Yes	9 (ab)	5,500 (a)	9 (b)
A0A349HX20	0.050	No	19,333 (ab)	12,667 (a)	19,333 (b)
A0A3M0YJ25	0.065	No	10,333 (c)	6,833 (a)	10,333 (c)
A0A5M4D0X9	0.092	No	23 (a)	16,333 (a)	23 (a)
A0A355ULH0	0.103	No	20,833 (a)	14,167 (a)	20,833 (a)
A0A3M1PBC8	0.130	No	8,333 (a)	5,500 (a)	8,333 (a)
A0A2T2RNU8	0.156	No	11,833 (a)	8,333 (a)	11,833 (a)
A0A351L8S8	0.212	No	22 (a)	16,500 (a)	22 (a)
A0A1Z9JJ68	0.215	No	25,167 (a)	18 (a)	25,167 (a)
A0A2T2RE12	0.219	No	21,333 (a)	16,500 (a)	21,333 (a)
A0A359BJK3	0.231	No	16,500 (a)	12,833 (a)	16,500 (a)
A0A350Y9P9	0.249	No	12,667 (a)	9,333 (a)	12,667 (a)
A0A3D0SKF1	0.269	No	24,500 (a)	18,833 (a)	24,500 (a)
A0A352AGQ3	0.279	No	11,833 (a)	8,833 (a)	11,833 (a)
A0A3M0YJT8	0.283	No	15,667 (a)	12,333 (a)	15,667 (a)
A0A3C0NDG2	0.319	No	9 (a)	6,500 (a)	9 (a)
A0A353QXV2	0.322	No	20,167 (a)	16,333 (a)	20,167 (a)
A0A3M1KU44	0.325	No	16 (a)	12,167 (a)	16 (a)

**Tabella Supplementare N:**  
*Analisi statistica della “Differential expression” dell’enzima EPSPS e Chorismate synthase identificate nei campioni di Arthrospira maxima trattati con glifosato e microplastiche.*

A0A3M2GCR5	0.435	No	12,333 (a)	9,667 (a)	12,333 (a)
A0A351L5P3	0.486	No	11,333 (a)	9 (a)	11,333 (a)
A0A1Q7ZAR7	0.499	No	14,333 (a)	11,167 (a)	14,333 (a)
A0A1Z9JHE9	0.512	No	12,833 (a)	10,500 (a)	12,833 (a)
A0A2T2S2G2	0.512	No	12,333 (a)	10,167 (a)	12,333 (a)
A0A3C1M158	0.552	No	13,167 (a)	10,833 (a)	13,167 (a)
Q2JLD4	0.565	No	8,167 (a)	6,333 (a)	8,167 (a)
A0A2N5JSY2	0.569	No	10 (a)	8,333 (a)	10 (a)
A0A355DNL9	0.628	No	4,500 (a)	5,667 (a)	4,500 (a)
A0A3D0SGP0	0.655	No	36 (a)	31,167 (a)	36 (a)
A0A359BK59	0.666	No	15,667 (a)	13,167 (a)	15,667 (a)
A0A2N5JQ00	0.671	No	12,167 (a)	10 (a)	12,167 (a)
A0A2T2S2N8	0.691	No	10,833 (a)	9 (a)	10,833 (a)
A0A352XCJ5	0.770	No	9,333 (a)	8 (a)	9,333 (a)
A0A349HYN1	0.791	No	24,333 (a)	21,500 (a)	24,333 (a)
Q2JXD0	0.801	No	16,833 (a)	15,333 (a)	16,833 (a)
A0A3M1T3J5	0.839	No	22 (a)	19,833 (a)	22 (a)
A0A3M1SNT3	0.864	No	11 (a)	10,167 (a)	11 (a)
Q2JLV2	0.886	No	11 (a)	10 (a)	11 (a)
A0A3M1KWS9	0.915	No	18,833 (a)	17,500 (a)	18,833 (a)
A0A3M2G9N9	0.964	No	11,500 (a)	12,167 (a)	11,500 (a)
A0A3M2FSH8	0.965	No	10 (a)	10,500 (a)	10 (a)
A0A357A4A6	0.978	No	13 (a)	12,500 (a)	13 (a)
A0A2T2RU64	0.980	No	17 (a)	16,333 (a)	17 (a)
A0A3M2FMT8	0.987	No	17,833 (a)	17,333 (a)	17,833 (a)
A0A3B8JRQ9	0.991	No	6,667 (a)	6,500 (a)	6,667 (a)
A0A353WLA5	0.998	No	16 (a)	16,167 (a)	16 (a)
A0A2T2R9G2	1.000	No	13,667 (a)	13,667 (a)	13,667 (a)