**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Caracterização fisiológica e perfil de expressão gênica de
cultivares de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp) contrastantes para
o deficit hídrico**

João Felipe Nebó Carlos de Oliveira

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2012**

João Felipe Nebó Carlos de Oliveira
Biólogo

**Caracterização fisiológica e perfil de expressão gênica de cultivares de cana-de-açúcar
(*Saccharum* spp) contrastantes para o deficit hídrico**

Orientador:
Prof. Dr. **ANTONIO VARGAS DE OLIVEIRA FIGUEIRA**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências.
Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2012

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Oliveira, João Felipe Nebó Carlos de
Caracterização fisiológica e perfil de expressão gênica de cultivares de cana-de-
açúcar (*Saccharum* spp) contrastantes para o deficit hídrico / João Felipe Nebó Carlos
de Oliveira.- - Piracicaba, 2012.
327 p: il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2012.

1. Balanço hídrico 2. Cana-de-açúcar 3. Expressão gênica 4. Fisiologia vegetal
5. Seca I. Título

CDD 633.61
O48c

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

DEDICATÓRIA

À minha família que eu tanto amo, Paula, Manuela e Giulia;

razão de tudo e futuro de uma vida feliz.

Aos meus pais, Venâncio e Flávia, e minha irmã Viviane;

presente de uma vida de conquistas e união.

Aos meus avós, Madalena, Flerts, Maria e Álvaro;

passado de uma vida de obstáculos e ensinamentos.

AGRADECIMENTOS

Ao Centro de Energia Nuclear na Agricultura, à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e à Universidade de São Paulo, pela possibilidade da realização deste trabalho;

Ao mestre, tutor e amigo Prof. Dr. Antonio Figueira, pela orientação durante a iniciação científica e o doutorado. Obrigado por me ensinar a sempre querer mais, buscar mais, e descobrir mais;

Ao CNPq, pelo apoio financeiro no início do doutorado,

À FAPESP, pelo apoio financeiro durante todo o período de doutorado, através de bolsa de estudos e do programa BIOEN;

À CAPES e ao INCT do Bietanol, pela bolsa de doutorado sanduíche concedida;

À toda equipe do Laboratório de Melhoramento de Plantas, em especial à Mariana, Aline, Wlamir, Isabela, Gabi, Bressan, Raquel e Eduardo, obrigado pelas sugestões e suporte durante as atividades decorrentes da minha pesquisa. Agradeço também os amigos do Lamp Lorena, Deborah, Celso, Thaísa, Layanne, Danielle, Ju Leles, Ju Deganello, Ilse, Raul, Claudião, Onildo, Tercílio, Verusca, Renatinho e Joni, por todas as horas de trabalho e convivência;

Ao amigo Dr. Renato Ferreira, pelas sugestões apresentadas durante o trabalho e por toda a ajuda desde o início do doutorado, obrigado por tudo;

À equipe do Centro de Cana do IAC, em especial à Dra. Silvana Creste, Dr. Vicente E. De Rosa Jr (*in memorian*), Dr. Marcos Landell, Daniel Nunes, e MSc Ricardo Machado, pelas discussões científicas e suporte durante o planejamento e execução dos experimentos;

Ao Dr. Ray Ming, pela orientação durante o doutorado sanduíche, obrigado por ajudar na minha formação de pesquisador e incentivar o desenvolvimento do espírito de pesquisa em mim; e à equipe de seu laboratório na *University of Illinois* em especial James Walsh e Haiping Xin, mas também Jie, Jisen, Lyn, Bob, Jenne, Andrea, Fran e Leiting; e aos outros amigos do *Edward Madigan Lab* Dong Ha, José e Amy, obrigado pela convivência e pelos ensinamentos durante o tempo de pesquisa no exterior;

À equipe do Laboratório de Transdução de Sinais do IQ-USP da Prof. Glaucia Mendes de Souza, em especial ao bioinformata Dr. Milton Yutaka Jr e Carolina Gimiliani Lembke;

À Usina Jalles Machado em Goianésia, em especial Patrícia Resende e Marcio, pela disponibilização da área para montagem e ajuda na execução do experimento de campo;

Aos professores da pós graduação e graduação, em especial ao Prof Lázaro Perez da ESALQ, obrigado por sempre me incentivar a ler; e à Prof. Dra. Célia Guadalupe Tardeli da UEL, obrigado pela sua crençaem mim e seu direcionamento durante o início da minha vida acadêmica;

Ao universo, por proporcionar todas essa energia maravilhosa que nos cerca, nos fascina e nos motiva a buscar melhor entendê-lo;

Aos meus pais, Venâncio e Flávia, e minha irmã Viviane, que sempre acreditaram e confiaram em mim, obrigado por tudo, vocês fizeram toda a diferença na minha caminhada. Amo vocês. Aos meus avós, em especial Madalena Musetti Nebó (*in memorian*), santa que sempre me ensinou o caminho, e também Flerts Nebó, Maria Barbosa e Álvaro Carlos de Oliveira;

E finalmente os meus mais sinceros e profundos agradecimentos à minha esposa Paula, minha Linda, pela paciência e ensinamentos durante os 11 anos ao meu lado, e sobretudo por ter proporcionado os melhores presentes de minha vida, nossas princesas Manuela e Giulia. Obrigado por fazerem parte da minha vida, por confiarem em mim e por estarem sempre ao meu lado durante todas as dificuldades, felicidades, situações e obstáculos que a vida tem nos proporcionado. Agradeço especialmente às minhas amadas filhas, que desde pequenas me fizeram ter força para seguir lutando por esse sonho; vocês são a razão de tudo na minha vida.

“In the abundance of water, the fool is thirsty...”

Robert Nesta Marley

...in the abundance of drought, the tolerant is not.

João Felipe Nebó C. de Oliveira

“Para todas as grandes coisas exigem-se lutas penosas e um preço muito alto. A única derrota da vida é a fuga diante das dificuldades. O homem que morre lutando é um vencedor.”

Pe. Tiago Alberione

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
LISTA DE FIGURAS.....	15
LISTA DE TABELAS	23
LISTA DE EQUAÇÕES	33
LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS	35
LISTA DE UNIDADES E SÍMBOLOS.....	39
1 INTRODUÇÃO & REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	41
2 MATERIAIS E MÉTODOS	55
2.1 Material vegetal	55
2.2 Ensaio de seca em condição de campo	56
2.3 Ensaios de deficit hídrico por suspensão de irrigação em casa de vegetação	59
2.4 Ensaio de indução de deficit hídrico pela adição de polietilenoglicol (PEG) em hidroponia	62
2.5 Avaliações fisiológicas	63
2.6 Avaliações biométricas e tecnológicas do ensaio de seca em campo	65
2.7 Delineamento estatístico e análise dos dados	66
2.8 Avaliação da resposta de cultivares de cana-de-açúcar ao tratamento com metil viologen (Paraquat)	66
2.9 Deficit hídrico induzido pela adição de Polietilenoglicol (PEG) e Ácido Abscísico (ABA) em meio de cultivo <i>in vitro</i>	67
2.10 Extração de RNA	67
2.11 Construção das lâminas e desenho dos oligonucleotídeos do chip <i>Agilent</i>	68
2.13 Análise de expressão gênica global via sequenciamento de RNA (RNAseq).....	70
2.14 Análises de bioinformática.....	71
2.15 Análise de amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR)	72

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	77
3.1 Ensaio de seca em condição de campo	77
3.2 Análises fisiológicas do experimento de seca em campo	89
3.3 Indução de deficit hídrico por suspensão de irrigação em casa de vegetação.....	126
3.4 Simulação de deficit hídrico pela adição de Polietilenoglicol (PEG) ou Ácido Abscísico (ABA) em meio de cultivo <i>in vitro</i>	151
3.5 Simulação de deficit hídrico pela adição de Polietilenoglicol (PEG) em solução nutritiva (hidroponia)	153
3.6 Avaliação da tolerância ao tratamento com metil viologen (Paraquat)	168
3.7 Análise de expressão gênica via microarranjos do experimento de seca em campo	170
3.8 Análise do perfil de expressão gênica via RNAseq	189
3.9 Análise do perfil de expressão gênica via RT-qPCR do experimento de hidroponia	221
4 CONCLUSÕES.....	227
REFERÊNCIAS	229
ANEXOS	241

RESUMO

“Caracterização fisiológica e perfil de expressão gênica de cultivares de cana-de-açúcar (*Saccharum spp*) contrastantes para o deficit hídrico”

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma das culturas mais importantes para a economia brasileira, fonte de matéria-prima para produção de açúcar e álcool. O setor sucroalcooleiro tem expandido rapidamente devido à alta demanda por biocombustíveis. Para atender tal demanda e garantir a produção de açúcar, a área cultivada deverá ser expandida utilizando áreas de cerrado e pastagens degradadas no Sudeste e Centro-Oeste, caracterizadas por invernos secos com períodos de deficiência hídrica acentuada. Cultivares com tolerância a seca e alto potencial produtivo nessas regiões são desejadas para esta expansão, e a elucidação das bases moleculares e fisiológicas da tolerância é indispensável para o desenvolvimento de tais cultivares. Para investigar mecanismos fisiológicos e moleculares envolvidos na tolerância à seca metodologias baseadas em ensaios de campo e casa de vegetação foram avaliadas, com foco na fenotipagem e perfil de expressão gênica. O uso de polietilenoglicol (PEG) como agente estressor na solução de plantas hidropônicas foi avaliado para simulação da seca, bem como a avaliação do vazamento de eletrólitos após exposição ao Paraquat (*methyl-viologen*). Dois genótipos previamente selecionados com base no comportamento contrastante para resposta a seca foram utilizados para testar a hipótese dos mecanismos por trás da tolerância em cana, onde ‘IACPSP 94-2094’ foi selecionado como tolerante e ‘IACSP 97-7065’ como sensível à seca. Diferenças genotípicas no potencial hídrico foliar e trocas gasosas ficaram evidentes após 72h em plantas hidropônicas expostas ao tratamento contendo 15% PEG, e aliadas à melhor resposta oxidativa apresentada pelo tolerante após o tratamento de discos foliares com Paraquat sugeriram o potencial dessas metodologias para serem utilizadas como *screening* inicial de genótipos para tolerância a seca. Dez genótipos incluindo os dois contrastantes selecionados foram avaliados para resposta a seca em condições de campo na Usina Jalles Machado (Goianésia, GO), local com alta tendência de ocorrência de deficit hídrico. ‘IACSP 94-2094’ mostrou características superiores de tolerância (fechamento estomático precoce, manutenção do potencial hídrico foliar e melhor ajuste fotoquímico), ausentes em ‘IACSP 97-7065’. Análises de microarranjos, RNAseq e RT-qPCR foram realizadas utilizando-se os genótipos contrastantes, buscando identificar genes responsivos a seca e importante para tolerância. De um total de 14.522 genes no *chip* de microarranjos, 91 (~0.63%) foram diferencialmente expressos entre os ensaios irrigado e sequeiro, enquanto que 576 (~4%) apresentaram expressão diferencial durante deficit severo, incluindo muitos genes tradicionalmente associados com a resposta à seca. Amostras dos mesmos genótipos cultivados em casa de vegetação com ou sem irrigação foram utilizadas para análises de RNAseq. De um banco de dados contendo 43.141 genes, 2.300 (5.3%) foram diferencialmente expressos, incluindo genes novos e não caracterizados que possam ter papel importante na resposta à seca e estabelecimento da tolerância. A maioria dos genes identificados pelos microarranjos também foram detectados por RNAseq, havendo alta correlação entre as abordagens (0.78 e 0.84 para os genótipos tolerante e sensível, respectivamente). Após validações por RT-qPCR, genes relacionados à resposta a seca estão sendo utilizados para estudos de genômica funcional, objetivando desenvolver novas cultivares tolerantes a seca, seja através do melhoramento convencional ou das técnicas moleculares.

Palavras-chave: Cana-de-açúcar; Seca; Expressão gênica; Fisiologia; Estresse

ABSTRACT

Physiological characterization and gene expression profiling of sugarcane (*Saccharum* spp) genotypes contrasting for drought tolerance

Sugarcane (*Saccharum* spp.) is a major crop in Brazil as feedstock for the sugar and ethanol industries. The Brazilian sugarcane industry has been expanding rapidly due to increased demand for biofuels. To attend the increasing ethanol demand and secure food production, sugarcane production must expand the cultivated area, incorporating land from ‘cerrado’ and degraded pastures in Southeast and Western Brazil, areas characterized by a dry winter with a prolonged water deficit period. Drought-tolerant cultivars with higher yield potentials in such regions are desired for this expansion, and the elucidation of the molecular and physiological basis of drought tolerance in sugarcane is valuable for developing such cultivars. To investigate physiological and molecular mechanisms involved in tolerance to water deficit, different approaches based on field and greenhouse trials were evaluated, mainly focusing on phenotyping and gene expression profiling. The addition of polyethylene glycol (PEG) as a stress inducer in nutrient solution was also evaluated to simulate drought-response in hydroponically-grown sugarcane, as well as the solution’s electrolyte leakage after exposure of leaf segments to methyl-viologen (Paraquat). Two genotypes previously selected were used to test the hypothesis of the mechanisms underlying on the differential response to drought, due to their behavior as contrasting genotypes, where ‘IACSP 94-2094’ was tested as drought-tolerant and ‘IACSP 97-7065’ as drought-sensitive. When plants were hydroponically grown on solution containing 15% PEG, genotypic differences for leaf water potential and gas exchange were apparent after 72 h, whereas the improved oxidative response of the tolerant genotype after leaf-disk treatment with methyl-viologen suggested the potential of this approach to be used for early drought-tolerance screening. Ten genotypes including the two previously selected were evaluated for drought tolerance on field conditions at ‘Jalles Machado’ sugarmill (Goianésia, GO), a drought-prone location. ‘IACSP 94-2094’ showed enhanced features for drought tolerance (early stomatal closure; maintenance of leaf water potential and photochemical adjustment), absent in ‘IACSP 97-7065’. Molecular studies (microarrays, RNAseq and RT-qPCR) were also conducted using these genotypes, aiming to identify drought-responsive genes and confirm their roles on tolerance. From a set of 14,522 genes in a microarray chip, 91 (~0.63%) were differentially expressed between irrigated and non-irrigated treatment during early drought, whereas 576 (~4%) showed differential expression during severe drought between water treatments, including many genes traditionally associated with drought response. Samples from these same genotypes grown in greenhouse conditions under irrigation and water deprivation were used for gene expression profiling by RNAseq. From a sugarcane reference dataset with 43,141 genes, 2,300 (5.3%) genes were identified as differentially expressed, including novel and undescribed genes that might play a role in drought tolerance. Most genes identified as differentially expressed on microarrays were also observed for RNAseq, with high correlation between both approaches (0.78 and 0.84 for tolerant and sensitive genotypes, respectively). After validation, genes related to drought response have been used for functional genomics studies aiming the development of new cultivars tolerant to drought, either through conventional or molecular breeding

Keywords: Sugarcane; Drought; Gene expression; Physiology, Stress

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** - Funções dos genes induzidos pelo déficit hídrico na tolerância e resposta ao estresse. O primeiro grupo à esquerda (verde) inclui proteínas funcionais na resposta à tolerância, e o segundo à direita (azul) inclui os fatores de transcrição envolvidos na regulação da transdução do sinal e expressão gênica das proteínas regulatórias (Adaptado de Shinozaki & Yamaguchi-Shinozaki, 2007)..... **47**
- Figura 2** - Disposição das parcelas nos campos de sequeiro e irrigado na Fazenda Revolta, Usina Jalles Machado, onde foi instalado o experimento de seca em campo. Números de 1 a 30 indicam as parcelas..... **57**
- Figura 3** - Dados de precipitação dos últimos 2 anos e média dos últimos 14 anos na Usina Jalles Machado, em Goianésia - GO. Em preto, precipitação mensal (mm chuva) no ano de 2010; em cinza, precipitação mensal (mm chuva) até outubro de 2011. Na legenda, valores mensais de precipitação (mm). Fonte: Estação Meteorológica Goianésia, Usina Jalles Machado S.A. **58**
- Figura 4** - Experimento de suspensão da irrigação em casa de vegetação instalado na Fazenda Santa Elisa, IAC, Campinas. (A) Fase inicial do experimento, 30 DAP nos tanques (Jan/2010). (B) Visão dos tanques irrigados durante o período de suspensão da irrigação (Jun/2010)..... **61**
- Figura 5** - Disposição das parcelas de sequeiro e irrigado na Fazenda Santa Elisa, onde foi instalado o experimento de seca em casa de vegetação. Cada retângulo representa um tanque, sendo plantados 5 genótipos em cada tanque. Em cinza, tanques submetidos à seca; em branco, tanques irrigados **61**
- Figura 6** - Visão geral do experimento de indução de déficit hídrico pela adição de polietilenoglicol (PEG) em hidroponia em 20/04/2010, após aclimação das plântulas obtidas a partir de toletes..... **62**
- Figura 7** - Esquema geral das análises de bioinformática, com as duas abordagens testadas. **72**
- Figura 8** - Diferença visual na terceira coleta (11/06/2010) entre os genótipos contrastantes escolhidos para análises de microarranjos. (A) IACSP 94-2094 campo irrigado; (B) IACSP 942094 sequeiro; (C) IACSP 97-7065 irrigado; (D) IACSP 97-7065 sequeiro..... **80**
- Figura 9** - Diferença visual entre os campos de sequeiro (fundo) e irrigado (frente) em 28/07/2010, 98 dias após início da seca..... **80**
- Figura 10** - Diferença visual entre os campos de sequeiro (à direita) e irrigado (à esquerda) em 28/08/2010, 128 dias após início da seca..... **80**
- Figura 11** - Peso total (Kg), Número de colmos por metro e Peso de 5 canas (Kg) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)..... **84**
- Figura 12** - Diâmetro (dm), Altura (cm), Fibra de cana (%) e Umidade de cana (%) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)..... **85**
- Figura 13** - BRIX do caldo (%), Pol do caldo (%) e Pureza do caldo (%) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)..... **86**
- Figura 14** - BRIX do caldo (%), Pol do caldo (%) e Pureza do caldo (%) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)..... **87**

- Figura 15** - Produção de ensaio em campo em toneladas de cana por hectare (TCH) para 10 genótipos sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO. A esquerda, ensaio de cana-planta (2010); à direita, cana-soca (2011)..... **89**
- Figura 16** - Potencial da água na folha (Ψ) em 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob boa disponibilidade hídrica (controle irrigado, barras negras) ou submetidos ao deficit hídrico (barras cinzas) para 2010. Valor médio ($n=3$) $\pm$ erro padrão..... **91**
- Figura 17** - Potencial da água na folha (Ψ) em 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob boa disponibilidade hídrica (controle irrigado, barras negras) ou submetidos ao deficit hídrico (barras cinzas) para 2011. Valor médio ($n=3$) $\pm$ erro padrão..... **92**
- Figura 18** - Eficiência do uso da água ($EUA = P_N / E$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (controle, barras negras) ou submetidos ao déficit hídrico (barras cinza) pela suspensão da rega em ensaio de campo em 2011, para as quatro coletas realizadas ($n=3$ + erro padrão). Os números de 1 a 4 referem-se às quatro coletas realizadas **124**
- Figura 19** - Condutância estomática (g_s) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (controle, barras negras) ou submetidos ao déficit hídrico (barras cinza) pela suspensão da rega em ensaio de campo em 2011 ($n=3$ + erro padrão). Os números de 1 a 4 referem-se às quatro coletas realizadas **125**
- Figura 20** - Potencial hídrico em MPa de folhas de ensaio em casa de vegetação para três genótipos contrastantes para resposta ao déficit hídrico. Valores de barras indicam média $n=3$. Preto - controle, cinza - déficit hídrico **128**
- Figura 21** - Plântulas das cultivares ‘IACSP 94-2094’ (1) e ‘IACSP 97-7065’ (2) *in vitro* em meio MS líquido (20 g L⁻¹ sacarose, pH 5,8). Tubos à esquerda, controle; tubos à direita, tratamento com 15% PEG (A) e 100 μ M ABA (B).. **152**
- Figura 22** - Reta de regressão linear dos potenciais osmóticos obtidos para a solução nutritiva sem adição de PEG (A), com adição de 7,5% (B) ou de 15% (C) de PEG. Valores obtidos com três repetições para cada tratamento. **154**
- Figura 23** - Aspecto visual de plantas das cultivares ‘IACSP 94-2094’ e ‘IACSP 97-7065’ após 72 h sob efeito de doses crescentes de PEG em hidroponia. (A) Controle; (B) PEG 7,5%; (C) PEG 15%. Plantas da esquerda: IACSP94-2094, Plantas de direita: IACSP97-7065..... **156**
- Figura 24** - Conteúdo relativo de água (RWC) de plantas das cultivares ‘IACSP 94-2094’ e ‘IACSP 97-7065’ antes da exposição, 24 h e 72 h após exposição à doses crescentes de PEG em hidroponia. Em azul: controle; em marrom : PEG 7,5%; em verde: PEG 15%. (A) IACSP94-2094; (B) IACSP97-7065 ($n=3$ + erro padrão) **156**
- Figura 25** - Potencial hídrico da folha das cultivares ‘IACSP94-2094’ (esquerda) e ‘IACSP97-7065’ (direita) após 72 horas de exposição ao PEG. ($n=3$). Em azul: controle; em marrom : PEG 7,5%; em verde: PEG 15% ($n=3$ + erro padrão) **157**
- Figura 26** - Assimilação de Carbono(P_N , μ mol m⁻² s⁻¹), Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹), Transpiração (E , mmol m⁻² s⁻¹) e Eficiência do uso da água (P_N/E) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a primeira coleta (20/07/2010) 24 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP ($n=3$ + erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde **160**
- Figura 27** - Taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a , μ mol mol⁻¹), Eficiência intrínseca do uso da água (P_N/g_s), Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) e . Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 2 genótipos de cana-

de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a primeira coleta (20/07/2010) 24 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 + erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde..... **161**

Figura 28 - Coeficientes de extinção fotoquímicos (qP), Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) e . Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a primeira coleta (20/07/2010) 24 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 + erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde **162**

Figura 29 - Assimilação de Carbono(P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) e Eficiência do uso da água (P_N/E) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a segunda coleta (22/07/2010) 72 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 + erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde **165**

Figura 30 - Taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$), Eficiência intrínseca do uso da água (P_N/g_s), Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) e . Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a segunda coleta (22/07/2010) 72 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 + erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde..... **166**

Figura 31 - Coeficientes de extinção fotoquímicos (qP), Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) e . Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a segunda coleta (22/07/2010) 72 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 + erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde **167**

Figura 32 - Discos foliares das cultivares ('IACSP96-2042', 'IACSP94-2094', 'SP87-365', 'SP80-3280' e 'SP87-344') e da espécie *Saccharum officinarum* (Muntok Java) avaliadas após tratamento com solução contendo metil viologen (Paraquat) na dose de 50 mM..... **169**

Figura 33 - Variação da condutividade eletrolítica das soluções com discos foliares, controle e tratamento (100 μM de Paraquat), 24 horas após exposição ao herbicida **170**

Figura 34 - Variação da condutividade das soluções com segmentos foliares, controle e tratamento (100 μM de Paraquat), 24 horas após exposição ao herbicida **170**

Figura 35 - $M \times A$ plot do experimento de microarranjos. A curva verde indica a região de *cut-off*, sendo que os genes referentes aos *spots* que estiverem fora da linha verde (acima e abaixo) são considerados DE **171**

Figura 36 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094'

- durante a primeira coleta (estresse inicial) para as análises de expressão gênica global por microarranjos.....173
- Figura 37** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a primeira coleta (estresse inicial) para as análises de expressão gênica global por microarranjos.....173
- Figura 38** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094' durante a quarta coleta (estresse severo) para as análises de expressão gênica global por microarranjos.....176
- Figura 39** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a quarta coleta (estresse severo) para as análises de expressão gênica global por microarranjos.....176
- Figura 40** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados comuns aos dois genótipos durante a quarta coleta (estresse severo) para as análises de expressão gênica global por microarranjos181
- Figura 41** - Perfil de expressão relativa dos genes *PSTII*, *Aquaporin*, *EREBP*, *Lipoxygenase*, *IAA*, *GSTU*, *CesA* e *Phosphorylase* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nas duas coletas realizadas (seca inicial - 1C; seca severa - 4C). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*184
- Figura 42** - Perfil de expressão relativa dos genes *MYB*, *HSP*, *Zeaxanthin*, *SRP*, *Fasciclin*, *CYP84A1* e *Dehydrin* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nas duas coletas realizadas (seca inicial - 1C; seca severa - 4C). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*185
- Figura 43** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas a processos celulares básicos, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094' durante a quarta coleta (estresse severo). Em vermelho genes *up-regulated*; em verde, genes *down-regulated*, tratamento em relação ao controle irrigado.....187
- Figura 44** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas a processos celulares básicos, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a quarta coleta (estresse severo). Em vermelho, genes *up-regulated*; em verde, genes *down-regulated*, tratamento em relação ao controle irrigado.....188
- Figura 45** - Distribuição dos valores log2 obtidos a partir das estimativas de expressão gênica (RPKM), utilizando-se *reads* mapeados unicamente a um gene/contig (*uniquely mapped reads*), para a terceira coleta (estresse máximo) do ensaio de seca por suspensão da irrigação em casa de vegetação. A esquerda: distribuição para a biblioteca *IACSP94-2094 Irrigated Control R2*; à direita, distribuição para a biblioteca *IACSP94-2094 Severe Drought R2*.....195
- Figura 46** - Distribuição dos valores log2 obtidos a partir das estimativas de expressão gênica (RPKM), utilizando-se *reads* mapeados unicamente a um gene/contig (*uniquely mapped reads*), para a terceira coleta (estresse máximo) do ensaio de seca por suspensão da irrigação em casa de vegetação. A esquerda: distribuição para a

- biblioteca *IACSP97-7065 Irrigated Control R2*; à direita, distribuição para a biblioteca *IACSP97-7065 Severe Drought R2*.....**195**
- Figura 47** - Correlações dos valores de log2 do número de *reads* mapeados para cada gene entre as duas bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. À esquerda, genótipo IACSP94-2094 (2094C = controle irrigado; 2094D = seca); à direita, genótipo IACSP97-7065 (7065C = controle irrigado; 7065D = seca).....**196**
- Figura 48** - M x A plot dos valores de log2 *fold change* obtidos a partir da comparação dos valores de expressão entre as bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. (2094C = controle irrigado; 2094D = seca); à direita, genótipo IACSP97-7065 (7065C = controle irrigado; 7065D = seca). Pontos preto no gráfico representam genes que não apresentam diferença nos níveis de expressão para as bibliotecas avaliadas. Pontos em vermelho representam genes diferencialmente expressos, sendo que pontos acima da curva são genes *upregulated*, e os abaixo da curva *downregulated***196**
- Figura 49** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para ‘IACSP94-2094’ durante a terceira coleta (máximo estresse) para a análise por RNAseq.....**199**
- Figura 50** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para ‘IACSP97-7065’ durante a terceira coleta (máximo estresse) para a análise por RNAseq.....**199**
- Figura 51** - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para ambos genótipos ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ durante a terceira coleta (máximo estresse) para a análise por RNAseq**199**
- Figura 52** - Perfil de expressão relativa dos genes *Dehydrin*, *LEA*, *DREB*, *GST*, *Aquaporin*, *AP2*, *MYB* e *Proline DH* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para amostras foliares de ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ cultivadas sob boa disponibilidade hídrica (Control) ou sob suspensão da irrigação (Drought) em casa de vegetação em Campinas, SP. As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *rRNA1***208**
- Figura 53** - Perfil de expressão relativa dos genes *Phosphorylase*, *Methyltransferase*, *Isomerase*, *PIP*, *ERD4*, *Serine-Threonine*, *ABA ripening* e *DREB2* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para amostras foliares de ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ cultivadas sob boa disponibilidade hídrica (Control) ou sob suspensão da irrigação (Drought) em casa de vegetação em Campinas, SP. As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *rRNA1*.....**209**
- Figura 54** - Perfil de expressão relativa dos genes *ERD!*, *HSP*, *NAM*, *USP*, *Ferredoxin*, *Cynnamoil*, e *Carbonic Anhydrase* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para amostras foliares de ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ cultivadas sob boa disponibilidade hídrica (Control) ou sob suspensão da irrigação (Drought) em casa de vegetação em Campinas, SP. As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *rRNA1***210**
- Figura 55** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos celulares, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo ‘IACSP94-2094’ durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated***211**

- Figura 56** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos celulares, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated* **212**
- Figura 57** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados à fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP94-2094' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*..... **213**
- Figura 58** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados à fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP94-2094' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*..... **214**
- Figura 59** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados ao esquema Z da fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP94-2094' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated* . **215**
- Figura 60** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados ao esquema Z da fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated* . **216**
- Figura 61** - Análise de enriquecimento de termos para os genes detectados como diferencialmente expressos para o genótipo 'IACSP94-2094' durante a terceira coleta (máximo estresse) do experimento de suspensão de irrigação em casa de vegetação. Quanto maior a intensidade da cor dos quadros, mais significativo são os GOs identificados..... **217**
- Figura 62** - Correlações dos valores de log2 do número de *reads* mapeados para cada gene entre as duas bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. À esquerda, comparação entre os controles irrigados de ambos genótipos (2094C = controle irrigado 2094; 7065C = controle irrigado 7065); à direita, comparação entre os tratamentos de seca para ambos genótipos (2094D = seca 2094; 7065D = seca 7065) **218**
- Figura 63** - M x A plot dos valores de log2 *fold change* obtidos a partir da comparação dos valores de expressão entre as bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. À esquerda, comparação entre os controles irrigados de ambos genótipos (2094C = controle irrigado 2094; 7065C = controle irrigado 7065); à direita, comparação entre os tratamentos de seca para ambos genótipos (2094D = seca 2094; 7065D = seca 7065). Pontos preto no gráfico representam genes que não apresentam diferença nos níveis de expressão para as bibliotecas avaliadas. Pontos em vermelho

representam genes diferencialmente expressos, sendo que pontos acima da curva são genes *upregulated*, e os abaixo da curva *downregulated*.....218

- Figura 64** - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (gene ontology) associadas a processos metabólicos relacionados ao esquema Z da fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para a condição de seca, comparando os valores de expressão do genótipo 'IACSP94-2094' em relação ao 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *up-regulated*; em verde, genes *down-regulated*.....219
- Figura 65** - Correlações dos valores de expressão (log2) dos genes detectados como diferencialmente expressos para os experimentos de microarranjos e RNAseq. À esquerda, correlação para o genótipo IACSP94-2094; à direita, correlação para o genótipo IACSP97-7065.....220
- Figura 66** - Perfil de expressão relativa dos genes *PSII 10*, *SRP*, *Zeaxanthin*, *CesA*, *Fasciclin*, *DREB*, *Dehydrin* e *Phosphorilase*, nas duas coletas realizadas às 24 e 72 h após exposição ao PEG, para os dois genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nos dois tratamentos (Controle e PEG 15%). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*.....224
- Figura 67** - Perfil de expressão relativa dos genes *Aquaporin*, *LEA*, *AP2*, *MYB*, *Proline DH*, *Ferredoxin*, *Serine-Threonine*, e *ABA-ripening*, nas duas coletas realizadas às 24 e 72 h após exposição ao PEG, para os dois genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nos dois tratamentos (Controle e PEG 15%). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*.....225
- Figura 68** - Perfil de expressão relativa dos genes *DREB2*, *ERD1*, *HSP*, *USP*, *Methyltransferase*, *NAM*, *Carbonic anhydrase* e *GST*, nas duas coletas realizadas às 24 e 72 h após exposição ao PEG, para os dois genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nos dois tratamentos (Controle e PEG 15%). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*.....226

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Datas de coleta do material vegetal e estágio do deficit hídrico em 2010 (cana-planta)	58
Tabela 2 - Datas de coleta do material vegetal e estágio do deficit hídrico em 2011 (cana-soca)	58
Tabela 3 - Contrastes conduzidos de hibridização para cada microarranjo avaliando comparações entre genótipos ('IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065'), duas condições de déficit hídrico (controle irrigado e seca) e época de coleta (déficit mais ou menos severo em relação ao controle irrigado) junto com <i>swap</i> de fluorescência (Cy3 x Cy5)	70
Tabela 4 - Sequências e características dos iniciadores dos genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de microarranjos. Sequências dos iniciadores, função e/ou processo no qual o gene está envolvido, SAS ID e tamanho do amplicon	75
Tabela 5 - Sequências e características dos iniciadores dos genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de RNAseq. Sequências dos iniciadores, função e/ou processo no qual o gene está envolvido, SAS ID e tamanho do amplicon	76
Tabela 6 - Datas e volume de irrigação do campo irrigado	78
Tabela 7 - Número médio de folhas verdes em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	81
Tabela 8 - Número médio de folhas secas em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	81
Tabela 9 - Comprimento médio do colmo (cm) em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	82
Tabela 10 - Diâmetro médio do colmo em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	82
Tabela 11 - Número médio de perfilhos de 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	83
Tabela 12 - Concentração de clorofila <i>a</i> na folha +1 em 10 genótipos de cana-de-açúcar expressos em ICF (índice de clorofila Falker) em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	93
Tabela 13 - Concentração de clorofila <i>b</i> na folha +1 em 10 genótipos de cana-de-açúcar expressos em ICF (índice de clorofila Falker), em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)	93
Tabela 14 - Eficiência quântica do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (27/04/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação	96
Tabela 15 - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) e taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (27/04/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação	96
Tabela 16 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em	

- Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**97**
- Tabela 17** - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**98**
- Tabela 18** - Taxa de carbono interno sob carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**99**
- Tabela 19** - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) média de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**100**
- Tabela 20** - Coeficientes de extinção não fotoquímicos (q_N e NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação**101**
- Tabela 21** - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) e eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (28/07/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação**102**
- Tabela 22** - Taxa de carbono intercelular sob carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) e condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (28/07/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**103**
- Tabela 23** - Coeficiente de extinção fotoquímico (q_P) e Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (28/07/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação**104**
- Tabela 24** - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**104**
- Tabela 25** - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em

- Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**105**
- Tabela 26** - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação**106**
- Tabela 27** - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**106**
- Tabela 28** - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**107**
- Tabela 29** - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**108**
- Tabela 30** - Eficiência quântica do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) e taxa de carbono interno sob carbono atmosférico (C_i/C_a $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**108**
- Tabela 31** - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) coeficiente de extinção não fotoquímico (qN) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação**109**
- Tabela 32** - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**110**
- Tabela 33** - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**111**
- Tabela 34** - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**111**

- Tabela 35** - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**112**
- Tabela 36** - Taxa de Carbono interno sob Carbono atmosférico (C_i/C_a $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**113**
- Tabela 37** - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**113**
- Tabela 38** - Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**114**
- Tabela 39** - Coeficiente de extinção não-fotoquímico (NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações entre colunas, e letras minúsculas entre linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**115**
- Tabela 40** - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**116**
- Tabela 41** - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**116**
- Tabela 42** - Assimilação de Carbono(P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (21/05/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**130**
- Tabela 43** - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (21/05/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....**130**

- Tabela 44** - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (21/05/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **131**
- Tabela 45** - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e nas minúsculas entre linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **131**
- Tabela 46** - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **132**
- Tabela 47** - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e nas minúsculas entre linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **132**
- Tabela 48** - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **133**
- Tabela 49** - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **134**
- Tabela 50** - Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **134**
- Tabela 51** - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação..... **135**
- Tabela 52** - Coeficientes de extinção não fotoquímicos (q_N e NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou

submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....135

Tabela 53 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....136

Tabela 54 - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....137

Tabela 55 - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....138

Tabela 56 - Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....138

Tabela 57 - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....139

Tabela 58 - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....139

Tabela 59 - Coeficientes de extinção não fotoquímicos (q_N e NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação.....140

Tabela 60 - Eficiência do uso da água (P_N/E) e taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação

- em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....140
- Tabela 61** - Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....141
- Tabela 62** - Transpiração (E , mmol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....142
- Tabela 63** - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....143
- Tabela 64** - Taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a μmol mol⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....144
- Tabela 65** - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....144
- Tabela 66** - Coeficiente de extinção não fotoquímico (qN) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação.....145
- Tabela 67** - Número de genes diferencialmente expressos por microarranjos para diversos contrastes analisados envolvendo genótipos ('IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065'), duas condições de deficit hídrico (controle irrigado e seca) e época de coleta (deficit mais ou menos severo em relação ao controle irrigado), com indicação de número de genes induzidos (*up regulated*) ou reprimidos (*down regulated*).....172
- Tabela 68** - Exemplos da identificação de genes diferencialmente expressos entre genótipos ('IACSP94-2094' ou 'IACSP97-7065'), com indução (em vermelho) ou repressão (em verde) identificados por análise de *microarray* em contraste entre genótipos e condições hídricas sob déficit severo (4ª Coleta). Números dentro dos colchetes representam os valores de "*fluorescence ratio*" para as duas repetições testadas177

- Tabela 69** - Genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de microarranjos. SAS ID, função e/ou processo no qual o gene está envolvido, valores de *log2 fold change* estimados pelos microarranjos e pelo RT-qPCR. (Em verde e vermelho, valores de genes *down* e *upregulated*, respectivamente. Em preto, valores que não apresentaram o mesmo perfil de expressão entre as abordagens testadas. **182**
- Tabela 70** - Resultado do alinhamento de cada biblioteca sequenciada com duas referências (*Sorghum* e cana-de-açúcar SAS) empregando Novoalign. *Paired-reads*: número de pares de *reads* obtidos pelo sequenciamento; *Pairs aligned*: número de pares de *reads* alinhados; *Pairs aligned (%)*: porcentagem de pares de *reads* alinhados; *Total Reads*: total de *reads* sequenciados para cada biblioteca; *Reads aligned*: número de *reads* alinhados; *Reads aligned (%)*: porcentagem de *reads* alinhados; *Uniquely mapped reads*: *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Uniquely mapped reads (%)*: porcentagem de *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Mean gene Length*: comprimento médio de cada gene/contig da referência; *Contigs reference*: número de contigs das referências; *Contigs aligned*: número de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado ao contig; *Contigs aligned (%)*: porcentagem de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado; *Mismatches (%)*: porcentagem do número de *mismatches* entre os *reads* alinhados aos contigs da referência para cada biblioteca **192**
- Tabela 71** - Resultado do alinhamento com o software *CLC Genomics Workbench* para as duas referências (*Sorghum* e SAS) para cada biblioteca sequenciada. *Total Reads*: total de *reads* sequenciados para cada biblioteca; *Trimmed Reads*: total de *reads* após a etapa de *trimming* para qualidade dos *reads*; *Uncounted reads*: *reads* que não se alinharam a nenhum contig; *Uncounted reads (%)*: porcentagem de *reads* que não se alinharam a nenhum contig; *Reads aligned*: número de *reads* alinhados; *Reads aligned (%)*: porcentagem de *reads* alinhados; *Uniquely mapped reads*: *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Uniquely mapped reads (%)*: porcentagem de *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Mean gene Length*: comprimento médio de cada gene/contig da referência; *Contigs reference*: número de contigs das referências; *Contigs aligned*: número de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado ao contig; *Contigs aligned (%)*: porcentagem de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado; *Mismatches (%)*: porcentagem do número de *mismatches* entre os *reads* alinhados aos contigs da referência para cada biblioteca **193**
- Tabela 72** - Número de genes diferencialmente expressos determinados nas comparações entre os tratamentos controle irrigado e déficit hídrico envolvendo os genótipos ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ para a coleta de máximo estresse, utilizando as duas referências avaliadas (SAS de cana-de-açúcar e *Sorghum*), com indicação de número de genes induzidos (*up regulated*) ou reprimidos (*down regulated*). **197**
- Tabela 73** - SAS ID dos genes determinados como diferencialmente expressos em comum para ambos genótipos nas análises de RNA-seq, mas com perfil de expressão diferente durante o máximo estresse (terceira coleta) do experimento de suspensão de irrigação em casa de vegetação; *GO-terms*, número de *hits*; P-Valor; similaridade; e número de categorias de GOs associadas a cada gene. (Em verde e vermelho, valores de genes *down* e *upregulated*, respectivamente)..... **206**
- Tabela 74** - Genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de RNAseq. SAS ID, função e/ou processo no qual o gene está envolvido com valores de *log2 fold change* estimados pelo RNAseq e

pelo RT-qPCR. Em verde e vermelho, valores de genes *down* e *upregulated*, respectivamente. Em preto, valores que não apresentaram o mesmo perfil de expressão entre as abordagens testadas**207**

LISTA DE EQUAÇÕES

Equação 1	63
Equação 2	63
Equação 3	64
Equação 4	64
Equação 5	64
Equação 6	64
Equação 7	65
Equação 8	157

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

<i>ABA</i>	Ácido abscísico
<i>ABRE</i>	<i>ABA responsive element</i>
<i>ATP</i>	Adenosina trifosfato
<i>CBF</i>	<i>C-Repeat binding factor</i>
C_a	Concentração atmosférica de CO ₂ (μmol mol ⁻¹)
C_i	Concentração intercelular de CO ₂ (μmol mol ⁻¹)
<i>CIA</i>	Clorofórmio:Álcool Isoamílico
<i>cm</i>	centímetros
<i>CRT</i>	<i>Carboxy terminal repeat</i>
<i>CTAB</i>	<i>Cetyltrimethylammonium Bromide</i>
<i>DAP</i>	Dias após o plantio
<i>DE</i>	Diferencialmente expressos
<i>DEPC</i>	<i>Diethylpyrocarbonate</i> , Dicarbonato de dietila ou pirocarbonato de dietila
<i>DNA</i>	<i>Desoxyribonucleic acid</i> , ácido desoxirribonucléico
<i>dNTP</i>	Desoxirribonucleotídeos Fosfatados
<i>D.O.U.</i>	Diário Oficial da União
<i>DRE</i>	<i>Dehydration responsive element</i>
<i>DREB</i>	<i>Dehydration responsive element binding</i>
<i>DW</i>	<i>Dry weight</i> , peso seco
<i>E</i>	Transpiração (mmol m ⁻² s ⁻¹)
<i>EDTA</i>	<i>Ethylenediaminetetraacetic acid</i> , ácido etilenodiamino tetra-acético
<i>ELIP</i>	<i>Early light-inducible protein</i>
<i>ERD</i>	<i>Early response to dehydration</i>
<i>ERF</i>	<i>ethylene-responsive transcription factor</i>
<i>EST</i>	<i>Expressed Sequence Tags</i>
<i>ETR</i>	Transporte aparente de elétrons (μmol m ⁻² s ⁻¹)
<i>EUA</i>	Eficiência do uso da água (μmol mmol ⁻¹)
EUA_i	Eficiência intrínseca de uso da água (μmol mol ⁻¹)
<i>Fm</i>	Fluorescência máxima em tecidos adaptados ao escuro
<i>Fm'</i>	Fluorescência máxima em tecidos adaptados à luz
<i>Fo</i>	Fluorescência mínima em tecidos adaptados ao escuro

<i>Fo'</i>	Fluorescência mínima em tecidos adaptados à luz após a excitação do fotossistema I
<i>F_s</i>	Fluorescência em estado de equilíbrio dinâmico em tecidos adaptados à luz
<i>FSI</i>	Fotossistema I
<i>FSII</i>	Fotossistema II
<i>F_v</i>	Fluorescência variável no escuro
<i>F_v/F_m</i>	Eficiência quântica potencial do fotossistema II
<i>g</i>	<i>gravidade</i>
<i>GO</i>	<i>Gene ontology</i>
<i>g_s</i>	Condutância estomática (mol m ⁻² s ⁻¹)
<i>GST</i>	Glutathione S-transferase
<i>h</i>	horas
<i>HSP</i>	<i>Heat shock protein</i>
<i>IAC</i>	Instituto Agrônomo
<i>LEA</i>	<i>Late embryogenesis abundant</i>
<i>IRGA</i>	<i>Infra-red gas analyzer</i> , Analisador de gases por infra-vermelho
<i>ICF</i>	Índice de clorofila Falker
<i>LVA</i>	Latossolos Vermelho-Amarelos
<i>MAPA</i>	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
<i>MAPK</i>	<i>Mitogen-activated protein kinase</i>
<i>MES</i>	Ácido 2-morfolinoetanosulfônico monohidratado
<i>min</i>	minutos
<i>MIP</i>	<i>major intrinsic protein</i>
<i>MS</i>	<i>Murashige-Skoog</i>
<i>NADPH</i>	Nicotinamida adenina dinucleotídeo de piridina fosfato reduzida
<i>NPQ</i>	Coefficiente de extinção não fotoquímica da fluorescência
<i>PAR</i>	<i>Photosynthetically active radiation</i> , Radiação fotossinteticamente ativa
<i>PEG</i>	Polietileno glicol
<i>PIB</i>	Produto Interno Bruto
<i>P_N</i>	Assimilação de CO ₂ (μmol m ⁻² s ⁻¹)
<i>PVP</i>	Polivinilpirrolidona
<i>Q</i>	Radiação fotossinteticamente ativa (μmol m ⁻² s ⁻¹)
<i>qP</i>	Coefficiente de extinção fotoquímico
<i>qN</i>	<i>quenching non-photochemical</i>

<i>QTL</i>	<i>Quantitative trait loci</i> ; Locos de características quantitativas
<i>RFA</i>	Radiação fotossinteticamente ativa
<i>ROS</i>	<i>Reactive Oxygen Species</i> , espécies reativa de oxigênio
<i>RPKM</i>	<i>Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads</i>
<i>RuBP</i>	Ribulose-1,5-bisfosfato
<i>RWC</i>	<i>Relative water content</i> , conteúdo relativo de água
<i>RFA</i>	Radiação fotossinteticamente ativa
<i>RNA</i>	<i>Ribonucleic acid</i> ; ácido ribonucleico
<i>RNAseq</i>	<i>RNA sequencing</i> ; senquenciamento de RNA
<i>RT-qPCR</i>	<i>Quantitative Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction</i> – Amplificação quantitativa de transcritos reversos pela reação em cadeia da polimerase
<i>s</i>	segundos
<i>SAS</i>	<i>Sugarcane Assembled Sequence</i>
<i>SP</i>	São Paulo
<i>spp</i>	Espécies
<i>SRP</i>	<i>Stress Responsive Protein</i>
<i>ssp</i>	Subespécie
<i>TCH</i>	Tonelada de cana por hectare
<i>Tris</i>	<i>tris(hydroxymethyl)aminomethane</i> , tris(hidroximetil)aminometano
<i>TW</i>	<i>Turgid weight</i> , peso túrgico
<i>U</i>	Unidade de enzima
<i>UNICA</i>	União das Usinas de cana-de-açúcar
<i>USP</i>	<i>Universal Stress Protein</i>
<i>W</i>	<i>Fresh weight</i> , peso fresco
ΔF	Fluorescência variável em tecidos adaptados à luz
$\Delta F/F_m'$	Eficiência quântica efetiva do fotossistema II

LISTA DE UNIDADES E SÍMBOLOS

°C	graus Celsius
dm	decímetro
g	gramas
ha	hectare
kg	quilograma
kPa	kiloPascal; quilo pascal
<i>L</i>	Litros
m	metro
<i>M</i>	molar
<i>mM</i>	milimolar
mm	milímetro
mPa	megaPascal
m/v	massa/volume
m ³	metro cúbico
mg	miligramas
mL	mililitros
v/v	volume/volume
μg	microgramas
μL	microlitros
μM	micromolar
μS	microSiemens
ton	Tonelada
Ψ	Potencial da água na folha (MPa) ou no solo (kPa)
%	porcentagem
λ	Comprimento de onda

1 INTRODUÇÃO & REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma cultura robusta e eficiente na produção de biomassa, cultivada para obtenção de colmos, os quais acumulam grandes concentrações de sacarose e são utilizados tanto para a produção de açúcar como de etanol (DINARDO-MIRANDA, VASCONCELOS, LANDELL, 2010). O Brasil é líder mundial na produção de cana-de-açúcar com safra de 490 milhões de ton na safra de 2011/2012 (AGRIANUAL, 2012), sendo que São Paulo é responsável por mais de 50% da produção nacional. Na safra 2011/2012, aproximadamente 54% da produção canavieira brasileira foi destinado à fabricação de etanol, resultando na produção de 22,32 bilhões de litros, sendo 9,04 bilhões anidro e 13,28 bilhões de álcool hidratado, e o restante destinado para produção de 35,24 milhões de ton de açúcar (AGRIANUAL, 2012). A agroindústria canavieira chega a movimentar mais de R\$ 38 bilhões/ano, representando aproximadamente 3,5% do PIB nacional (JORNAL CANA - <http://www.jornalcana.com.br>, acesso em 22/04/12). O cultivo da cana-de-açúcar atinge uma área de 8,65 milhões de ha (Agrianual, 2012), sendo sua produção processada por 436 usinas em 18 estados, com 301 produzindo açúcar e etanol e 125 apenas etanol (UNICA - <http://www.unica.com.br>, acesso em 30/03/12).

O setor sucroalcooleiro brasileiro já despertou o interesse de diversos países pelo baixo custo de produção de açúcar e álcool, este que por sua vez tem sido cada vez mais empregado visando reduzir a emissão líquida de gases do efeito estufa e a dependência de combustíveis fósseis. As exportações de açúcar do Brasil devem chegar a 25 milhões de ton de açúcar, e estão previstos cerca de 11 milhões de ton para o consumo do mercado interno no período (JORNALCANA - <http://www.jornalcana.com.br/>, acesso em 18/04/12).

A redução na safra 2011/2012 aliada às turbulências do mercado pós crise de 2008 afetaram as cotações internacionais do açúcar, sendo que os investimentos pesados da década passada foram freados. Porém, mesmo com investidores tendendo a se concentrar em aplicações mais seguras o preço do açúcar continuou alto no Brasil e no mundo, causando uma redução de produção de etanol. A redução na oferta de combustível devido à queda na safra de 2011/2012 levou ao encarecimento do produto no mercado, consequentemente favorecendo o uso de gasolina nos motores *flexfuel*. (JORNALCANA - <http://www.jornalcana.com.br/>, acesso em 18/04/12). É evidente que existe uma demanda para o aumento da produção brasileira de etanol, tanto para redução do preço do combustível quanto para suprir a demanda doméstica e internacional.

A variação climática tem feito com que a produção dos canaviais varie de safra para safra, e com a redução da safra atual em relação à passada, mesmo se o clima for extremamente favorável na safra 2012/2013, os níveis de produção não serão suficientes para superar a safra de 2011/2012. Não há expectativa de implantação de novas áreas de cultivo na safra 2012/2013, sendo que novas unidades só serão instaladas de maneira mais expressiva a partir de 2014 (AGRIANUAL, 2012). Para atender a demanda doméstica e internacional e recuperar as perdas das safras atuais, o setor sucroalcooleiro deverá apresentar uma expansão da área plantada com cana-de-açúcar, dos atuais 8,65 milhões de ha para cerca de 12 milhões de ha nos próximos cinco anos. Áreas do oeste de São Paulo, cerrado de Goiás, Triângulo Mineiro e Mato Grosso do Sul devem ser utilizadas para a expansão do cultivo de cana, as quais são regiões predominantemente ocupadas por pastagens, mas caracterizadas principalmente por inverno seco, com períodos de deficiência hídrica bastante pronunciada e mais acentuada em comparação às regiões tradicionalmente ocupadas com a cultura, as quais já estão saturadas, com pouco espaço para expansão. A expansão do cultivo da cana-de-açúcar para essas regiões não-tradicionais demandará o direcionamento dos programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas a ambientes com tendência a ocorrência de déficit hídrico (*drought-prone environment*; CATIVELLI et al., 2007). Além disso, nesses estados há espaço ocupado por pastagens degradadas que são passíveis de utilização, além do que as terras são mais baratas. Com técnicas avançadas de cultivo e de manejo pode-se garantir a competitividade da indústria sucroalcooleira em tais áreas, sendo prevista uma ampliação de cerca de 10% de canaviais nessa região (AGRIANUAL, 2012).

As seis espécies reconhecidas de *Saccharum* (*S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. barberi*, *S. sinense* e *S. edule*) são poliploides (AMALRAJ & BALASUNDARAM, 2005), sendo que as cultivares modernas de cana-de-açúcar são aneuplóides, derivadas de hibridações interespecíficas entre a espécie produtora de açúcar *S. officinarum* ('cana nobre') e a espécie selvagem *S. spontaneum*, seguidas de uma série de retrocruzamentos com *S. officinarum* (GRIVET & ARRUDA, 2001). *Saccharum officinarum* L. ($2n = 80$; $x = 10$) é caracterizada pelo alto teor de sacarose, baixo teor de fibras, colmos grossos e pouca habilidade de rebrota (PRICE & DANIELS, 1968), enquanto que *S. spontaneum* L. ($2n = 40-128$; $x = 8$) é uma espécie selvagem com alta variabilidade, ampla distribuição e baixa produção de açúcar, mas que apresenta boa adaptação a diferentes ambientes e resistência a diversas doenças (ROACH & DANIELS., 1987; SREENIVASAN, AHLOOWALIA, HEINZ, 1987). O elevado nível de ploidia, a ocorrência de aneuploidia e a

complexidade citogenética dos híbridos interespecíficos, aliados à dificuldade de se obter total controle na hibridação tem limitado os estudos genéticos em cana-de-açúcar (D'HONT et al., 1996; JANOO et al., 1999; GRIVET & ARRUDA, 2001). Ademais, um programa tradicional de melhoramento genético de cana-de-açúcar leva em média 12 anos, desde a realização de cruzamentos até a liberação comercial de uma cultivar, passando por várias etapas, requerendo muito tempo e recursos (DANIELS & ROACH, 1987).

O estresse hídrico (deficit hídrico ou seca) é um importante fator limitante de crescimento, desenvolvimento e produtividade das plantas cultivadas, levando à modificações morfológicas, bioquímicas e fisiológicas nas plantas (JAMAUX, STEINMETZ, BELHASSEN, 1997; BRAY, 1997). A identificação das características morfo-fisiológicas, de locos de características quantitativas (QTLs) e dos mecanismos moleculares associados à tolerância à seca são abordagens úteis em estudos de tolerância e resposta ao estresse, tendo sido intensamente investigados recentemente (TUBEROSA & SALVI, 2006; WANG et al., 2004). Em termos de características morfo-fisiológicas, a tolerância à seca em plantas pode envolver adaptações como aumento e aprofundamento do sistema radicular; diminuição da altura e diâmetro do colmo; aumento do número de perfilhos; fechamento dos estômatos; diminuição da área verde foliar, espessamento da cutícula; abscisão foliar; diminuição da taxa de fotossíntese; ajuste do equilíbrio osmótico celular com produção de osmólitos; expressão de chaperonas moleculares; sistema antioxidante eficiente, entre outros (TAIZ & ZEIGER, 1998; TUBEROSA & SALVI, 2006). Tais adaptações que resultam na tolerância ao estresse hídrico são resultado de complexos eventos moleculares interligados, que formam conjuntos de redes de percepção e sinalização, as quais por sua vez ativam mecanismos de restabelecimento da homeostase e de proteção e reparo de moléculas essenciais (RAMANJULU & BARTELS, 2002). Tais mecanismos são geneticamente complexos e possuem avaliação indireta, necessitando da integração de áreas como a biologia molecular e a fisiologia vegetal ao melhoramento. Uma abordagem eficaz para desvendar as respostas fundamentais aos estresses abióticos é a aplicação de condições de estresse sub-letal (GROVER et al., 2001; VERSLUES et al., 2006) seguida de avaliações morfo-fisiológicas, aliada a análise da expressão gênica diferencial de genótipos contrastantes para resposta ao estresse, permitindo a identificação de genes induzidos pelo estresse por comparação do perfil da expressão gênica em plantas sob condições ideais e plantas que estejam sujeitas ao estresse (OZTURK et al. 2002; REDDY et al. 2002; ZHENG et al. 2004, WANG et al., 2007).

Em cana-de-açúcar, a deficiência hídrica é um dos estresses ambientais mais danosos, podendo afetar a cultura mesmo nas estações mais chuvosas, em decorrência de

veranicos. Sendo assim, a elucidação dos mecanismos adotados pela cana-de-açúcar na tolerância ao déficit hídrico seria de grande valor para o desenvolvimento de cultivares tolerantes a seca, estando estritamente relacionado à sustentabilidade e a viabilidade econômica dessa cultura em áreas sujeitas ao déficit hídrico. Genótipos mais tolerantes ao estresse hídrico também poderiam contribuir para a redução do uso de irrigação (ROCHA et al., 2007). Além disso, seriam úteis também para o melhoramento de cultivares voltadas para a expansão da canavicultura, uma vez que as terras utilizadas para tal expansão estão concentradas em lugares com tendência ao déficit hídrico. Nos últimos 10 anos, mais de 80 cultivares de cana-de-açúcar foram desenvolvidas no Brasil, porém poucas com potencial produtivo para o cultivo nas condições de cerrado, apesar de a cana apresentar variabilidade genética em relação à suscetibilidade ao déficit hídrico.

Diversos estudos tem buscado desvendar os mecanismos por trás da tolerância a seca em várias plantas (CATIVELLI et al., 2002; TUBEROSA & SALVI, 2006; WANG et al., 2007; YANG et al., 2011), e também em cana-de-açúcar (SUGIHARTO et al., 2002; ROCHA et al., 2007; CASU et al., 2007; RODRIGUES, DE LAIA, ZINGARETTI, 2009; ISKANDAR et al., 2011), sendo que o déficit hídrico é o principal fator limitante para a canavicultura (MING et al., 2006). Experimentos de campo são mais vantajosos e desejados para uma avaliação precisa e confiável da resposta de genótipos de cana a seca, porém são muitas vezes onerosos e dependem de integração entre pesquisadores de diversos setores, incluindo universidades, institutos de pesquisa e profissionais do setor sucroalcooleiro, o que dificulta a instalação e o gerenciamento de tais estudos. Estratégias de estudos controlados em casa de vegetação tem sido utilizadas para caracterização de genótipos tolerantes à diversos estresses (MACHADO, 2009; RODRIGUES, de LAIA & ZINGARETTI, 2009), porém o cultivo em condições tão controladas torna os resultados questionáveis do ponto de vista de reprodução das condições reais observadas no campo.

Diversas metodologias são também utilizadas para simulação ou indução de déficit hídrico em condições de cultivo *in vitro* ou em casa de vegetação, sendo que normalmente essas metodologias envolvem o uso de algum agente estressor que provoca a desidratação, levando as plantas expostas a experienciar potenciais hídricos celulares muito negativos, simulando situações de déficit hídrico. Algumas abordagens destacadas envolvem o uso de ácido-abscísico (ABA) em plantas *in vitro* (BRAY, 2002; QIN & ZEEVAART, 2002), o qual é um hormônio vegetal que atua na percepção e sinalização do estresse pelas raízes para as folhas, exercendo também papel importante no fechamento estomático (JIANG & HARTUNG, 2008).

Além do ABA, o uso de herbicidas também é conhecido por causar condições semelhantes àsquelas provocadas pelo deficit hídrico, principalmente com relação ao estresse oxidativo resultante do modo de ação desses herbicidas, que também é observado para plantas submetidas à seca (ZHANG et al., 2006). Dentre vários herbicidas utilizados para indução de estresse oxidativo e simulação de estágio de seca (KRUSE et al., 2006), o Paraquat (*methylviologen*) é um herbicida não seletivo e de ação rápida, que tem sido usado comercialmente por mais de 40 anos (YU et al., 2009). O Paraquat exerce efeito fitotóxico nas células pois atua na membrana do cloroplasto, catalisando a transferência de elétrons do fotossistema I (FSI) para o oxigênio molecular produzindo espécies reativas de oxigênio, as quais por sua vez causam peroxidação lipídica e danos na membrana celular (PRESTON 1994). Além de ser usado para controle de ervas daninhas na agricultura, esse herbicida também é utilizado como agente estressor para avaliações indiretas de simulação de deficit hídrico (CHAGAS et al., 2007), já que plantas que possuem melhor resposta à aplicação de paraquat teoricamente possuiriam um melhor sistema antioxidante, o que constituiria numa vantagem durante períodos de deficit hídrico prolongado (ALTINKUT et al., 2001).

Assim como Paraquat, o uso de polietilenoglicol (PEG) tem sido amplamente reportado como um indutor de deficit hídrico (VERSLUES, OBER & SHARP, 1998; van der WEELE et al., 2000), por causar uma diminuição no potencial osmótico do meio e subsequente desidratação das plantas (STEUTER, MOZAFAR & GOODIN, 1981). Tal metodologia apresenta grande potencial para testar abordagens genômicas de resposta ao estresse, visto que permite que experimentos de simulação ao deficit hídrico sejam reproduzidos em sistemas fechados em casa de vegetação, ou até mesmo em condições de cultivo *in vitro*, para avaliar a expressão de genes responsivos ao deficit hídrico. Porém, apesar de representar uma alternativa rápida e mais barata à instalação de experimentos de seca em campo, o uso de tais metodologias para simulação de deficit hídrico deve ser sempre comparado com as respostas reais observadas em campo ou com dados disponíveis na literatura, para validação dos resultados e aumento da confiabilidade de tais experimentos. Tais ensaios poderiam servir então como uma alternativa para avaliação das respostas fisiológicas dos genótipos selecionados em experimentos de campo. Para tal, é necessário que haja tal informação disponível na literatura, sendo que para cana-de-açúcar tal informação é escassa. Portanto, estudos que busquem avaliar parâmetros fisiológicos aliados a análises de perfil de expressão em diferentes metodologias de indução e simulação de seca em casa de vegetação além da avaliação de deficit hídrico no campo se constituem como uma ferramenta

robusta para elucidação das vias de percepção, sinalização e resposta ao déficit hídrico (PASSIOURA, 1996).

Vários genes induzidos pelo déficit hídrico são também induzidos por estresse causado por baixas temperaturas (frio) e/ou alta concentração salina, evidenciando uma significativa interação (*cross-talk*; CATIVELLI et al., 2007) entre as vias responsivas a tais estresses. A resposta ao déficit hídrico, bem como ao estresse por frio ou alta salinidade pode ser influenciada por vias dependentes ou independentes de ABA, evidenciando o papel fundamental desse fitormônio como um mecanismo de sinalização e controle na regulação da resposta ao estresse, em particular controle de fechamento de estômatos (ROLELOFS et al., 2008; YAMAGUCHI-SHINOZAKI & SHINOZAKI, 2005; JIANG & HARTUNG, 2008). Em análises de microarranjos de arabidopsis, SEKI et al. (2001) mostraram que ocorre sobreposição da expressão de vários genes induzidos no estresse por frio, seca ou alta salinidade. Porém o fato de que um maior número de genes foi induzido pelo déficit hídrico sugere que a tolerância a tal estresse requer uma maior alteração transcricional na célula vegetal, podendo-se então considerá-lo como o fator mais limitante para produtividade (ROLELOFS et al., 2008).

A falta de informações genéticas e moleculares sobre os mecanismos de tolerância à seca e sua herança em cana-de-açúcar, entre outros fatores, tem limitado o desenvolvimento de cultivares melhoradas. Há necessidade de se distinguir entre os genes realmente relacionados à resposta à deficiência hídrica, que possuem uma função adaptativa no estabelecimento da tolerância, daqueles que são ativados pelas injúrias ocasionadas pelo estresse hídrico em plantas em geral (OLIVER et al., 2004) ou em cana . Nem todo gene induzido apresenta um papel na tolerância ao estresse, e a mudança de expressão em alguns deles pode ser simplesmente o resultado de danos causados pelo estresse (BRAY, 1997; CHAVES et al., 2003). A classificação de genes induzidos sob estresse hídrico e a identificação de genes-chave que contribuem para a tolerância a tal estresse em cana-de-açúcar ainda hoje permanece um desafio.

Uma classificação aceita atualmente separa os produtos dos genes induzidos pela seca que funcionam na resposta ao estresse, daqueles que atuam no estabelecimento da tolerância. Utilizando análises de microarranjos em arabidopsis, SHINOZAKI et al. (2003) categorizaram os produtos dos genes induzidos pelo estresse em dois grupos: o primeiro incluindo proteínas relacionadas à tolerância ao estresse, e o segundo contendo proteínas regulatórias, fatores protéicos envolvidos na transdução do sinal e na expressão de genes responsivos ao estresse (Figura 1). A categorização dos genes pode ser baseada na sua

resposta em relação ao tempo (de segundos a minutos, ou de horas a dias), o que permite especular que genes com resposta mais rápida devem estar envolvidos na proteção inicial e na amplificação do sinal, enquanto que os genes de expressão mais tardia devem estar envolvidos na adaptação e tolerância ao estresse (RAMANJULU & BARTELS, 2002). Assim como em *arabidopsis*, análises de microarranjos possibilitaram a classificação de produtos de genes de arroz induzidos pelo estresse hídrico em proteínas funcionais e regulatórias (RABBANI et al., 2003). Análises comparativas de genes induzidos pelo déficit hídrico em arroz e *arabidopsis* revelaram um grau considerável de similaridade nas respostas ao estresse entre os dois genomas a nível molecular. Dentre 73 genes identificados em arroz, 51 já haviam sido descritos em *arabidopsis* exatamente com as mesmas funções, indicando que arroz e *arabidopsis* possuem genes homólogos que são induzidos pelo estresse.

Figura 1 - Funções dos genes induzidos pelo déficit hídrico na tolerância e resposta ao estresse. O primeiro grupo à esquerda (verde) inclui proteínas funcionais na resposta à tolerância, e o segundo à direita (azul) inclui os fatores de transcrição envolvidos na regulação da transdução do sinal e expressão gênica das proteínas regulatórias (Adaptado de Shinozaki & Yamaguchi-Shinozaki, 2007)

No primeiro grupo de produto de genes responsivos a seca, que codificam as proteínas relacionadas ao combate ao estresse e estabelecimento da tolerância, destacam-se as chaperonas, *Late Embryogenesis Abundant* (LEAs) e dehidrinas, envolvidas na proteção de estruturas citoplasmáticas durante a desidratação (ROELOFS et al., 2008). As LEAs são conhecidas por acumularem durante a embriogênese tardia em resposta à desidratação, baixa temperatura, alta salinidade e tratamento exógeno com ABA, o que sugere seu envolvimento na proteção de estruturas citoplasmáticas durante a desidratação. As proteínas *LEA* são comuns em diversas espécies de mono e dicotiledôneas, e várias isoformas já foram isoladas, sendo que a homologia observada entre as diferentes LEAs aliada à especificidade de sua

expressão durante uma etapa específica do desenvolvimento da planta sugere um papel fundamental dessas proteínas na tolerância à desidratação (BRAY, 1997; RAMANJULU & BARTELS 2002; ROELOFS et al., 2008). Já as desidrinas representam uma família de proteínas que são expressas durante o estresse por seca, apresentando função portetora para as membranas celulares contra os efeitos da desidratação e baixos níveis de potencial hídrico enfrentado durante a seca. Os genes codificadores de desidrinas geralmente são induzidos pelo ácido-abscísico e em resposta a estresse salino (INGRAM & BARTELS, 1996), sendo que sua expressão gnênica já foi relatada por diversos autores como sendo induzida também durante a seca (ISLAM & WANG, 2010; FERREIRA et al., 2012).

A segunda classe de proteínas funcionais inclui as aquaporinas, que são proteínas-canal que facilitam o transporte celular de água através de gradientes de potenciais hídricos transmembrânicos. As aquaporinas podem regular a condutividade de membranas e proporcionar um aumento de dez a vinte vezes na permeabilidade à água. Essas proteínas possuem um potencial papel nas relações hídricas das plantas, sendo que diversos genes que codificam aquaporinas apresentaram indução de expressão durante a desidratação, alguns deles induzidos também pelo ácido abscísico, evidenciando mecanismos de sinalização dependentes e independentes de ABA (BRAY, 1997; RAMANJULU & BARTELS, 2002; YAMAGUCHI-SHINOZAKI et al., 2007). Outras aquaporinas podem apresentar uma diminuição de expressão, visando reduzir a saída de água da célula, atuando na manutenção do potencial hídrico celular.

Outra classe de proteínas funcionais é aquela que inclui proteínas chaperonas e chaperoninas que atuam na proteção do aparato fotossintético, o qual é muito sensível e propício de sofrer danos, sendo necessária sua manutenção ou rápida reparação durante a reidratação. Vários estudos descrevem proteínas que atuam no reparo e manutenção do aparato fotossintético em inúmeras espécies de plantas, como *Solanum tuberosum* e *Craterostigma plantagineum* (SCHNEIDER et al., 1993; Rey et al., 1998; ALAMILLO & BARTELS, 2001). Os produtos dos genes relacionados à proteção de estruturas cloroplastidiais podem atuar tanto no estroma quanto nos tilacóides, agindo principalmente na estabilização das membranas dos tilacóides (ALAMILLO & BARTELS, 2001).

No grupo das proteínas funcionais também se incluem as enzimas chave para biossíntese de osmólitos e açúcares solúveis, os quais são sintetizados em resposta ao estresse osmótico e não interferem nas reações bioquímicas normais da célula, ajudando na manutenção do equilíbrio osmótico durante a desidratação (CARVALHO, 2008). Osmólitos incluem moléculas como açúcares, polióis, prolina, compostos quaternário de amônio e

compostos terciários de enxofre. O aumento da síntese de osmólitos é regulado por genes que codificam proteínas da via de biossíntese desses osmólitos, como por exemplo, uma indução da expressão do gene de P-5-C sintase (*P-5-CS*) e da prolina desidrogenase (*ProDH*), que leva ao aumento do acúmulo de Prolina durante o déficit hídrico (YOSHIBA et al., 1997). O mecanismo pelo qual ocorre a proteção por esses osmólitos ainda não é bem conhecido, sendo que o acúmulo de osmólitos por si só não representa um ajuste osmótico. Já o acúmulo de açúcares solúveis como trealose, glicerol, manitol e sorbitol pode ajudar não apenas na manutenção do equilíbrio osmótico, mas também na proteção e estabilização de proteínas (RAMANJULU & BARTELS, 2002).

Outros grupos de proteínas de importância, com potencial envolvimento na resposta funcional ao estresse incluem transportadores de açúcares, transportadores de lipídios, enzimas de vias de desintoxicação, enzimas que atuam no combate o estresse oxidativo e proteínas chaperonas envolvidas no reparo de outras proteínas e proteases (SHINOZAKI & YAMAGUCHI-SHINOZAKI, 2007; ROLELOFS et al., 2008), porém pouco se sabe sobre a correta atuação dessas proteínas no estabelecimento da tolerância ao déficit hídrico (ROLELOFS et al., 2008).

Já no grupo das proteínas regulatórias, são encontrados mais frequentemente fatores de transcrição, tais como Zíperes de Leucina; proteínas quinases e fosfatases; enzimas envolvidas no metabolismo de fosfolípidos; e moléculas sinalizadoras (RAMANJULU & BARTELS, 2002; YAMAGUCHI-SHINOZAKI et al., 2002). Fatores de transcrição são induzidos pelo estresse, o que pode significar que diferentes mecanismos regulatórios da transcrição podem funcionar na regulação das vias de transdução de sinal durante o estresse hídrico. Tais fatores de transcrição têm papel fundamental na expressão de genes induzidos pelo estresse, tanto conjuntamente ou independentemente, e podem constituir redes gênicas (SHINOZAKI & YAMAGUCHI-SHINOZAKI, 2007).

Análises comparativas de genes induzidos por seca, alta salinidade e frio revelaram que promotores de genes regulados pelo estresse contém dois elementos *cis*-atuantes (*cis-acting*) principais envolvidos na expressão de genes induzidos pelos estresses, sendo um deles denominado ABRE (*ABA-responsive element*), que funciona na via dependente de ABA, e o outro DRE (*dehydration-responsive element*)/CRT (*C-Repeat*), que atua na via independente de ABA (RAMANJULU & BARTELS, 2002; YAMAGUCHI-SHINOZAKI & SHINOZAKI, 2005; ROCHA ET AL., 2007; ROELOFS ET AL., 2008). Genes que codificam fatores de transcrição que se ligam a esses elementos DRE/CRT foram isolados e denominados *CBF/DREB1* e *DREB2* em arábido, e apresentaram respectivamente 10 e 4 homólogos em

arroz (10 *OsDREB1* e 4 *OsDREB2*). Os produtos dos genes *CBF/DREB1* ativam a expressão de genes alvo induzidos pelo estresse (YAMAGUCHI-SHINOZAKI & SHINOZAKI, 2005), e diversos genes-alvo das CBF/DREB1 já foram identificados utilizando-se análises de microarranjos (SEKI et al., 2001), sendo que seus produtos estão consequentemente envolvidos no estabelecimento da tolerância ao estresse. A super-expressão de *CBF/DREB1* ou *OsDREB1* aumentou a tolerância à seca e ao frio em arroz, evidenciando que fatores de transcrição similares estão envolvidos na tolerância aos estresses abióticos em plantas mono e dicotiledôneas (YAMAGUCHI-SHINOZAKI & SHINOZAKI, 2005).

Em cana-de-açúcar, já foram realizados estudos com genes regulatórios envolvidos na resposta à seca (NOGUEIRA et al., 2005; ROCHA et al., 2007, RODRIGUES, de LAIA, ZINGARETTI, 2008; ISKANDAR et al., 2011; FERREIRA et al., 2012), e muitos genes apresentaram um motivo DRE em seus promotores, como por exemplo o fator de transcrição da família AP2, homólogo ao gene *DREB2* (*DRE binding factor 2*) de arroz. Diversos outros fatores de transcrição envolvidos no reconhecimento e transdução do sinal do estresse hídrico foram caracterizados em cana-de-açúcar por ROCHA et al. (2007) e ISKANDAR et al., 2011, porém vários outros fatores de transcrição bem como genes responsivos relacionados diretamente ao estabelecimento da tolerância à seca ainda não foram amplamente descritos e analisados nessa cultura (RODRIGUES, de LAIA, ZINGARETTI, 2008).

Genes envolvidos na regulação da expressão em situações de déficit hídrico ou no estabelecimento da tolerância à seca são potenciais candidatos para avaliação da expressão diferencial em cana-de-açúcar. Os estudos realizados em arroz, arabidopsis e cana utilizaram metodologia semelhante à proposta neste trabalho, envolvendo análises de microarranjos de cDNA (SEKI et al., 2001; YAMAGUCHI-SHINOZAKI et al., 2002; RABANI et al., 2003; ROCHA et al., 2007) e/ou RNAseq (MALONE & OLIVEIR, 2011; YANG et al., 2011) e subsequente validação por RT-qPCR, para investigar os genes diferencialmente expressos em estágio de seca comparados ao controle irrigado (ALBA et al., 2004). Alguns estudos utilizaram os genes que apresentaram expressão diferencial durante a seca, especialmente os *upregulated* (induzidos pelo estresse) para obtenção de plantas transformadas, mais tolerantes ao déficit hídrico (ZHANG et al., 2004; BARTELS & SUNKAR, 2005).

A elucidação dos genes responsivos que codificam proteínas estruturais e/ou diretamente relacionadas ao combate do estresse e estabelecimento da tolerância à seca também pode ser útil para o desenvolvimento de marcadores genéticos, utilizados na seleção de genótipos tolerantes e/ou sensíveis, bem como pode ajudar na obtenção de genótipos melhorados via manipulação direta (transgenia) ou melhoramento clássico. Para isso, faz-se

necessário a integração de ferramentas biotecnológicas aos programas convencionais de melhoramento, para melhor compreensão das associações entre genótipo e fenótipo (RIBAUT et al., 2002). O uso de tais ferramentas permite que genes ou regiões genômicas envolvidas na expressão da mesma sejam identificados. A análise da expressão gênica em escala genômica possibilita a identificação de padrões teciduais e temporais de indução e repressão de determinados genes, bem como a sua localização subcelular, fornecendo indicações importantes sobre os processos biológicos nos quais os produtos gênicos estão envolvidos (CASU et al, 2007, ROCHA et al, 2007).

Este trabalho buscou realizar a integração de diversas áreas do conhecimento, combinando análises morfofisiológicas e moleculares em experimentos de seca em campo, casa de vegetação e em condições *in vivo* e *in vitro* para testar a hipótese de que existe variação entre a coleção de genótipos avaliados, e que genótipos mais tolerantes teriam um mecanismo uma melhor manutenção do status hídrico celular, além de uma resposta fotoquímica e de trocas gasosas mais eficientes, aliados à regulação fina da expressão gênica. Portanto, neste trabalho foram comparadas metodologias de avaliação de deficit hídrico em campo e indução de estágio de seca em cana-de-açúcar, além de ser desenvolvida uma metodologia fidedigna para simulação/indução do estresse em condições de laboratório. Posteriormente foi analisado o perfil da expressão gênica de genótipos de cana-de-açúcar supostamente tolerantes e/ou sensíveis ao deficit hídrico de uma coleção de genótipos do IAC, utilizando-se para isso análises de microarranjos, RNAseq e validação por quantificação da expressão gênica relativa via amplificação da transcrição reversa (RT-qPCR), a fim de identificar os genes diferencialmente expressos entre genótipos de cana-de-açúcar contrastantes para a tolerância ao deficit hídrico. Os genótipos contrastantes empregados para teste de hipótese para este trabalho foram ‘IACSP 94-2094’, para padrão de tolerância, e ‘IACSP 97-7065’ como padrão de sensibilidade, sendo que tal escolha foi baseada em performance avaliadas em experimentos prévios de campo (Dr. MARCOS LANDELL¹, MACHADO, 2009).

Após a caracterização dos genótipos testados através das diversas metodologias empregadas por esse trabalho, buscou-se confirmar a classificação proposta para os genótipos pré-definidos baseado em suas respostas fisiológicas e moleculares ao deficit hídrico. A

¹ DR. MARCOS GUIMARÃES DE ANDRADE LANDELL, comunicação pessoal. Diretor do Programa Cana IAC (Procana), Centro Avançado de Pesquisa Tecnológica do Agronegócio Cana, Instituto Agrônomo (IAC), Ribeirão Preto/SP, Brasil.

hipótese principal foi que o genótipo tolerante apresentaria sob seca uma melhor regulação do estado hídrico celular, redução precoce nas trocas gasosas, e capacidade de manutenção ou ajuste dos níveis de fotossíntese, enquanto que o genótipo sensível não apresentaria mecanismos de percepção e resposta ao deficit hídrico elaborados, não sendo capaz de ajustar o potencial hídrico e lidar com o excesso de energia luminosa durante o período de desidratação. Para teste da hipótese, foram realizados experimentos de campo, casa de vegetação, além da avaliação de metodologias de simulação de indução do deficit hídrico (ABA, PEG *in vitro*, *in vivo* e Paraquat), a fim de se comparar os resultados obtidos com as diferenças técnicas e corroborar os resultados obtidos por cada uma delas independentemente.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 Material vegetal

A escolha dos materiais a serem empregados neste estudo teve início em 2008, quando foi montado um experimento em Goianésia - GO, local com tendência a ocorrência de deficit hídrico, para seleção de genótipos a serem testados para a resposta ao deficit hídrico. Para o primeiro ano, 100 genótipos foram avaliados por performance em campo, sendo que os 10 genótipos mais contrastantes foram selecionados, sendo alguns com característica de tolerância e outros de sensibilidade. Foram selecionados alguns genótipos para testar a hipótese de que eles seriam tolerantes, com destaque para 'IACSP 94-2094', e alguns para o teste da hipótese de sensibilidade ao deficit hídrico, com destaque para 'IACSP 97-7065'. Após a seleção, os dez genótipos empregados para os ensaios de seca em campo e por suspensão de irrigação em casa de vegetação foram 'IACSP03-8189', 'IACS 96-7586', 'IACS 97-3391', 'IACS 94-2094', 'IACS 03-8125', 'IACS 01-8112', 'IACSP03-8022', 'IACSP03-8014', 'IACSP97-7065' e 'SP87-365'. Baseado nas informações e conhecimentos prévios do grupo do Programa Cana de Melhoramento do IAC (DR. MARCOS LANDELL, comunicação pessoal), os genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' foram pré-definidos como os mais contrastantes para a resposta ao deficit hídrico, por meio de observações fenotípicas prévias realizados em experimentos anteriores em campo, e dentre os dez genótipos avaliados em ambos ensaios foram selecionados para a realização das análises moleculares do experimento de campo (microarranjos) e casa de vegetação (RNAseq). Para ambos experimentos de expressão gênica global, 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' foram amostrados por serem considerados durante os ensaios com os 100 genótipos como os mais contrastantes em resposta a deficiência hídrica (DR. MARCOS LANDELL, comunicação pessoal). Estes genótipos também foram empregados para os ensaios de simulação de seca por exposição a polietilenoglicol (PEG) em meio de cultivo *in vitro* ou *in vivo* (hidroponia). Para os experimentos de exposição ao Paraquat, foram empregados num primeiro ensaio sete genótipos ('IACSP94-2094', 'IACSP96-2042', 'SP87-365', 'SP80-3280', 'SP87-344', 'Muntok' e 'SES'), enquanto que num segundo ensaio foram empregados os mesmos 10 genótipos utilizados nos experimentos de seca em campo e em casa de vegetação.

2.2 Ensaio de seca em condição de campo

Foi conduzido um ensaio em campo para testar a hipótese de que genótipos de cana-de-açúcar mais tolerantes apresentam mecanismos de trocas gasosas e fotoquímicos mais eficientes elaborados do que os genótipos sensíveis, além de testar as categorias de tolerância hipotetizadas para os genótipos contrastantes selecionados, e finalmente servir como base de comparação com o experimento de seca em casa de vegetação e hidroponia, a fim de se desenvolver metodologia fidedigna de indução/simulação de deficit hídrico. Foram avaliados os 10 genótipos listados acima, sendo seis para teste (todos de elite para tolerância a deficit hídrico) e quatro definidos como padrões: dois de sensibilidade ('IACSP97-7065' e 'SP87-365') e dois de tolerância ('IACSP96-7586' e 'IACSP94-2094'), com destaque para o máximo contraste esperado entre 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065'. O experimento foi instalado na fazenda Revolta na usina Jalles Machado no município de Goianésia, GO. O solo é classificado como LVA 3 segundo levantamento Ambicana/IAC. O ensaio correspondeu a um período de dois anos, sendo instalado no dia 13/10/2009, e colhido em 26/10/2010 (cana-planta), e a cana-soca (2º ano) colhida em 04/09/2011. Os dez genótipos foram submetidos a dois tratamentos: controle (hidratado por chuva até o início do período de seca e depois irrigado) e deficit hídrico (não irrigado), dispostos em três blocos casualizados. As parcelas foram compostas de quatro sulcos de 4 m de comprimento, com o espaçamento entre sulcos de 1,5 m com carregadores de 2 m. A densidade de plantio foi de 15 gemas/m linear. O ensaio foi delimitado por bordaduras laterais (quatro sulcos de cada lado) e bordaduras frente e fundo de 10 m cada para evitar interferências nas parcelas experimentais. As análises biométricas e de tecnologia foram realizadas pela Usina Jalles Machado, e os dados brutos foram repassados para análise por esse trabalho. Foram avaliados parâmetros biométricos como número média de folhas verdes, número médio de folhas secas, comprimento médio do colmo (cm), diâmetro médio do colmo e número de colmos/metro; além de parâmetros tecnológicos como peso total, peso de 5 canas, fibra, umidade, BRIX, Pol e pureza de cana, além de BRIX do caldo, Pol do caldo e pureza do caldo expressos em porcentagem (%). Já as análises fisiológicas realizadas para este ensaio estão descritas no item 2.5.

Para as análises moleculares As coletas das amostras de folhas foram feitas nas duas linhas centrais, descartando-se as entradas das linhas de plantio. As folhas coletadas foram aquelas totalmente expandidas sempre tomando como referência o primeiro *dewlap* visível dos colmos amostrados. O experimento foi instalado na Usina Jalles Machado, em Goianésia

- GO, conforme disposição constante na Figura 2. O potencial hídrico do solo (Ψ , kPa) foi monitorado diariamente a partir do terceiro mês do experimento por tensiômetros (Tracom) instalados no solo a 30, 60 e 90 cm de profundidade.

29 - IACSP 96-7586	30 - IACSP 01-8112	29 - IACSP 96-7586	30 - IACSP 01-8112
27 - IACSP 94-2094	28 - IACSP 03-8014	27 - IACSP 94-2094	28 - IACSP 03-8014
25 - IACSP 97-3391	26 - IACSP 03-8022	25 - IACSP 97-3391	26 - IACSP 03-8022
23 - IACSP 03-8189	24 - SP 365	23 - IACSP 03-8189	24 - SP 365
21 - IACSP 03-8125	22 - IACSP 97-7065	21 - IACSP 03-8125	22 - IACSP 97-7065
Bloco 3		Bloco 3	
20 - IACSP 03-8125	19 - IACSP 03-8014	20 - IACSP 03-8125	19 - IACSP 03-8014
17 - IACSP 96-7586	18 - SP 365	17 - IACSP 96-7586	18 - SP 365
16 - IACSP 94-2094	15 - IACSP 01-8112	16 - IACSP 94-2094	15 - IACSP 01-8112
13 - IACSP 03-8189	14 - IACSP 03-8022	13 - IACSP 03-8189	14 - IACSP 03-8022
12 - IACSP 97-3391	11 - IACSP 97-7065	12 - IACSP 97-3391	11 - IACSP 97-7065
Bloco 2		Bloco 2	
9 - IACSP 03-8189	10 - SP 365	9 - IACSP 03-8189	10 - SP 365
8 - IACSP 96-7586	7 - IACSP 01-8112	8 - IACSP 96-7586	7 - IACSP 01-8112
5 - IACSP 97-3391	6 - IACSP 03-8022	5 - IACSP 97-3391	6 - IACSP 03-8022
4 - IACSP 94-2094	3 - IACSP 03-8014	4 - IACSP 94-2094	3 - IACSP 03-8014
1 - IACSP 03-8125	2 - IACSP 97-7065	1 - IACSP 03-8125	2 - IACSP 97-7065
Bloco 1	Campo Irrigado	Bloco 1	Campo Sequeiro

Figura 2 - Disposição das parcelas nos campos de sequeiro e irrigado na Fazenda Revolta, Usina Jalles Machado, onde foi instalado o experimento de seca em campo. Números de 1 a 30 indicam as parcelas

Durante o primeiro ano do ensaio foram realizadas mensalmente avaliações fisiológicas (detalhadas no item 2.5) e coletas de material vegetal, sendo iniciadas no começo do período de seca. As amostras dos ensaios de sequeiro e irrigado foram coletadas no início do período seco (1ª Coleta; 12/05/2010), seguido de três coletas dos tratamentos irrigado e sob déficit em 11/06/2010 (2ª coleta), 28/07/2010 (3ª coleta) e 26/08/2010 (4ª coleta), sendo esta última sob déficit hídrico severo. A última coleta (5ª coleta) foi feita após o reinício das chuvas (reidratação) e ocorreu em 22/10/2010 próximo a colheita (cana-planta), conforme consta na Tabela 1. No segundo ano do ensaio, as coletas se iniciaram antes do início do período seco (17/06/2011) da mesma forma que no primeiro ano, seguido de duas coletas dos tratamentos irrigado e sob deficit nas datas 29/07/2011 e 01/09/2011, sendo a última coleta (03/09/2011) correspondente a reidratação (Tabela 2).

Tabela 1 - Datas de coleta do material vegetal e estágio do deficit hídrico em 2010 (cana-planta)

Data	Atividade
12/05/2010	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados em condições ideais
11/06/2010	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados sob irrigação e em estágio inicial de seca
28/07/2010	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados sob irrigação e sob deficit moderado
26/08/2010	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados sob irrigação e sob deficit hídrico severo
22/10/2010	Coleta do material vegetal dos 4 clones selecionados após reidratação pela chuva.

Tabela 2 - Datas de coleta do material vegetal e estágio do deficit hídrico em 2011 (cana-soca)

Data	Atividade
17/06/2011	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados em condições ideais
29/07/2011	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados sob irrigação e em estágio inicial de seca
01/09/2011	Coleta de material vegetal de 4 genótipos cultivados sob irrigação e sob deficit hídrico severo
03/09/2011	Coleta do material vegetal de 4 genótipos cultivados após reidratação por irrigação

Os índices mensais de precipitação em Goianésia em 2010 foram inferiores a média dos últimos 14 anos (Figura 3), sendo que houve prolongada estiagem (maio a agosto) e baixa precipitação durante os meses de abril e setembro, se comparado à média dos últimos 14 anos. Em 2011 o período de estiagem foi mais curto, se estendendo de junho a agosto (Figura 3).

Figura 3 - Dados de precipitação dos últimos 2 anos e média dos últimos 14 anos na Usina Jalles Machado, em Goianésia - GO. Em preto, precipitação mensal (mm chuva) no ano de 2010; em cinza, precipitação mensal (mm chuva) até outubro de 2011. Na legenda, valores mensais de precipitação (mm). Fonte: Estação Meteorológica Goianésia, Usina Jalles Machado S.A.

2.3 Ensaios de deficit hídrico por suspensão de irrigação em casa de vegetação

Foi conduzido um experimento para teste das hipóteses formuladas nesse trabalho, agora em experimentos de suspensão de irrigação, realizados em colaboração com pesquisadores do Centro de Fisiologia do IAC em casa de vegetação na Fazenda Santa Elisa, Campinas, SP, com destaque para a colaboração da Dra Silvana Creste, do MSc Ricardo Machado e do Dr. Rafael Vasconcelos. Foi decidido realizar este experimento para avaliar se experimentos de casa de vegetação podem ser utilizados como uma reprodução confiável da resposta observada no campo, pois tais ensaios são realizados em ambiente mais controlado e portanto muitas vezes as respostas observadas para experimentos em contenção não são adequadas e congruentes com as respostas observadas em campo. O experimento foi instalado em 23/11/2009 e colhido em 29/10/2010, concomitantemente ao experimento de seca em campo (outubro de 2009 a outubro de 2010). Os mesmos dez genótipos de cana-de-açúcar listados anteriormente foram empregados nesse estudo, sendo 6 para teste e quatro padrões, dois de sensibilidade ('IACSP 97-7065' e 'SP 87-365') e dois de tolerância ('IACSP 96-7586' e 'IACSP 94-2094'), similar aos ensaios de campo. As plantas foram obtidas a partir da brotação de gemas em toletes plantadas em bandejas, sendo que tal processo foi padronizado para que as mesmas tivessem origem e porte semelhantes entre si. Após 42 dias do plantio das gemas (DAP) em casa de vegetação com controle automático de irrigação, as plantas foram transplantadas para tanques de alvenaria ($0,6 \text{ m}^3$) contendo solo previamente analisado e corrigido quanto ao aspecto nutricional, seguindo as recomendações de Van Raij et al. (1996, sendo mantidas com o colmo principal e três perfilhos (Figura 4). Cada tanque continha no total cinco genótipos, sendo três dos quatro genótipos principais selecionados mais dois genótipos dos sete restantes, de tal forma que os mesmos competissem pelo recurso água, com três repetições (Figuras 4 e 5).

A temperatura do ar e do solo e a radiação fotossinteticamente ativa (Q) foram monitoradas diariamente através de termômetro e fluorímetro respectivamente, e o potencial hídrico do solo (Ψ , kPa) foi monitorado por tensiômetros (Tracom). As plantas foram submetidas a dois tratamentos: controle (mantendo o solo próximo à capacidade de campo, avaliando-o diariamente através do uso de tensiômetros) e deficit hídrico (suspensão da irrigação). O tratamento de deficit hídrico foi induzido pela suspensão da rega durante a fase intermediária de desenvolvimento, sendo iniciada aos 203 DAP. O período de suspensão da rega foi acompanhado pela avaliação dos parâmetros fotoquímicos e de trocas gasosas descritos no item 2.5, finalizando quando os valores de fotossíntese foram nulos. As coletas

também foram iniciadas concomitantemente ao experimento de campo em Goianésia, GO. As avaliações fisiológicas realizadas para este ensaio estão descritas no item 2.5.

Para as análises de expressão gênica, foram obtidas amostras do tecido foliar (primeira folha totalmente expandida) dos quatro genótipos padrões com 3 repetições para cada genótipo, submetidos aos diferentes tratamentos. A primeira coleta foi realizada em 21/05/2010, antes das plantas serem submetidas à suspensão da irrigação. A segunda coleta foi realizada em 29/06/2010, 15 dias após o início da suspensão da irrigação, e a terceira coleta (máximo estresse) foi realizada em 05/07/2010, 21 dias após imposição do tratamento. Por fim, após o reinício da irrigação em 06/07/2010, foi realizada uma coleta dia 13/07/06, para avaliação da recuperação das plantas após a reidratação por irrigação. As análises fisiológicas foram realizadas para os dez genótipos durante todo o período de suspensão da irrigação, porém foram coletadas amostras de tecido foliar apenas para os quatro genótipos definidos como padrões. Por fim, para as análises de expressão gênica global via sequenciamento de RNA apenas 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' foram utilizados, por serem previamente considerados como os mais contrastantes em resposta a deficiência hídrica.

Figura 4 - Experimento de suspensão da irrigação em casa de vegetação instalado na Fazenda Santa Elisa, IAC, Campinas. (A) Fase inicial do experimento, 30 DAP nos tanques (Jan/2010). (B) Visão dos tanques irrigados durante o período de suspensão da irrigação (Jun/2010)

SP 87- 365	IACSP 01-8112	IACSP 97-7065	IACSP 03-8189	IACSP 94-2094	IACSP 97-7065	IACSP 03-8125	SP 87- 365	IACSP 03-8022	IACSP 94-2094
SP 87- 365	IACSP 01-8112	IACSP 97-7065	IACSP 03-8189	IACSP 94-2094	IACSP 97-7065	IACSP 03-8125	SP 87- 365	IACSP 03-8022	IACSP 94-2094
IACSP 97-7065	IACSP 03-8125	IACSP 94-2094	IACSP 03-8022	SP 87- 365	SP 87- 365	IACSP 03-8014	IACSP 97-7065	IACSP 97-3391	IACSP 94-2094
IACSP 97-7065	IACSP 03-8125	IACSP 94-2094	IACSP 03-8022	SP 87- 365	SP 87- 365	IACSP 03-8014	IACSP 97-7065	IACSP 97-3391	IACSP 94-2094
SP 87- 365	IACSP 03-8014	IACSP 97-7065	IACSP 97-3391	IACSP 94-2094	IACSP 97-7065	IACSP 01-8112	IACSP 94-2094	IACSP 03-8189	SP 87- 365
SP 87- 365	IACSP 03-8014	IACSP 97-7065	IACSP 97-3391	IACSP 94-2094	IACSP 97-7065	IACSP 01-8112	IACSP 94-2094	IACSP 03-8189	SP 87- 365
IACSP 97-7065	IACSP 03-8189	SP 87- 365	IACSP 03-8125	IACSP 94-2094	IACSP 94-2094	IACSP 96-7586	SP 87- 365	IACSP 03-8022	IACSP 97-7065
IACSP 97-7065	IACSP 03-8189	SP 87- 365	IACSP 03-8125	IACSP 94-2094	IACSP 94-2094	IACSP 96-7586	SP 87- 365	IACSP 03-8022	IACSP 97-7065
IACSP 94-2094	IACSP 01-8112	IACSP 97-7065	IACSP 97-3391	SP 87- 365	IACSP 97-7065	IACSP 03-8014	IACSP 94-2094	IACSP 96-7586	SP 87- 365
IACSP 94-2094	IACSP 01-8112	IACSP 97-7065	IACSP 97-3391	SP 87- 365	IACSP 97-7065	IACSP 03-8014	IACSP 94-2094	IACSP 96-7586	SP 87- 365
IACSP 94-2094	IACSP 96-7586	SP 87- 365	IACSP 03-8189	IACSP 97-7065	SP 87- 365	IACSP 03-8125	IACSP 97-7065	IACSP 03-8022	IACSP 94-2094
IACSP 94-2094	IACSP 96-7586	SP 87- 365	IACSP 03-8189	IACSP 97-7065	SP 87- 365	IACSP 03-8125	IACSP 97-7065	IACSP 03-8022	IACSP 94-2094
SP 87- 365	IACSP 03-8022	IACSP 94-2094	IACSP 03-8014	IACSP 97-7065	IACSP 94-2094	IACSP 97-3391	SP 87- 365	IACSP 01-8112	IACSP 97-7065
SP 87- 365	IACSP 03-8022	IACSP 94-2094	IACSP 03-8014	IACSP 97-7065	IACSP 94-2094	IACSP 97-3391	SP 87- 365	IACSP 01-8112	IACSP 97-7065

Figura 5 - Disposição das parcelas de sequeiro e irrigado na Fazenda Santa Elisa, onde foi instalado o experimento de seca em casa de vegetação. Cada retângulo representa um tanque, sendo plantados 5 genótipos em cada tanque. Em cinza, tanques submetidos à seca; em branco, tanques irrigados

2.4 Ensaio de indução de deficit hídrico pela adição de polietilenoglicol (PEG) em hidroponia

Plântulas dos genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' foram obtidas a partir da brotação de gemas em toletes plantadas em bandejas contendo substrato comercial, sendo que tal processo foi padronizado para que as mesmas tivessem porte semelhantes entre si. Após 30 dias do plantio das gemas em casa de vegetação com controle automático de irrigação, as plantulas foram aclimatadas em sistema hidropônico com solução nutritiva de Hoagland (Hoagland & Arnon, 1938) com três repetições para cada tratamento: controle (sem adição de PEG), 7,5% PEG (m/v) e PEG15 % (m/v). O experimento foi instalado em 02/03/2010. Cada repetição era composta de uma planta por vaso (Figura 6). As plantas foram expostas ao tratamento com PEG à aproximadamente 170 DAP. O pH e a condutividade da solução nutritiva foram monitorados semanalmente. Foram medidos os potenciais osmóticos das soluções de cada tratamento e de cada repetição, a fim de se obter uma regressão linear e avaliar o efeito do PEG no potencial osmótico da solução nutritiva. Foram realizadas três coletas para obtenção de material vegetal para realização das análise moleculares (RNAseq e RT-qPCR), sendo a primeira realizada em 19/07/2010, anterior à exposição ao PEG. A segunda e terceira coletas foram realizadas em 20/07/2010 (estresse inicial) e 22/07/2010 (máximo estresse), 24 h e 72 h após a exposição ao PEG, respectivamente. Após a última coleta, as plantas foram retiradas do meio com PEG e colocadas novamente em solução nutritiva sem agente estressor, para avaliação da recuperação das mesmas, porém tal avaliação não foi possível, o que por sua vez provocou o cancelamento de coleta de material vegetal para análise moleculares da coleta de reidratação.

Figura 6 - Visão geral do experimento de indução de deficit hídrico pela adição de polietilenoglicol (PEG) em hidroponia em 20/04/2010, após aclimação das plântulas obtidas a partir de toletes

2.5 Avaliações fisiológicas

Foram avaliados parâmetros fisiológicos baseados em trocas gasosas foliares, entre os quais a assimilação de CO₂ (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), a razão entre a concentração intercelular e a concentração atmosférica de CO₂ (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$), a eficiência do uso da água (EUA , P_N/E) e a eficiência intrínseca do uso da água (EUA , P_N/g_s) nos ensaios de seca em campo, em casa de vegetação e no cultivo hidropônico na presença de PEG. Além disso, foram avaliados parâmetros fotoquímicos relacionados à fluorescência da clorofila tais quais a eficiência quântica potencial (F_v/F_m) e efetiva ($\Delta F/F_m'$) do fotossistema II; os coeficientes de extinção fotoquímica (qP) e não-fotoquímica da fluorescência (qN e NPQ); e a taxa de transporte aparente de elétrons (ETR), além do teor de clorofila em uma planta por parcela (três repetições por genótipo). As trocas gasosas foram avaliadas com analisador de gases por radiação infravermelha (IRGA) modelo Li-6400F (Licor, Lincoln, NE, EUA), que possui fluorômetro acoplado ao sistema, e assim permite a análise simultânea da atividade fotoquímica a partir dos sinais de fluorescência. As avaliações do ensaio de campo e de casa de vegetação com IRGA foram realizadas com radiação fotossinteticamente ativa (RFA) fixada em $2.000 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ e sob condições naturais de temperatura e umidade (entre 9:00 e 11:00 h). As fluorescências mínimas (F_o) e máximas (F_m) foram monitoradas em tecidos foliares adaptados ao escuro (30 min). As fluorescências em estado de equilíbrio dinâmico (F_s) e máxima (F_m') foram avaliadas em tecidos adaptados à luz. Os valores de F_m e F_m' foram determinados pelo método do pulso de saturação ($\lambda < 710 \text{ nm}$, $Q \sim 12000 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$, 0,8 s) (Bøhler-Nordenkamp & Öquist, 1993). A fluorescência mínima após a excitação do fotossistema I (F_o') com luz vermelha distante também foi avaliada ($\lambda = 735 \text{ nm}$, $Q < 15 \text{ W m}^{-2}$, 3,0 s). A partir dos valores de F_o , F_m , F_s e F_m' , foram calculadas a fluorescência variável no escuro e no claro, respectivamente, conforme as equações 1 e 2 a seguir:

Equação 1

$$F_v = F_m - F_o$$

Equação 2

$$\Delta F = F_m' - F_s$$

Com a obtenção dos valores de F_v e ΔF foi possível o cálculo de algumas variáveis fotoquímicas, como por exemplo a eficiência quântica potencial (equação 3) e efetiva

(equação 4) do fotossistema II (*FSII*); coeficiente de extinção não fotoquímica da fluorescência (equação 5); e o transporte aparente de elétrons (equação 6) (EDWARDS & BAKER 1993; MCCORMICK ET AL. 2008; ROHÁČEK 2002).

Equação 3

$$F_v/F_m$$

Equação 4

$$\Delta F/F_m'$$

Equação 5

$$NPQ = \frac{F_m - F_m'}{F_m'}$$

Equação 6

$$ETR = Q \times \frac{\Delta F}{F_m'} \times 0,4 \times 0,85$$

Já o potencial hídrico do solo (Ψ , kPa) foi monitorado por tensiômetros (Tracom). O estado hídrico das plantas foi avaliado pelo potencial da água na folha (Ψ , MPa), medido na antemanhã com o auxílio de uma câmara de pressão de Scholander modelo 3005 H07G4P4 (Soilmoisture Equipments, EUA). No ensaio de suspensão de irrigação em casa de vegetação a coleta das amostras foi realizada na antemanhã (6:00 h) do dia de máximo deficit hídrico, sendo as medidas realizadas após a estabilização da umidade do ar no interior da câmara.

O conteúdo de clorofila foi avaliado indiretamente com o equipamento Clorofilog. (Falker, Brasil), expresso em Índices de Clorofila Falker (ICF). Esse índice é proporcional a valores medidos em laboratório, como g de clorofila/g de folha ou g de clorofila/área de folha, mas esta relação de proporcionalidade varia conforme a espécie em que se trabalha (<http://www.falker.com.br/faq/clorofilog.html>). O equipamento possui uma escala de medição de 0 a 100 ICF, com resolução de medição de 0,1 ICF e três faixas de frequência de medição.

Para o ensaio de adição de PEG na solução de hidroponia, as análises de troca gasosas foram conduzidas para uma planta por parcela (três repetições por genótipo). As trocas gasosas foram avaliadas sob condições naturais de temperatura e umidade (entre 8:00 e 9:00 h no período da manhã e entre 14:00 e 15:00 no período da tarde). O estado hídrico das plantas nesse ensaio foi avaliado pelo potencial da água na folha, medido na antemanhã com o auxílio de uma câmara de pressão de Scholander modelo 3005 H07G4P4. A coleta das amostras foliares para aferição do potencial hídrico foi realizada na antemanhã (7:00 h) do dia

de máximo deficit hídrico (22/07/2010), sendo as medidas realizadas após a estabilização da umidade do ar no interior da câmara.

O conteúdo relativo de água também foi avaliado para determinação do estado hídrico das plantas, seguindo o método proposto por BARR & WEATHERLEY (1962), sendo que cada amostra era constituída de um segmento de cerca de 5-10 cm² cortado com tesouras. Cada amostra teve seu peso fresco (W) mensurado e foi imediatamente colocada em tubos Falcon com água deionizada para hidratação, até atingir turgidez total cerca de após 4-6 h em condições normais de luz e temperatura. Após hidratação, as amostras foram levemente secas e pesadas novamente para obter peso túrgido (TW). As amostras foram então secas a 60°C por 24 h e então pesadas novamente para determinar o peso seco (DW). Os valores foram obtidos em mg, e aplicou-se a seguinte fórmula para calcular o conteúdo relativo de água:

Equação 7

$$RWC (\%) = \left(\frac{W - DW}{TW - DW} \right) \times 100$$

Onde RWC (*Relative Water Content*) é o conteúdo relativo de água, W (*Weight*) é o peso fresco, TW (*Turgid Weight*) é o peso túrgido e DW (*Dry Weight*) o peso seco da amostra (BARR & WEATHERLEY, 1962). O RWC foi calculado para as três coletas realizadas, ou seja, antes da exposição ao PEG; 24 e 72h após a exposição.

2.6 Avaliações biométricas e tecnológicas do ensaio de seca em campo

Foi realizada a contagem de folhas verdes e senescentes por colmo, o comprimento médio (altura), o diâmetro do colmo por parcela, e o número médio de folhas verdes e secas, sendo que em cada parcela foi realizado a avaliação de 10 colmos sendo utilizado o valor médio da avaliação. O comprimento do colmo utilizou uma régua graduada (trena) com intervalos de 1 cm, medido desde o nível do solo até a altura do último *dewlap* visível (folha +1). O diâmetro médio dos colmos foi mensurado com o auxílio de um paquímetro. As análises tecnológicas foram realizadas pelo laboratório de tecnologia da Usina Jalles Machado, seguindo as recomendações dos parâmetros descritores da cultura (Serviço Nacional de Proteção às Cultivares, MAPA, D.O.U. 05/03/98)

2.7 Delineamento estatístico e análise dos dados

As análises estatísticas foram realizadas individualmente para cada coleta, num esquema fatorial dois por dois. As fontes de variação foram os materiais vegetais ('IACSP 03-8189', 'IACSP 96-7586', 'IACSP 97-3391', 'IACSP 94-2094', 'IACSP 03-8125', 'IACSP 01-8112', 'IACSP 03-8022', 'IACSP 03-8014', 'IACSP 97-7065' e 'SP 87-365') e a condição hídrica (controle e déficit hídrico). O delineamento experimental foi inteiramente ao acaso, sendo os dados submetidos à análise de variância (ANOVA) utilizando-se os pacotes estatísticos 'laercio', 'gplots', 'MASS' e 'ExpDes' do ambiente estatístico R (<http://www.r-project.org/>). Quando detectada diferença significativa, as médias ($n = 3$) foram comparadas utilizando-se o teste de Tukey a 5 % de probabilidade.

2.8 Avaliação da resposta de cultivares de cana-de-açúcar ao tratamento com metil viologen (Paraquat)

Para os experimentos de exposição ao Paraquat, foram empregados inicialmente sete genótipos ('IACSP 94-2094', 'IACSP 96-2042', 'SP 87-365', 'SP 80-3280', 'SP 87-344', 'Muntok' e 'SES'), enquanto que num segundo ensaio foram empregados os mesmos 10 genótipos utilizados nos experimentos de seca em campo e em casa de vegetação. As amostras de discos foliares foram obtidas das primeiras folhas totalmente expandidas (folha + 1) coletadas de plantas na fase intermediária de desenvolvimento, 180 dias após (DAP) emergência a partir de toletes. As folhas foram lavadas com a água deionizada, conforme descrito por ALTINKUT et al. (2001). Após otimizações foi definido que seriam utilizados segmentos de folha ao invés de discos foliares, para melhor homogeneização dos resultados visando diminuir a variação nos valores de condutividade eletrolítica obtidos entre as repetições do tratamento controle. Os segmentos foliares foram imersos em 30 mL de solução com 1 mM do tampão MES [2-(N-morfolino) ácido etanosulfônico] NaOH pH 6,5, contendo metil viologen (Paraquat; 100 μM) com três repetições para cada tratamento, além do controle. As placas foram incubadas por 2 h no escuro a 24°C, e então por 48 h sob fluxo fotônico médio de 100 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ PAR. A solução foi colocada em tubos e teve a condutividade eletrolítica medida por condutivímetro (Marconi CA-150P), e expressa em $\mu\text{S cm}^{-1}$ aos 0, 24 e 48 h após exposição à luz. A partir dos resultados obtidos foi subtraída a condutividade inicial, e então foi obtida a média das repetições para cada tempo de avaliação, para chegar à variação do tratamento em relação ao controle.

2.9 Deficit hídrico induzido pela adição de Polietilenoglicol (PEG) e Ácido Abscísico (ABA) em meio de cultivo *in vitro*

Este experimento foi montado para avaliação da resposta da resposta à exposição ao PEG e ABA *in vitro* e para realização de estudos de expressão gênica via RT-qPCR. Foram utilizadas plântulas de cerca de três meses obtidas por processo de regeneração a partir de cultivo *in vitro* realizado na biofábrica do Centro de Cana pela equipe do IAC em Ribeirão Preto, SP, e gentilmente cedidas para este ensaio. Foram empregadas plântulas das cultivares ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ cultivadas *in vitro* em meio MS líquido contendo 20 g L⁻¹ sacarose, e pH 5,8, individualizadas em tubos de ensaio e aclimatadas por duas semanas. Subsequentemente as plântulas foram sub-cultivadas para o mesmo meio acrescido de 15% (m/v) PEG 8000 ou 100 µM ABA além do controle (sem adição de PEG ou ABA).

2.10 Extração de RNA

O RNA total foi extraído a partir de amostras foliares de plantas ou plântulas submetidas às diferentes metodologias avaliadas utilizando-se o método do cloreto de lítio. Nesse protocolo, para análise de expressão por sequenciamento de RNA (RNAseq) e pela quantificação de transcritos reversos (RT-qPCR), 300 mg de tecido foram macerados e então adicionou-se 1 mL do tampão de extração contendo 2% CTAB, 100 mM Tris-HCl (pH 8,0), 25 mM EDTA, 2 mM NaCl, 2% PVP e 2 % β-mercaptoetanol, pré-aquecido durante 5 min em banho-maria a 65°C. Após a adição do tampão de extração, as amostras foram misturadas em vórtex e submetidas a 65°C por 10 min, e em seguida levadas ao gelo por 1 min. Adicionou-se então 1 mL de clorofórmio:álcool isoamílico (CIA; 24:1 v/v), e após misturar por agitação, as amostras foram centrifugadas a 10.000 g por 10 min a 4°C. O sobrenadante foi então transferido para outro tubo, e a este foi adicionado mais 1 mL de CIA (24:1 v/v). As amostras foram novamente centrifugadas nas mesmas condições anteriores e a fase aquosa superior foi transferida para um novo tubo, centrifugada novamente a 4°C para precipitação de qualquer eventual contaminante que tenha restado, e então se adicionou volume equivalente a ¼ do volume restante no tubo com solução 8 M LiCl. As amostras foram deixadas a 4°C por 12 h (*overnight*), e então centrifugadas a 10.000 g por 30 min a 4°C. O sobrenadante foi descartado e o pellet foi então lavado por duas vezes com 0,5 mL de etanol 75%, centrifugado a 10.000 g por 10 min a 4°C, e seco a temperatura ambiente por 20 min,

antes de ser finalmente ressuspensionado em 20 µL de água 0,001% DEPC autoclavada. Para extração de RNA para análises de microarranjos utilizou-se 1 g de tecido foliar, sendo mantidas as proporções dos reagentes utilizados, para obtenção de maior concentração de RNA necessária para as hibridizações (20 µg de RNA total de cada amostra). Para as análises de microarranjos, o RNA total foi ainda purificado utilizando o kit RNeasy (Qiagen) de acordo com as instruções do fabricante.

Após o isolamento, o RNA total foi quantificado através de espectrofotômetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific) e sua integridade foi confirmada via eletroforese. Subsequentemente, as amostras de RNA total foram tratadas com a enzima DNase para remoção de qualquer eventual resíduo de DNA proveniente da extração. Para o ensaio de microarranjos e subseqüente validações por qPCR foi utilizado kit da enzima DNase I, RNase free (Fermentasç Vilnius, Lituânia), e as reações consistiram em amostras com 1 µg de RNA total, 1 µL de tampão de reação 10X com MgCl₂, 1 U da enzima DNase I e água DEPC autoclavada num volume final de 10 µL. A reação foi incubada a 37°C por 30 min, sendo então adicionado 1 µL de 50 mM EDTA, incubando-se a 65°C por 10 min para término da reação.

Com relação aos experimentos de RNAseq e de validação por RT-qPCR, foi utilizado o kit DNA-free (Ambion) para tratamento com rDNase I (*recombinant DNase*). Amostras de 1 µg de RNA total foram adicionadas a um tubo contendo 1 µL de 10X DNase I Buffer, 2 U da enzima rDNase I e água DEPC autoclavada num volume final de 10 µL. A reação foi incubada a 37°C por 30 min, sendo então adicionados 2 µL do reagente de inativação da DNase, incubando-se à temperatura ambiente por 2 min. Em seguida, as amostras foram centrifugadas a 10.000 g por 1,5 min e o sobrenadante contendo o RNA tratado foi então transferido para um novo tubo.

2.11 Construção das lâminas e desenho dos oligonucleotídeos do chip Agilent

As hibridizações foram realizadas pelo Laboratório de Transdução de Sinais do Instituto de Química da Universidade de São Paulo, da Prof^a Dr^a Glaucia Mendes de Souza, com ajuda da doutoranda Carolina Gimiliani Lembke e do bioinformata Dr. Milton Yutaka Jr. A lâmina de *microarray* (chip) desenvolvido pelo próprio Laboratório e denominada CaneRegNet contém um total de 14.522 genes representados, obtidos junto as 43.141 SAS

(*Sugarcane Assembled Sequences*) de cana-de-açúcar disponíveis no banco de dados do SUCEST (*Sugarcane EST Project* - <http://sucest-fun.org/>, VETTORE et al., 2001), composto por 26.303 *contigs* e 16.838 *singletons*. Para o desenho dos oligos para o chip *Agilent* foram utilizadas todas as SAS, sendo que os oligos foram planejados no sentido senso e antisenso. As SAS e os oligos gerados passaram por diversas etapas de seleção, filtragem e processamento, e ao final da construção foram obtidos 21.902 oligos no sentido senso ou antisenso, totalizando as 14.522 SAS que geraram ao menos um oligo. A lâmina do chip *Agilent* utilizada foi a 4x44K, que contém 1.417 *Total Agilent Control* e 43.803 oligos. Nesse *array* todos os oligos foram replicados 2 vezes, e deste modo o *array* continha um total de 21.901 oligos duplicados, mais 1 oligo sem replicação. Ao final do processamento e filtragem dos oligos foram obtidos um total de 14.554 oligos, sendo 10.417 oligos senso e 4.137 antisenso para o banco de dados do SUCEST e 7.347 oligos da lâmina do SUCAMET, sendo 3.243 oligos antisenso, 3.243 oligos senso e 861 oligos senso 350 pb, num total de de 21.901 oligos x 2 = 43.802, representando o *chip* completo.

2.12 Análise de expressão gênica via microarranjos do experimento de seca em campo

As análises de microarranjos foram conduzidas empregando as amostras dos dois genótipos contrastantes ('IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065') em duas condições de déficit hídrico (controle irrigado ou sob seca) e duas épocas (1ª e 4ª coleta, déficit hídrico inicial e severo) provenientes do ensaio de seca em campo, conduzido em Goianésia, GO. O RNA total de duas repetições biológicas (bloco 1 e 2) dos genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' foi extraído pelo método do cloreto de lítio, teve sua integridade analisada via eletroforese em gel de 1,2% agarose e sua concentração foi estimada com uso do Nanodrop. Conforme descrito anteriormente, as hibridizações foram realizadas no Laboratório de Transdução de Sinais do Instituto de Química da Universidade de São Paulo, sob a coordenação da Profª Glaucia Mendes de Souza. As hibridizações para as análises de microarranjos foram realizadas conforme o esquema da Tabela 3.

Após as hibridizações, as análises estatísticas foram realizadas utilizando o método *HT-self* (Vencio & Koide, 2005) para determinar em cada experimento a lista de genes diferencialmente expressos, sendo o *p-valor* igual a 0.9, o que corresponde a dizer que apenas 10% dos genes são realmente diferencialmente expressos. Em seguida cruzou-se esta lista entre o experimento e sua respectiva replica biológica, sendo considerados como

diferencialmente expressos apenas os genes que apareceram nos dois experimentos (experimento e réplica biológica) e com o mesmo perfil *up/down regulated*. Os genes que apareceram como diferencialmente expressos em apenas uma das réplicas não foram exibidos. O método *HT-Self* é mais sensível que os demais métodos de análises de dados de microarranjos por ser não determinístico e não-paramétrico, ou seja, ele se ajusta ao perfil de expressão do experimento, determinando um limiar acima e abaixo para considerar o que é diferencialmente expresso.

Tabela 3 - Contrastes conduzidos de hibridização para cada microarranjo avaliando comparações entre genótipos ('IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065'), duas condições de déficit hídrico (controle irrigado e seca) e época de coleta (déficit mais ou menos severo em relação ao controle irrigado) junto com *swap* de fluorescência (Cy3 x Cy5)

2094 1 ^a coleta SECA B1 - cy3	<i>x</i>	2094 1 ^a coleta IRRIGADO B1 - cy5
2094 1 ^a coleta SECA B2 - cy5	<i>x</i>	2094 1 ^a coleta IRRIGADO B2 - cy3
7065 1 ^a coleta SECA B1 - cy3	<i>x</i>	7065 1 ^a coleta IRRIGADO B1 - cy5
7065 1 ^a coleta SECA B2 - cy5	<i>x</i>	7065 1 ^a coleta IRRIGADO B2 - cy3
2094 4 ^a coleta SECA B1 - cy3	<i>x</i>	2094 4 ^a coleta IRRIGADO B1 - cy5
2094 4 ^a coleta SECA B2 - cy5	<i>x</i>	2094 4 ^a coleta IRRIGADO B2 - cy3
7065 4 ^a coleta SECA B1 - cy3	<i>x</i>	7065 4 ^a coleta IRRIGADO B1 - cy5
7065 4 ^a coleta SECA B2 - cy5	<i>x</i>	7065 4 ^a coleta IRRIGADO B2 - cy3

2.13 Análise de expressão gênica global via sequenciamento de RNA (RNAseq)

Para o sequenciamento massal de RNA, foram selecionadas as amostras provenientes do experimento de suspensão de irrigação em casa de vegetação, instalado na Fazenda Santa Elisa, em Campinas, SP. Foram usadas amostras da terceira coleta (05/07/2010; máximo déficit hídrico), com plantas de cerca de 7 meses dos genótipos contrastantes 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', cultivados por 21 dias em solo em tanques de concreto mantidos sob regime de irrigação (controle) ou não (tratamento, seca). As amostras tiveram o RNA extraído pelo método de cloreto de lítio descrito previamente, e foram enviadas à unidade de sequenciamento do *W.M.Keck Center for Comparative and Functional Genomics* da *University of Illinois, Urbana-Champaign, IL, EUA*, sob a coordenação do Dr Alvaro

Hernandez. Foram construídas 4 bibliotecas de cDNA dos dois genótipos sob as duas condições (seca e irrigado) utilizando-se o kit *TruSeq RNA Sample Prep* da Illumina, conforme recomendações do fabricante. Após as construções, as quatro bibliotecas foram sequenciadas por 101 ciclos a partir de cada extremidade (*paired-end reads*) dos fragmentos de cDNA em uma *canaleta* na *flowcell* do sequenciador HiSeq2000 com a (*Chemistry* versão 5 e *pipeline* versão 1.8).

2.14 Análises de bioinformática

As análises foram realizadas utilizando-se diversos *softwares* livres disponíveis *online* ou mediante a obtenção de uma licença. Após o sequenciamento, os dados gerados no formato Illumina FASTQ foram baixados para o servidor Ming256 (ming@ming256.life.illinois.edu), do laboratório do Dr. Ray Ming na *University of Illinois at Urbana-Champaign*. Inicialmente as sequências em arquivos formato FASTQ foram alinhadas utilizando-se o *software* Novoalign (Novocraft, www.novocraft.com/main/page.php?s=novoalign). As análises foram feitas empregando o transcriptoma do sorgo (*Sorghum gene models*, <http://genome.jgi-psf.org/Sorbi1/Sorbi1.download.ftp.html>) e também as *Sugarcane Assembled Sequences* (SAS; sucet-fun.org/) como referências para fins de comparação dos resultados. Após o alinhamento, foram obtidos os valores de *gene counts*, os quais representam o número de *reads* que foram mapeados a um gene, e também foram obtidos os valores de *mismatches* entre os *reads* alinhados e as referências utilizando-se o *software* Tablet (<http://bioinf.scri.ac.uk/tablet/>). Com os valores de *gene counts* foram obtidos os valores de *Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads* (RPKM), os quais representam estimativas de valores normalizados da expressão gênica, com uso de um pacote do ambiente estatístico R (www.r-project.org/) denominado DEGseq (<http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/DEGseq.html>; WANG et al., 2009). Os valores de RPKM foram então analisados pelo mesmo pacote DEGseq, o qual estima os genes diferencialmente expressos entre duas amostras com base na estatística escolhida para sintetizar o resultado de um teste de hipóteses. Foi utilizado o método MARS (*MA-plot-based method with random sampling model*) e *P*-valor $\leq 0,05$ ajustado para o teste de correlações múltiplas segundo STOREY E TIBSHIRANI (2003). Foram comparadas os valores de expressão intra genótipos (controle x seca para os dois genótipos) seguido da comparação dos

genes diferencialmente expressos entre genótipos, sendo também realizada a comparação direta entre genótipos (controle *x* controle, seca *x* seca).

Após a obtenção da lista dos genes diferencialmente expressos, estes foram então submetidos a análises de ontologia (*gene ontology*) empregando-se os softwares Blast2Go Conesa et al., 2005; <http://www.blast2go.com/b2ghome>), Agrigo (Zhou et al., 2010; <http://bioinfo.cau.edu.cn/agriGO/>) e Mapman (USADEL et al., 2009; mapman.gabipd.org/), utilizando as configurações padrão de todos os *softwares*. Paralelamente, foi utilizado também o *software CLC Genomics Workbench* (CLC bio, Denmark) para realização dos alinhamentos e do cálculo dos valores de RPKM para as quatro bibliotecas. A partir da obtenção dos valores de RPKM por esta abordagem, seguiu-se com as análises posteriores previamente descritas (Figura 7). Foram realizadas também análises de correlação entre os valores de expressão dos genes significativamente diferencialmente expressos identificados pelas análises de microarranjos e de RNAseq utilizando-se o ambiente estatístico R.

Figura 7 - Esquema geral das análises de bioinformática, com as duas abordagens testadas

2.15 Análise de amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR)

Amostras de 1 µg de RNA total previamente tratadas com DNase, juntamente com oligo dT (0,5 µg µL⁻¹) e 0,5 mM dNTP mix foram desnaturadas a 65°C por 5 min, sendo incubadas a 4°C por 2 min, seguido da adição de 4 µL de 5x RT buffer 20 U de RiboLock RNase Inhibitor (Thermo Scientific; Waltham, Massachusetts, USA) e 200 U da enzima *RevertAid Premium Reverse Transcriptase* (Thermo Scientific), num volume final de 20 µL. A reação foi então incubada a 50°C por 40 min, seguida de 85°C por 5min para inativação da

reação. Os cDNAs sintetizados foram então testados por RT-PCR utilizando o iniciador de referência *rpl35-4*. (CALSA JR & FIGUEIRA, 2007).

Para validação dos dados de microarranjos e para análises de expressão no experimento de hidroponia, iniciadores específicos de genes envolvidos em diversos processos metabólicos detectados como diferencialmente expressos (DE) no tratamento de seca em relação ao irrigado em diversas situações (*up* ou *downregulated*, DE apenas em um ou em ambos genótipos) foram selecionados para terem seus níveis de expressão validados (Tabela 4).

As reações de RT-qPCR foram conduzidas no Rotor Gene Q (Qiagen), utilizando reações contendo 5 µL de *Platinum SYBR green qPCR SuperMix-UDG* (Invitrogen), 0,3 µM de cada iniciador (Tabela 4), 1 µL do cDNA 1:10 (v:v) num volume final de 10 µL, sendo que foram analisadas duas repetições biológicas para cada condição e genótipo testados, e de cada repetição biológica foram feitas duas replicatas técnicas. As amplificações foram conduzidas com incubação inicial a 50°C por 2 min e 95°C por 2 min, seguidos de 40 ciclos de três passos: 95°C por 15 s, 62°C por 20 s e 72°C por 30 s, com detecção do sinal da fluorescência ao final de cada etapa de extensão. Após o término dos ciclos de reações, foram determinadas as curvas de dissociação de cada produto amplificado entre 72°C e 95°C (curva de *melting*). Os experimentos incluíram controle negativo contendo água sem cDNA. Os valores de expressão relativos foram originados da diferença entre os tratamentos (seca versus irrigado). A aquisição dos dados em tempo real foi efetuada com o programa *Rotor-Gene Q Real-Time Analysis 6.0* (Qiagen). Os valores dos C_T (*cycle threshold*) foram utilizados para determinar a diferença da expressão gênica entre os tratamentos seca e irrigado, para as diferentes coletas (seca inicial e seca severa). Para a normalização dos valores de expressão para cada uma das amostras, calculou-se a variação quantitativa de expressão dos genes de interesse de forma relativa aos genes de referência *rpl35-4* e *rRNAI* (Tabela 4), de acordo com PFAFFL et al. (2002). Os valores de expressão relativos foram originados da diferença entre os tratamentos de seca *versus* controle irrigado para as duas coletas avaliadas (seca inicial e seca severa) para o experimento de microarranjos, e tratamento com PEG 15% *versus* controle não tratado para o experimento de hidroponia.

O mesmo procedimento foi seguido para a validação dos dados de expressão gênica obtidos por RNAseq. Iniciadores específicos foram elaborados a partir de genes envolvidos em diferentes processos metabólicos detectados como diferencialmente expressos (DE) no tratamento sequeiro em relação ao irrigado em diversas situações (*up* ou *downregulated*, DE apenas em um ou em ambos genótipos), para terem seus níveis de expressão do RNAseq

validados por RT-qPCR (Tabela 5). As reações de RT-qPCR foram conduzidas no CFX 96 (Bio-Rad; Hercules, CA, EUA), utilizando reações contendo 7,5 µL de *Platinum SYBR green qPCR SuperMix-UDG* (Invitrogen), 0,3 µM de cada iniciador (Tabela 5), 1 µL do cDNA 1:10 (v:v) em volume de 15 µL, sendo que foram utilizadas triplicatas técnicas para cada combinação gene/amostra. As amplificações foram conduzidas em incubações iniciais a 50°C por 2 min e 95°C por 10 min, seguidos de 40 ciclos de dois passos: 95°C por 15 s e 60°C por 30 s, com detecção do sinal da fluorescência ao final de cada etapa de extensão. Após o término dos ciclos de reações, foram determinadas as curvas de dissociação de cada produto amplificado entre 72°C e 95°C (curva de *melting*). Os experimentos incluíram controle negativo contendo água sem cDNA. A aquisição dos dados em tempo real foi efetuada com o programa *Bio-Rad CFX Manager*. Os valores dos C_q (*quantification cycle*) foram utilizados para determinar a diferença da expressão gênica entre os tratamentos sequeiro e irrigado, para as diferentes coletas (seca inicial e seca severa). Para a normalização dos valores de expressão para cada uma das amostras, calculou-se a variação quantitativa de expressão dos genes de interesse de forma relativa aos genes de referência *25S rRNA1* e *25S rRNA2* (Islandar et al., 2004) (Tabela 5), de acordo com PFAFFL et al. (2002). Os valores de expressão relativos foram originados da diferença entre os tratamentos (seca versus irrigado).

Tabela 4 - Sequências e características dos iniciadores dos genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de microarranjos. Sequências dos iniciadores, função e/ou processo no qual o gene está envolvido, SAS ID e tamanho do amplicon

Símbolo dos genes	Iniciadores		Função / Processo	SAS ID	Amplicon (pb)
	Forward	Reverse			
<i>PSI</i>	CACACGAGCACTTGAACGAC	CCTCCTCGAACTTCTCCTTG	Fotossíntese	SCVPLR2005F03.g	178
<i>ELIP</i>	CCGTCACCGAGTACCTTACC	CCGTCACCGAGTACCTTACC	Fotossíntese, absorção de luz	SCSBSD1058E09.g	235
<i>PSII 10</i>	GCCCTCCTCGTCTACAACAC	TAGCATTACAGTGGGCATCG	Fotossíntese, regulada por estresse	SCJFLR1073E07.g	162
<i>Zeaxanthin</i>	TGCCAAACAGGATGTTGAGTA	ACTGTGCTCGTGCCGTAAT	Fotossíntese, proteção	SCBFRZ2017C12.g	191
<i>CYP84A1</i>	CGGAATCTGTGACCAGCATA	TTGGTGGCTTTCTCTGTCTG	Estresse - citocromo P450	SCEZHR1087F06.g	214
<i>Aquaporin</i>	CAAGCAAGCAAGTCTCGTCA	GTGTACTCCCCACCCTCGT	Resposta ao estresse	SCJFRT1059C11.g	100
<i>Expansin</i>	AACTTTACCGCCTCCGACTT	CTGGTAGCAGGAGCCACATC	Parede celular	SCCCCL4006H09.g	207
<i>EREBP</i>	GGAACAGAAAGCGTGGTGAT	ACGGCTCTGTGTTCTGACG	Fator de transcrição	SCJFAD1C12A04.b	95
<i>Lipoxygenase</i>	TCAGATGGAAATGCTGTTGG	ACAAGGACCCACGCTACAAG	Biossíntese de jasmonato	SCJFRT1007H07.g	137
<i>IAA</i>	CCGTATCTGAGGAAGGTGGA	GCCGTCCTTGTCTCTCGTAG	Fator de transcrição	SCEQRT2093D08.g	141
<i>SRP</i>	AAAATGAAGCAACGGAGGTG	CTCACCAGCATCAGCAAAAA	Resposta ao estresse	SCCCLR1024E02.g	98
<i>CSP</i>	AGGAGTCGCTGGACAACATC	CGAGGTCTCTTGCTTGACG	<i>Cold-shock protein, DNA-binding</i>	SCJFHR1031D08.g	185
<i>GSTU</i>	GCTCACAAACCCACACACAC	GGCTCACCCAGAAGTCCAG	Glutathione S-transferase	SCCCLR1048D04.g	103
<i>CesA</i>	TCAATAAGGCAGGCAGGAAT	GCAGGCATACATAACTCGCTAC	Celulose sintase A	SCCCRZ2002G07.g	84
<i>Fasciclin</i>	CATCGTCACCCACAAGAAGA	AGCCCATCATCAGTTCGTTC	Proteína <i>Fasciclin-like</i>	SCEPLR1030C10.g	169
<i>Dehydrin</i>	TCACACGCCGGACGATTAGT	GCCACAAGGACAACCAGCAC	Resposta ao estresse	SCQGLR1085F11.g	161
<i>NAM</i>	GGATGAGGAAGACGCTGGTGT	TGGAGGAGGAGGATTGGTCAAG	Fator de transcrição	SCEPRT2048G05.g	114
<i>Phosphorylase</i>	ATCCAACGCCTGGGAGTCAC	TGTCCGAATGGCAAACCTCTG	Alfa-glucan fosforilase	SCEPAM1015F07.g	162
<i>MYB</i>	CCGCTCTTTCCTGATTGTGCTT	CGGCTTGCGAAATATCTTCCTG	Fator de transcrição <i>Myb-like</i> hth	SCJLRZ1024E12.g	83
<i>HSP</i>	CACGGCAACGGGCATCTG	TCGTAGCCCTTTCAGCAGTGG	<i>Heat-shock protein</i>	SCCCCL4004E12.g	78
<i>rpl35-4</i>	CTGAAGACGGAGAGGGAAAA	GGCGAAGAGAACTAACACC	Proteína ribossômica L35-4 60S	-	83
<i>25S rRNA1</i>	ATAACCGCATCAGGTCTCCAAG	CCTCAGAGCCAATCCTTTTCC	RNA ribossômico	CO373883	80
<i>25S rRNA2</i>	GCAGCCAAGCGTTCATAGC	CCTATTGGTGGGTGAACAATCC	RNA ribossômico	BQ536525	87

Tabela 5 - Sequências e características dos iniciadores dos genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de RNAseq. Sequências dos iniciadores, função e/ou processo no qual o gene está envolvido, SAS ID e tamanho do amplicon

Símbolo dos genes	Iniciadores		Função / Processo	SAS ID	Amplicon (pb)
	Forward	Reverse			
<i>Dehydrin</i>	TCACACGCCGGACGATTAGT	GCCACAAGGACAACCAGCAC	Resposta ao estresse hídrico	SCQGLR1085F11.g	161
<i>LEA</i>	TGCGGCAGAGGAGAAGAGG	AGGCGTGGACAGCCAACTC	Late embryogenesis abundant protein	SCBGLR1117F01.g	189
<i>DREB</i>	GGGGACCCACTGAACAGAACC	GACGCGCTGCTCTCCAACTAA	Fator de transcrição - <i>ap2-domain DRE</i>	SCVPLR2027F02.g	170
<i>GST</i>	CAACGGTGGTCCCTCTCTCCT	TCATCATCAACGAGCCCAACA	Glutathione S-transferase	SCCSD1001D05.g	104
<i>Aquaporin</i>	GCACTTGAGGTGGACTTGGA	GTTCGTCGCCACCTTCCTCTT	Aquaporina	SCAGLR2033E03.g	76
<i>AP2</i>	CCCCCTACCATCGCTACTCGT	GAAGAGGCGAGGTGGAGAAGC	<i>ap2 domain-containing protein</i>	SCUTLR1058E01.g	93
<i>MYB</i>	CCGCTCTTTCCTGATTGTGCTT	CGGCTTGCAGAAATATCTTCCTG	Fator de transcrição Myb-like hth	SCJLRZ1024E12.g	83
<i>Pro DH</i>	ATCCAACGCCTGGGAGTCAC	CCGAATGGCAAACCTCTGTGT	Prolina desidrogenase	SCSBSD2058F06.g	159
<i>α-Phosphorilase</i>	ATCCAACGCCTGGGAGTCAC	TGTCCGAATGGCAAACCTCTG	Alfa -glucan fosforilase plastidial	SCEPAM1015F07.g	162
<i>Methyltransferase</i>	CACGGGGAAAAAGCCTGTTGT	AACGGGTGAAAGGGCACATCT	Benzoato carboxil metiltransferase	SCJLHR1028E06.g	83
<i>Isomerase</i>	CGCTAATCGGAGATCGCAAGA	ACGCTCATAGCCTTCGCCTTC	Peptidilprolil isomerase	SCRUFL3065E09.g	65
<i>NAM</i>	GGATGAGGAAGACGCTGGTGT	TGGAGGAGGAGGATTGGTCAAG	Fator de transcrição	SCEPRT2048G05.g	114
<i>USP</i>	GGGGCTTCCACTTCCTCTTCAT	TGTCATCAAATCCGTCCTCGTC	Proteína universal de resposta ao estresse	SCCCLR1072C02.g	60
<i>Ferredoxin</i>	CCAGTCCGACCAGAGCTTCCT	GTCGTCCTCCTGTGCGTCTC	Ferredoxina-1	SCCSD1089G04.g	112
<i>Cinnamoyl</i>	CCACCGTGAAGAACCTCCAAG	GAGGGTCGACGAGGTCCATCT	Cinnamoyl-reductase	SCEPRT2046F04.g	105
<i>Carbonic anhydrase</i>	GCTCTATCGGTCCGTGCCACT	TGGAGATGTCGATCGGGGACT	Precursos anidrase carbônica	SCBGST3104F06.g	90
<i>PIP</i>	GAAGACGAACCCAGGAGGAA	CGCCATCAACCTCGCCATC	Proteína intrínseca de membrana plasmática	SCVPRZ3026B07.g	94
<i>ERD4</i>	AGCAGGGGCACAAGAAGAGGT	CACGAGGATCATCACGGCTCT	<i>Early response to dehydration - ERD4</i>	SCUTLR2008G11.g	99
<i>SerineThreonine</i>	CGCCTCGTACCTCTCCTCCAT	GTCGCCAACTCGCCATTCTT	Resposta à estresse osmótico	SCCCLB1003E11.g	76
<i>ABA ripening</i>	ACGAGCACCACGACAAGAAGG	CGAGCACAGAGCACAGAGCAG	<i>Abscisic stress ripening</i>	SCSBAD1052D06.g	159
<i>DREB 2</i>	AGGGGATGAGAGGGTCGAGTG	CCACGGTTTCCAGTGAGTTTCG	<i>DRE binding factor 2</i>	SCBGLR1002A09.g	93
<i>ERD1</i>	CCAGGAGGACGCCATCAAGA	GCTGCATTGATCCCATCTAACG	<i>Early response to dehydration - ERD1</i>	SCSFAD1111G01.g	93
<i>HSP</i>	CACGGCAACGGGCATCTG	TCGTAGCCCTTTCAGCAGTGG	<i>Heat shock protein</i>	SCCCL4004E12.g	78

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Ensaio de seca em condição de campo

Com o objetivo de testar a hipótese de tolerância e sensibilidade dos genótipos selecionados, através da avaliação de parâmetros morfofisiológicos e moleculares, foi instalado um experimento na Usina Jalles Machado, em Goianésia, Goiás em 13/10/2009, com 10 genótipos de modo que no início do período de seca as plantas estariam com cerca de sete meses, atingindo portanto o estágio fenológico inicial de maturação (CASAGRANDE & VASCONCELOS, 2010). O ensaio de cana-planta foi colhido dia 26/10/2010, ao final do ciclo anual da cultura (cana-planta). Foi decidido dar prosseguimento ao ensaio pelo segundo ano de forma obter mais dados de produção e análises fisiológicas das 10 cultivares. O ensaio de cana-soca (2º ano) foi colhido em setembro de 2011. Porém, apenas os dados morfofisiológicos do primeiro ano do ensaio (cana-planta, 2010) serão detalhadamente aqui discutidos , uma vez que as análises de expressão gênica global foram feitas apenas para os experimentos realizados durante 2010. Não obstante, as avaliações realizadas durante os ensaios de cana soca foram conduzidas pela equipe do laboratório de Melhoramento de Plantas, em especial pela MSc Mariana Belloti, em conjunto com a equipe do IAC, e serão brevemente apresentadas neste trabalho.

Os índices mensais de precipitação em Goianésia em 2010 e 2011 foram inferiores a média dos últimos 14 anos (Figura 3), sendo que houve estiagem prolongada entre maio e agosto nos dois anos, e baixa precipitação durante os meses de abril e setembro, se comparado à média dos últimos 14 anos. O fornecimento de água para o tratamento irrigado foi realizado quando os níveis dos sensores do solo indicavam baixa disponibilidade hídrica (Dr.^a REGINA CÉLIA DE MATOS PIRES ²), geralmente entre intervalos de 15 a 20 dias, com volume de irrigação usualmente equivalente a 60 mm de água (Tabela 6). Apesar de a Figura 3 mostrar que houve precipitação no mês de abril para 2010, as chuvas se concentraram durante o início do mês, totalizando um volume de quase 100 mm de precipitação, com ocorrência até 10 de abril de 2010 (Estação Meteorológica Goianésia, dados não mostrados). O período de seca se iniciou portanto anteriormente ao de costume para a região, o qual usualmente começa no mês de maio. Tal fato ocasionou um déficit hídrico precoce, e também fez com que as irrigações

² DR^a REGINA CÉLIA DE MATOS PIRES, comunicação pessoal. Pesquisadora do Instituto Agrônomo (IAC), Campinas /SP, Brasil.

tivessem início antes do período planejado, sendo que a primeira lâmina foi aplicada em 26 de abril de 2010 (Tabela 6). Apesar do início precoce do período de seca, durante os meses de maio, junho, julho, agosto até o fim de setembro os níveis de precipitação foram nulos na região. O período chuvoso só reiniciou no final de setembro, sendo que nos dias 29 e 30 houve uma pequena precipitação (3,9 mm), com o reinício das chuvas regulares a partir do mês de outubro, quando houve quase 120 mm de precipitação (Estação Meteorológica Goianésia, dados não mostrados).

Em 2010, as amostras vegetais e dados fisiológicos foram coletados no início do período seco (12/05/2010; 1ª coleta), seguido de três coletas dos tratamentos irrigado e sob déficit em 11/06/2010 (2ª coleta), 28/07/2010 (3ª coleta) e 28/08/2010 (4ª coleta), sendo esta última sob déficit severo (Tabela 1). A última coleta (5ª) foi feita após o recomeço das chuvas (reidratação) e ocorreu em 25/10/2010 próximo a colheita (cana-planta). Vale ressaltar que para as duas primeiras coletas do primeiro ano do ensaio a aferição dos parâmetros fisiológicos foi realizada anteriormente (27/04/10 e 07/06/10) às coletas de material vegetal para análises moleculares. Todavia, esse intervalo não foi maior do que 15 dias para nenhuma das duas coletas. A partir da terceira coleta em diante, as avaliações fisiológicas foram conduzidas concomitantemente às coletas de material vegetal. Já para 2011, as avaliações fisiológicas e a amostragens de material vegetal foram realizadas simultaneamente para todas as datas de coletas, iniciando-se tardiamente (17/06/2011), sendo seguida de apenas duas coletas realizadas durante o período de seca moderada (29/07/2011) e seca severa (01/09/2011), e uma coleta após a reidratação do campo (03/09/2011) (Tabela 2). Foram realizadas avaliações morfo-fisiológicas em todos os 10 genótipos, porém foi coletado material vegetal apenas das 4 cultivares definidas como padrões ‘IACPSP94-2094’, ‘IACPSP96-7586’, ‘IACPSP97-7065’ e ‘SP87-365’ para extração de RNA e posterior análises de expressão gênica (microarranjos e RT-qPCR).

Tabela 6 - Datas e volume de irrigação do campo irrigado

Data	Volume de irrigação	Data	Volume de irrigação
26/04/2010	60 mm	09/08/2010	60 mm
08/06/2010	60 mm	23/08/2010	60 mm
17/06/2010	30 mm	09/09/2010	60 mm
08/07/2010	60 mm	30/09/2010	60 mm
26/07/2010	60 mm	09/10/2010	60 mm

Durante o primeiro ano do experimento foi possível observar diferenças visuais marcantes entre os campos de sequeiro e irrigado, e também diferenças entre os genótipos, no

que diz respeito à presença de folhas verdes e folhas secas (Tabelas 7 e 8). As diferenças foram ficando maiores conforme a seca foi ficando mais pronunciada. No início do período de seca de 2010 (abril e maio), as cultivares apresentavam poucas folhas secas, senescentes devido ao tempo de crescimento das touceiras. No decorrer do experimento, os sintomas de desidratação passaram a ser mais visíveis, sendo possível observar mais folhas enroladas, amarelecidas e secas em praticamente todos os genótipos, porém mais drasticamente no genótipo sensível ‘IACSP97-7065’ (Figura 08). Em geral, pode-se observar que o número de folhas verdes foi drasticamente afetado pela seca, enquanto houve proporcional acréscimo no número de folhas secas (Tabelas 7 e 8). Antes do período de seca não havia diferença entre os campos irrigado e sequeiro, e após três meses sem chuvas houve uma redução significativa em todos os genótipos do número de folhas verdes no campo sequeiro comparado com o irrigado (Tabela 7, Figura 9 e 10). Houve pequenas diferenças entre o número de folhas verdes entre os genótipos para as condições controle ou sob déficit hídrico (Tabela 7). Já com relação as folhas secas, a maioria dos genótipos não apresentou diferenças significativas na seca em relação ao controle, possivelmente devido a senescência de folhas, exceto pelo sensível ‘IACSP 97-7065’ e ‘IACSP 03-8014’ e ‘IACSP 97-3391’ (Tabela 8).

Parâmetros biométricos como o comprimento do colmo (Tabela 9, Figura 12), o diâmetro médio do colmo (Tabela 10, Figura 12) e número de perfilhos (Tabela 11) também foram avaliados durante o experimento, porém não foram constatadas diferenças significativas entre os tratamentos (seca x irrigado) para as três primeiras avaliações fisiológicas, referentes às três primeiras coletas. Entretanto, apesar de a seca não impactar negativamente esses três parâmetros biométricos, é importante notar que houve diferença significativa entre genótipos para o diâmetro médio do colmo e para o número de perfilho. Este fato é de importante constatação, já que ao analisarmos o diâmetro médio do colmo pode-se observar que o genótipo tolerante ‘IACSP94-2094’ apresenta menor diâmetro dentre todos os genótipos avaliados, além de apresentar também o maior número de perfilhos entre eles. Tal fato pode resultar numa vantagem fisiológica na resposta ao estresse e estabelecimento da tolerância (TAIZ & ZEIGER, 1998), visto que um maior número de colmos pode levar ao sistema radicular mais bem desenvolvido e abrangente, fundamental em ambiente com tendência ao déficit hídrico, além do fato de que colmos mais finos poderiam demandar um menor volume de água em se tratando de cada colmo individual, não sofrendo consequências tão drásticas no uso eficiente da água e no acúmulo de açúcar durante a fase de seca.

Figura 8 - Diferença visual na terceira coleta (11/06/2010) entre os genótipos contrastantes escolhidos para análises de microarranjos. (A) IACSP 94-2094 campo irrigado; (B) IACSP 942094 sequeiro; (C) IACSP 97-7065 irrigado; (D) IACSP 97-7065 sequeiro

Figura 9 - Diferença visual entre os campos de sequeiro (fundo) e irrigado (frente) em 28/07/2010, 98 dias após início da seca

Figura 10 - Diferença visual entre os campos de sequeiro (à direita) e irrigado (à esquerda) em 28/08/2010, 128 dias após início da seca

Tabela 7 - Número médio de folhas verdes em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010		08/06/2010		26/07/2010	
	C	DH	C	DH	C	DH
SP 87-365	7,6 ± 0,4	7,3 ± 0,1	5,0 ± 0,5	3,7 ± 0,2	7,0 ± 0,7	2,5 ± 0,2
IACSP 94-2094	6,2 ± 0,1	6,6 ± 0,1	4,4 ± 0,1	3,6 ± 0,3	6,0 ± 0,4	2,2 ± 0,2
IACSP 97-7065	6,6 ± 0,3	7,0 ± 0,2	4,8 ± 0,6	3,4 ± 0,2	6,2 ± 0,5	2,6 ± 0,2
IACSP 96-7586	6,1 ± 0,3	6,6 ± 0,2	4,6 ± 0,2	3,0 ± 0,2	6,7 ± 0,4	2,7 ± 0,2
IACSP 03-8189	5,9 ± 0,1	6,6 ± 0,4	4,4 ± 0,0	3,7 ± 0,2	6,4 ± 0,3	2,8 ± 0,4
IACSP 01-8112	7,0 ± 0,4	6,3 ± 0,2	4,2 ± 0,1	3,3 ± 0,3	5,8 ± 0,5	2,9 ± 0,3
IACSP 03-8014	7,2 ± 0,4	7,7 ± 0,4	4,6 ± 0,1	3,4 ± 0,4	7,1 ± 0,6	2,6 ± 0,1
IACSP 97-3391	6,1 ± 0,0	6,4 ± 0,2	4,6 ± 0,2	3,5 ± 0,2	5,7 ± 0,7	2,4 ± 0,2
IACSP 03-8022	7,2 ± 0,2	6,7 ± 0,2	4,4 ± 0,2	3,4 ± 0,4	6,5 ± 0,4	2,2 ± 0,1
IACSP 03-8125	6,5 ± 0,3	6,8 ± 0,1	4,9 ± 0,4	3,9 ± 0,3	6,2 ± 0,1	2,6 ± 0,3

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

Tabela 8 - Número médio de folhas secas em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010		08/06/2010		26/07/2010	
	C	DH	C	DH	C	DH
SP 87-365	7,8 ± 0,5	7,6 ± 0,3	14,4 ± 0,2	12,6 ± 1,0	12,6 ± 0,8	13,5 ± 0,5
IACSP 94-2094	7,1 ± 0,3	7,5 ± 0,6	10,5 ± 0,2	10,1 ± 1,0	12,3 ± 0,9	12,5 ± 0,4
IACSP 97-7065	7,7 ± 0,4	8,7 ± 0,5	10,3 ± 1,2	13,5 ± 0,5	13,2 ± 0,2	14,4 ± 0,4
IACSP 96-7586	6,8 ± 0,2	6,8 ± 0,6	10,7 ± 0,1	12,3 ± 0,3	12,0 ± 0,4	11,8 ± 0,3
IACSP 03-8189	8,5 ± 0,1	8,7 ± 0,5	11,5 ± 0,4	12,5 ± 0,9	14,5 ± 1,2	14,8 ± 0,9
IACSP 01-8112	8,3 ± 0,4	7,7 ± 0,5	12,4 ± 1,0	13,5 ± 0,5	12,5 ± 0,7	12,2 ± 0,1
IACSP 03-8014	8,2 ± 0,6	7,6 ± 1,2	10,7 ± 0,1	12,2 ± 0,8	13,7 ± 0,5	17,9 ± 3,8
IACSP 97-3391	8,7 ± 1,9	6,8 ± 0,5	9,7 ± 0,3	11,6 ± 0,8	11,2 ± 0,4	13,1 ± 0,7
IACSP 03-8022	8,0 ± 0,4	7,9 ± 0,4	11,2 ± 0,9	13,3 ± 0,4	13,1 ± 0,7	13,9 ± 0,4
IACSP 03-8125	7,4 ± 0,4	7,8 ± 0,4	10,2 ± 0,2	11,3 ± 1,1	12,6 ± 0,4	13,1 ± 0,7

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

Tabela 9 - Comprimento médio do colmo (cm) em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010		08/06/2010		26/07/2010	
	C	DH	C	DH	C	DH
SP 87-365	199,1 ± 0,4	211,2 ± 9,0	220,2 ± 7,5	211,2 ± 6,8	223,1 ± 3,4	227,9 ± 4,4
IACSP 94-2094	189,4 ± 4,5	189,4 ± 4,6	205,9 ± 2,6	201,2 ± 1,8	222,7 ± 0,4	206,3 ± 6,3
IACSP 97-7065	181,0 ± 10,2	207,8 ± 3,8	206,3 ± 9,5	212,7 ± 5,5	226,6 ± 5,9	223,0 ± 2,1
IACSP 96-7586	183,1 ± 3,9	186,9 ± 4,1	207,3 ± 2,7	197,5 ± 2,0	227,5 ± 6,5	207,5 ± 12,0
IACSP 03-8189	199,2 ± 3,7	216,3 ± 0,3	217,7 ± 2,1	230,8 ± 2,2	233,2 ± 4,7	235,9 ± 6,9
IACSP 01-8112	221,3 ± 11,2	217,9 ± 9,1	239,8 ± 1,1	239,2 ± 2,2	245,8 ± 7,2	246,6 ± 3,4
IACSP 03-8014	200,4 ± 4,3	195,2 ± 3,2	224,9 ± 2,4	210,0 ± 1,1	233,8 ± 6,7	208,0 ± 6,8
IACSP 97-3391	182,9 ± 13,4	189,6 ± 5,3	214,1 ± 9,5	206,2 ± 4,9	212,6 ± 7,2	214,6 ± 6,1
IACSP 03-8022	202,8 ± 3,6	216,9 ± 7,4	226,0 ± 1,1	225,3 ± 4,4	235,4 ± 4,8	235,7 ± 8,9
IACSP 03-8125	168,5 ± 3,8	184,5 ± 3,5	209,4 ± 4,0	210,0 ± 8,1	210,6 ± 6,0	213,0 ± 2,8

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

Tabela 10 - Diâmetro médio do colmo em 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010		08/06/2010		26/07/2010	
	C	DH	C	DH	C	DH
SP 87-365	27,3 ± 0,3	27,5 ± 0,8	25,4 ± 0,6	24,7 ± 0,7	23,3 ± 0,3	24,5 ± 0,2
IACSP 94-2094	22,3 ± 0,3	21,9 ± 0,8	21,4 ± 0,5	21,4 ± 0,4	18,7 ± 0,5	17,5 ± 1,5
IACSP 97-7065	27,7 ± 1,1	26,9 ± 1,0	26,5 ± 0,5	26,0 ± 0,8	24,7 ± 1,7	24,6 ± 0,3
IACSP 96-7586	24,1 ± 0,5	24,2 ± 0,4	23,0 ± 1,0	23,8 ± 0,1	20,7 ± 1,1	21,0 ± 1,2
IACSP 03-8189	28,6 ± 0,9	29,0 ± 1,4	26,8 ± 0,3	25,7 ± 0,5	24,5 ± 0,6	24,9 ± 0,8
IACSP 01-8112	26,2 ± 0,5	26,1 ± 0,6	24,4 ± 0,4	24,2 ± 1,0	23,2 ± 0,9	22,8 ± 0,7
IACSP 03-8014	25,6 ± 0,6	27,1 ± 0,8	25,8 ± 0,2	23,5 ± 0,9	21,8 ± 0,4	23,6 ± 0,5
IACSP 97-3391	25,1 ± 0,1	24,9 ± 0,9	24,9 ± 0,6	24,0 ± 0,4	21,5 ± 0,9	20,6 ± 0,7
IACSP 03-8022	23,9 ± 0,4	24,0 ± 0,5	22,2 ± 0,5	22,4 ± 0,6	19,1 ± 0,5	18,6 ± 0,5
IACSP 03-8125	27,8 ± 0,9	26,6 ± 0,8	25,4 ± 0,7	25,6 ± 0,5	23,4 ± 0,8	23,4 ± 0,8

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

Tabela 11 - Número médio de perfilhos de 10 genótipos de cana-de-açúcar, em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob déficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010	
	C	DH
SP 87-365	70,5 ± 1,9	68,5 ± 3,1
IACSP 94-2094	85,0 ± 0,9	81,7 ± 6,2
IACSP 97-7065	43,5 ± 7,1	46,3 ± 4,0
IACSP 96-7586	76,3 ± 4,2	71,8 ± 5,6
IACSP 03-8189	49,0 ± 2,2	46,0 ± 5,0
IACSP 01-8112	51,7 ± 2,5	50,3 ± 6,0
IACSP 03-8014	70,2 ± 2,7	70,5 ± 2,0
IACSP 97-3391	61,3 ± 7,1	63,7 ± 2,3
IACSP 03-8022	75,2 ± 1,9	79,7 ± 2,7
IACSP 03-8125	55,5 ± 2,3	59,8 ± 2,2

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

Outros parâmetros biométricos também sugeriram a presença de adaptações morfológicas vantajosas por parte do genótipo pré-definido como tolerante em relação aos demais. Avaliando-se a biomassa (peso total), o número de colmos por metro (densidade) e o peso de 5 canas, detectou-se que o genótipo sensível 'IACSP97-7065' apresenta menor número de perfilhos (Tabela 11, Figura 12), menor densidade de colmos por metro (Figura 11) e maior diâmetro dos mesmos (Tabela 10, Figura 12), e por conseguinte um maior peso médio de 5 canas (Figura 10), se comparado à 'IACSP 94-2094'. Tal fato pode constituir numa desvantagem para este genótipo, visto que um menor número de perfilhos pode resultar num sistema radicular não muito desenvolvido, além de colmos mais espessos demandarem um maior volume de água (TAIZ & ZEIGER, 1998). Em contrapartida, o genótipo tolerante 'IACSP94-2094' apresenta a maior densidade de colmos por metro (Figura 10), maior número médio de perfilhos (Tabela 11) e menor diâmetro do colmo. Finalmente, pode-se observar que o mecanismo adotado pelo genótipo tolerante é mais eficiente em termos de produtividade, sendo que "IACSP94-2094" apresentou valores médios de biomassa total (Figura 11) e valores altos de produtividade medida em toneladas de cana por ha, TCH (Figura 15).

Ao final do experimento, foram conduzidas análises tecnológicas, avaliando-se alguns dos parâmetros descritores da cultura recomendados pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. As análises foram realizadas pelo Laboratório de Tecnologia da Usina Jalles Machado., sendo avaliados: fibra, umidade, Brix, Pol e pureza de cana; além de, Brix, Pol e pureza do caldo, todos expressos em porcentagem (Figuras 12 a 14). Em geral, o tratamento de seca não causou diferenças para os parâmetros tecnológicos avaliados, havendo apenas diferenças intrínsecas entre genótipos.

Figura 11 - Peso total (Kg), Número de colmos por metro e Peso de 5 canas (Kg) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)

Figura 12 - Diâmetro (dm), Altura (cm), Fibra de cana (%) e Umidade de cana (%) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)

Figura 13 - BRIX do caldo (%), Pol do caldo (%) e Pureza do caldo (%) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)

Figura 14 - BRIX do caldo (%), Pol do caldo (%) e Pureza do caldo (%) de 10 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em ensaio em campo sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO, durante o primeiro ano do experimento (cana planta)

Foi observado a presença de patógenos nas folhas mais velhas da maioria dos genótipos incluindo aqueles usados para as análises moleculares, especialmente a mancha

parda e alguns casos isolados de carvão. A presença de patógenos foi decrescendo durante o experimento, concomitante ao início do período de maturação, e na última coleta a incidência foi bem menor do observado para a primeira coleta, sendo que a presença de patógenos não afetou severamente os ensaios. O período de coleta de 30 em 30 dias foi considerado ideal para avaliar a evolução do déficit hídrico, pois permitiu observar diferenças entre os estágios de resposta. Já a partir da terceira coleta, era possível observar que o campo de sequeiro tinha diversas folhas secas, além de praticamente todas as pontas foliares estarem secas, enquanto que o campo irrigado apresentava a maioria das folhas ainda verde (Figura 9). Próximo ao final do experimento, a diferença visual entre os campos era nítida (Figura 9 e 10). Os materiais que apresentaram melhor aspecto visual (folhas verdes) na condição de seca foram ‘IACSP94-2094’ (Figura 8) e ‘IACSP03-8125’ (dados não mostrados).

Os dados de produção final em toneladas de cana por hectare (TCH) fornecidos pelo grupo do Centro de Cana do IAC mostraram que houve variação entre os 10 genótipos de cana-de-açúcar sob condição irrigada e déficit hídrico nos dois anos analisados (Figura 15). Durante o primeiro ano do experimento (2010), a cultivar ‘SP87-365’ apresentou produtividade superior sob as duas condições de fornecimento de água, significativamente diferentes apenas das cultivares ‘IACSP97-3391’, ‘IACSP03-8189’, ‘IACSP01-8112’ e ‘IACSP97-7065’ (Figura 15). A maior sensibilidade da ‘IACSP97-7065’ foi nitidamente confirmada pela baixa produtividade sob estresse hídrico (Figura 15). Apesar de não apresentar perdas drásticas de produtividade sob déficit hídrico, a ‘IACSP94-2094’ não apresentou produção significativamente superior as demais em condições ótimas de cultivo em cana-planta e foi a 3ª mais produtiva. Sob estresse, a ‘IACSP94-2094’ foi a 4ª mais produtiva. Já durante o segundo ano de experimento (‘cana soca’), ‘IACSP94-2094’ apresentou produção superior às outras variedades em condições de seca, enquanto que a ‘IACSP97-7065’ apresentou as maiores perdas de produtividade quando submetida ao estresse por seca, significativamente distinta da produção da ‘IACSP94-2094’, o que demonstra que essas cultivares possuem resposta diferenciada ao déficit hídrico (Figura 15) sob o ponto de vista de produtividade para melhoramento a regiões com tendência à seca.

Figura 15 - Produção de ensaio em campo em toneladas de cana por hectare (TCH) para 10 genótipos sob duas condições hídricas na Usina Jalles Machado, em Goianésia, GO. A esquerda, ensaio de cana-planta (2010); à direita, cana-soca (2011)

3.2 Análises fisiológicas do experimento de seca em campo

No início de abril/2010 houve uma diminuição gradual na precipitação, sendo que durante um período de 20 dias no final de abril de 2010 houve apenas um dia de chuva de apenas 4,2 mm, resultando num deficit hídrico antecipado, o que tornou necessária a irrigação do ensaio, realizada em 26/04/2010 com lâmina de 60 mm (Tabela 6). As primeiras aferições fisiológicas foram realizadas em 27/04/2010, apenas 18 h após a primeira irrigação, o que justifica os baixos valores de potencial hídrico (Ψ) nas folhas aferidos para essa coleta ($\Psi \sim -0,7$ para todos os genótipos, dados não mostrados). Não houve diferença significativa entre os genótipos e os tratamentos para essa coleta a um nível de significância de 5%, visto que a seca precoce afetou ambos os tratamentos (dados não mostrados). Outro fator importante foi o estágio de desenvolvimento da planta nesse período, uma vez que com seis meses as plantas estavam em plena fase de crescimento vegetativo e por conseguinte necessitavam de uma maior disponibilidade hídrica (INMAN-BAMBER & SMITH, 2005). Após o início da irrigação regular das parcelas-controle, os valores de Ψ nas folhas das plantas controle aparentemente voltaram a níveis normais (Figura 16), enquanto que nas folhas das plantas sob deficit hídrico os valores de Ψ decresceram em todos os materiais avaliados (Figura 16). O potencial hídrico celular baseia-se no conceito de que a água no xilema está sob tensão durante a transpiração e, portanto, o potencial da água é geralmente negativo. A pressão necessária para equilibrar esta tensão é a medida de potencial da água, ou potencial hídrico

(ROSE, 1966). Dessa forma quanto menor o valor do potencial da água na folha (ψ), menor é a quantidade de água presente. O potencial de água é expresso como o status energético da água na planta. Durante o ensaio em 2010, o ψ decresceu no decorrer do período de seca para os 10 genótipos no tratamento de sequeiro, indicando a ocorrência de deficit hídrico neste tratamento (Figura 16), sendo que as menores diferenças (controle $\times$ seca) foram observadas para ‘IACSP03-8125’. Os genótipos ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ apresentaram redução significativa de ψ na condição de deficit hídrico nas avaliações sob estresse máximo para cana-planta (Figura 16) e cana-soca (Figura 17). Durante o ensaio de cana planta, os genótipos ‘IACSP94-2094’, ‘IACSP03-8125’ (ambas com melhor aspecto visual ao final do ensaio) e ‘IACSP01-8112’ apresentavam os maiores valores médios de Ψ na folha (menos negativos) considerando os dois anos. Foram observadas diferenças significativas para Ψ entre os tratamentos (controle $\times$ seca) nas duas últimas avaliações (3ª e 4ª coletas, 28/07/2010 e 26/08/2010, respectivamente; Figura 16), não havendo, entretanto, diferenças significativas entre os genótipos dentro de cada condição hídrica. A cultivar ‘IACSP03-8125’ apresentou a menor diferença para Ψ entre os tratamentos controle irrigado e sequeiro na avaliação sob estresse mais severo (4ª coleta, 26/08/2010). Em 2010, o potencial hídrico não foi aferido após a reidratação devido à necessidade de colheita da área pela usina e também pelo baixo número de folhas verdes disponíveis após o reinício das chuvas, já que é um método destrutivo de avaliação.

Durante a reidratação do ensaio no segundo ano do experimento, as plantas de todos os genótipos submetidos a seca atingiram os valores de ψ similares das plantas sob irrigação, a exceção do genótipo testado para a hipótese de sensibilidade ao deficit hídrico ‘IACSP97-7065’, o qual não conseguiu recuperar os níveis de ψ observados para o controle (Figura 17).

Figura 16 - Potencial da água na folha (Ψ) em 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob boa disponibilidade hídrica (controle irrigado, barras negras) ou submetidos ao déficit hídrico (barras cinzas) para 2010. Valor médio ($n=3$) $\pm$ erro padrão

Figura 17 - Potencial da água na folha (Ψ) em 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob boa disponibilidade hídrica (controle irrigado, barras negras) ou submetidos ao déficit hídrico (barras cinzas) para 2011. Valor médio ($n=3$) $\pm$ erro padrão

O teor de clorofila das plantas também podem fornecer importantes informações sobre o status fisiológico, além de representar uma medida rápida e não destrutiva. O teor de clorofila nas folhas é proporcional à quantidade de nitrogênio que ela absorveu, sendo também utilizado para diagnóstico de áreas da lavoura que estão com deficiência de nitrogênio. O clorofiLOG mede a quantidade de radiação transmitida através das folhas, de forma óptica, em três diferentes comprimentos de onda (dois na faixa do vermelho, próximos aos picos de absorção da clorofila e um no infravermelho próximo). A combinação destes valores de transmitâncias nestes três comprimentos de onda gera o ICF – Índice de Clorofila Falker. As tabelas 12 e 13 mostram os valores da concentração de clorofila, obtidas em índice ICF (índice de clorofila Falker), calculado com base na absorção de luz em comprimentos de onda característicos da clorofila, o qual é proporcional a valores como g de clorofila/g de folha ou g de clorofila/área de folha, podendo variar de acordo com a espécie.

Tabela 12 - Concentração de clorofila *a* na folha +1 em 10 genótipos de cana-de-açúcar expressos em ICF (índice de clorofila Falker) em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010	08/06/2010		28/07/2010	
	C	C	DH	C	DH
SP 87-365	31,3 ± 1,7	26,2 ± 1,2	27,5 ± 1,8	24,9 ± 2,6	20,6 ± 3,5
IACSP 94-2094	31,6 ± 0,8	31,9 ± 0,7	30,8 ± 2,6	32,0 ± 1,1	23,9 ± 1,6
IACSP 97-7065	34,9 ± 1,3	27,6 ± 4,4	28,7 ± 1,9	29,6 ± 1,7	25,3 ± 2,3
IACSP 96-7586	31,6 ± 1,2	30,6 ± 1,7	28,3 ± 0,8	31,5 ± 0,3	18,1 ± 2,5
IACSP 03-8189	29,9 ± 2,6	30,2 ± 2,2	27,4 ± 3,1	29,8 ± 1,1	18,2 ± 3,5
IACSP 01-8112	34,0 ± 2,9	30,3 ± 2,6	33,2 ± 2,8	29,6 ± 2,1	21,1 ± 3,1
IACSP 03-8014	36,8 ± 1,3	34,2 ± 0,4	31,8 ± 2,4	30,6 ± 1,9	23,0 ± 1,9
IACSP 97-3391	32,3 ± 0,6	27,3 ± 3,2	25,3 ± 2,2	29,5 ± 2,2	17,8 ± 1,7
IACSP 03-8022	32,4 ± 1,1	30,3 ± 1,3	29,2 ± 1,8	30,0 ± 0,2	17,8 ± 1,3
IACSP 03-8125	34,2 ± 1,4	34,6 ± 0,8	34,3 ± 0,7	32,4 ± 1,2	27,5 ± 1,6

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

Tabela 13 - Concentração de clorofila *b* na folha +1 em 10 genótipos de cana-de-açúcar expressos em ICF (índice de clorofila Falker), em condição de boa disponibilidade hídrica (C), ou sob deficit hídrico (DH)

Genótipos	26/04/2010	08/06/2010		28/07/2010	
	C	C	DH	C	DH
SP 87-365	9,3 ± 1,5	5,6 ± 0,6	7,0 ± 1,2	5,0 ± 0,9	3,9 ± 1,1
IACSP 94-2094	9,2 ± 0,8	8,7 ± 0,4	7,7 ± 1,0	8,8 ± 1,1	4,7 ± 0,6
IACSP 97-7065	12,6 ± 1,7	4,6 ± 0,8	7,0 ± 1,1	6,9 ± 1,0	5,2 ± 1,1
IACSP 96-7586	8,8 ± 0,9	8,0 ± 1,5	5,8 ± 0,2	8,6 ± 0,2	3,0 ± 0,5
IACSP 03-8189	7,6 ± 1,3	8,1 ± 0,7	6,4 ± 1,4	6,8 ± 0,4	3,1 ± 0,7
IACSP 01-8112	10,6 ± 1,4	8,1 ± 2,0	10,5 ± 2,3	7,5 ± 1,2	4,2 ± 1,0
IACSP 03-8014	14,1 ± 1,0	10,7 ± 0,5	9,6 ± 1,7	7,8 ± 0,5	4,5 ± 0,6
IACSP 97-3391	10,8 ± 0,8	5,9 ± 1,2	6,4 ± 0,6	8,3 ± 1,6	2,9 ± 0,3
IACSP 03-8022	9,7 ± 0,8	7,3 ± 1,0	7,0 ± 1,2	7,9 ± 0,6	3,0 ± 0,3
IACSP 03-8125	11,0 ± 0,8	10,3 ± 2,1	11,9 ± 1,5	9,9 ± 1,5	6,4 ± 1,0

* Valor médio (n=3) ± erro padrão

A degradação de clorofila é a consequência da foto-inibição durante o deficit hídrico (Silva et al., 2007). Pode-se observar que no início do déficit hídrico (primeira e segunda coletas, 26/04/10 e 07/06/10) as plantas não apresentavam diferenças entre os teores de clorofila *a* e *b*. Porém, após um período de seca mais pronunciada, os níveis de clorofila *a* e *b* foram afetados sob deficit hídrico para todos os genótipos (Tabelas 12 e 13). Tal fato pode estar relacionado com a diminuição da área verde foliar decorrentes da secagem das folhas nas plantas do ensaio de sequeiro; e com a diferença do número de folhas verdes e secas entre o controle irrigado e o tratamento, podendo ainda estar ligada com uma deficiência de compostos nitrogenados na planta decorrente do escassez de nitrogênio disponível no solo ou na queda de absorção (Silva et al., 2007). Os genótipos com a menor redução proporcional de clorofila *a* e *b* foram ‘IACSP 03-8125’, ‘SP 87-365’ e ‘IACSP 97-7065’, sendo os dois últimos considerados sensíveis ao deficit hídrico (Tabela 12). Foi proposto por SILVA et al.

(2007) que genótipos mais tolerantes a seca apresentariam maior conteúdo de clorofila, o que foi não confirmado pelos dados do ensaio de campo, uma vez que apenas em valores absolutos os genótipos tolerantes apresentaram valores superiores.

Foram avaliados também diversos parâmetros fisiológicos através de medidas das trocas gasosas e da fase fotoquímica. A deficiência hídrica no solo afeta as trocas gasosas foliares de cana-de-açúcar através de decréscimos na transpiração e na fotossíntese, sendo ambas reguladas pela condutância estomática (JONES, 1992; 2006; BUCHANAN; GRUISSEM; JONES, 2001). A condutância estomática decresce em plantas submetidas a estresse por seca na tentativa de evitar a perda de água por transpiração e manter a hidratação da planta, evitando em primeira instância alterações significativas no metabolismo vegetal (INMAN-BAMBER & SMITH, 2005). Sendo assim, medições diretas das trocas gasosas como assimilação de CO₂ (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), razão entre a concentração intercelular de CO₂ e a concentração atmosférica de CO₂ (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) e a eficiência do uso da água ($EUA = P_N/E$) são bons indicadores do estado hídrico e fisiológico de plantas sob estresse. Para as avaliações de trocas gasosas e fotoquímicas, foi utilizado um analisador de gas por infravermelho, (*Infra-Red Gas Analyzer, IRGA*), conforme descrito no item 2.5.

Os parâmetros fotoquímicos são calculados através de medidas da fluorescência da clorofila, uma vez que esta molécula atua na absorção de luz. A absorção de luz pela clorofila pode seguir diferentes caminhos, sendo primariamente destinada para fotossíntese, porém podendo também ser dissipada na forma de calor e/ou ser reemitida na forma de flúorêscencia da clorofila. Esses processos ocorrem simultaneamente e competem entre si, de forma que o aumento em um deles certamente irá causar redução em outro. Dessa maneira, medidas da fluorescência da clorofila podem ser úteis para a obtenção de informações sobre a eficiência fotossintética e a dissipação de calor em plantas, além de servirem como indicadores do nível de estresse das mesmas (MAXWELL & JOHNSON, 2000). Foram definidos seis parâmetros fotoquímicos avaliados com uso de um aparelho IRGA para determinação do estado fisiológico das plantas, sendo a eficiência quântica potencial do fotossistema II (FSII; F_v/F_m), a eficiência quântica efetiva do FSII ($\Delta F/F_m'$), os coeficientes de extinção fotoquímico (qP) e não-fotoquímicos (NPQ e qN) e taxa de transporte de elétrons (ETR , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) (ROHÁČEK, 2002; MCCORMICK et al., 2008).

As análises estatísticas foram feitas na forma de experimentos fatoriais, onde os fatores eram os genótipos e os tratamentos (irrigado *versus* seca). Foram comparadas as diferenças médias entre genótipos (intergenotípicas), entre tratamentos, e se houve interação

genótipo $\times$ tratamento (intragenotípicas) para cada parâmetro fisiológico avaliado. As análises estatísticas foram realizadas separadamente para cada coleta realizada devido ao intervalo decorrido entre elas (um mês), o que impossibilitou estatisticamente que fossem avaliadas respostas temporais desses parâmetros. Para as comparações realizadas entre as médias dos genótipos foram utilizadas letras maiúsculas nas tabelas, a fim de se verificar se houve ou não significância estatística para a análise. Já para as avaliações intragenotípicas e/ou entre tratamentos foram designadas letras minúsculas, para comparação da resposta das plantas de maneira geral aos tratamentos, e das respostas dentro de cada genótipo no caso de haver interação. A ausência de letras nas colunas ou linhas indica que não houve variação significativa para aquela comparação.

Na primeira avaliação fisiológica realizada em 27/04/2010, e portanto anterior à primeira coleta de material vegetal, não foram observadas diferenças significativas tanto entre genótipos quanto tratamentos para os parâmetros fisiológicos relacionados com trocas gasosas, entre eles a assimilação de CO_2 (P_N), condutância estomática (g_s), transpiração (E), eficiência do uso da água ($EUA = P_N / E$) e a relação entre concentração de carbono intercelular e atmosférico (C_i/C_a). Este último parâmetro permite ter uma idéia indireta da fotossíntese, pois mostra se está havendo consumo do carbono que se encontra no espaço intercelular pelos processos fotossintéticos. Já para alguns dos parâmetros fotoquímicos avaliados houve variação significativa entre os tratamentos seca *versus* irrigado, porém não houve variação entre genótipos ou então interação genótipos $\times$ tratamentos para essa primeira coleta. Os parâmetros que apresentaram diferenças estatísticas para esta coleta foram a eficiência quântica efetiva do FSII (F_v/F_m), a taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) e o coeficiente de extinção fotoquímico (qP), que também é descrito como uma representação do número de centros de reações do FSII abertos. Os três parâmetros apresentaram diferenças entre os tratamentos, porém não entre genótipos (Tabelas 14 e 15). Tal diferença pode ser atribuída ao fato de que durante o mês de abril/2010, houve uma diminuição gradual nos valores de precipitação (durante um período de 20 dias em abril de 2010 houve apenas um dia de chuva de apenas 4,2 mm), que resultou num deficit hídrico antecipado e necessidade de irrigação do ensaio (realizada em 26/04/2010 com lâmina de 60 mm, Tabela 6), sendo que as medidas foram realizadas um dia após a primeira irrigação, sem haver tempo hábil para as plantas se recuperarem após essa seca precoce. Todavia, a ausência de diferenças significativas tanto entre as médias totais dos genótipos, dos tratamentos e da interação entre genótipos e tratamentos para 8 dos 11 parâmetros avaliados (trocas gasosas e parâmetros fotoquímicos) indica que os genótipos e tratamentos testados estavam sob condições

equivalentes previamente ao início do período de deficit hídrico estudado, dando mais robustez aos resultados obtidos no experimento. As tabelas 14 e 15 mostram os valores os valores de F_v/F_m , qP e ETR para os dez genótipos de cana-de-açúcar cultivados nas duas condições.

Tabela 14 - Eficiência quântica do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (27/04/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	$\Delta F/F_m'$					
	Irigado			Sequeiro		
SP 87-365	0,135	±	0,020	0,290	±	0,008
IACSP 94-2094	0,125	±	0,037	0,220	±	0,041
IACSP 97-3391	0,170	±	0,016	0,205	±	0,004
IACSP 97-7065	0,165	±	0,012	0,180	±	0,041
IACSP 96-7586	0,190	±	0,041	0,290	±	0,016
IACSP 03-8014	0,165	±	0,004	0,135	±	0,029
IACSP 03-8022	0,190	±	0,041	0,215	±	0,045
IACSP 01-8112	0,115	±	0,012	0,180	±	0,002
IACSP 03-8125	0,215	±	0,004	0,240	±	0,024
IACSP 03-8189	0,195	±	0,012	0,215	±	0,037
Médias	0,166	b		0,217	a	CV = 24,76 %

Tabela 15 - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) e taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (27/04/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	qP				ETR			
	Irigado		Sequeiro		Irigado		Sequeiro	
SP 87-365	0,300	± 0,024	0,595	± 0,004	91,70	± 14,95	197,93	± 3,77
IACSP 94-2094	0,260	± 0,082	0,420	± 0,041	86,70	± 25,30	152,11	± 28,09
IACSP 97-3391	0,355	± 0,029	0,425	± 0,012	114,30	± 10,56	139,37	± 1,75
IACSP 97-7065	0,365	± 0,061	0,410	± 0,041	110,50	± 7,52	120,68	± 26,39
IACSP 96-7586	0,355	± 0,078	0,550	± 0,033	127,80	± 29,41	197,35	± 11,92
IACSP 03-8014	0,375	± 0,004	0,260	± 0,073	110,10	± 1,62	91,76	± 20,53
IACSP 03-8022	0,390	± 0,065	0,460	± 0,106	130,40	± 28,27	146,66	± 30,31
IACSP 01-8112	0,230	± 0,008	0,410	± 0,030	79,90	± 7,50	123,02	± 10,43
IACSP 03-8125	0,440	± 0,033	0,490	± 0,041	144,70	± 4,44	163,77	± 16,12
IACSP 03-8189	0,350	± 0,008	0,480	± 0,033	131,14	± 8,85	147,58	± 23,94
Médias	0,3	b	0,5	a	112,7	b	149,3	a
CV = 21,84 %					CV = 24,85 %			

Nesta primeira coleta, foram observados valores superiores para o tratamento de seca em relação ao controle, apesar de as plantas dos dois ensaios terem sido submetidas a uma seca antecipada. O fato de os valores de $\Delta F/F_m'$ e ETR apresentarem variação contrária ao

que foi observado para essas variáveis durante a seca intensa, conforme descrito mais adiante, mostra que as variações entre os campos ocorreram ao caso para os dois tratamentos, não afetando a confiabilidade do experimento.

Na amostragem seguinte (2ª coleta, 07/06/2010 – 11/06/2010, Tabela 1), realizada após cerca de um mês e meio do início do período de estiagem, foram detectadas diferenças significativas nos níveis de assimilação de CO_2 entre genótipos e entre os tratamentos, porém a interação entre genótipos e tratamentos não foi significativa. Os maiores níveis de P_N foram observados para ‘IACSP03-8125’, os quais foram significativamente maiores se comparados à ‘SP 87-365’, a qual apresentou os menores níveis (Tabela 16) considerando as médias totais dos genótipos. Os demais genótipos se comportaram de maneira intermediária, não havendo diferenças entre eles. É importante notar que a partir dessa coleta, o estágio de seca foi responsável por uma redução significativa dos níveis de fotossíntese entre os tratamentos continuamente até o final do experimento. Por sua vez, a diminuição dos níveis de fotossíntese gera diminuição no acúmulo de açúcar e consequentemente perdas na produtividade da cana-de-açúcar (PERECIN, 2010).

Tabela 16 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	P _N						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	12,04	±	3,7	13,38	±	4,4	12,71	A
IACSP 01-8112	12,71	±	4,4	8,70	±	4,0	10,71	AB
IACSP 97-7065	13,02	±	2,7	7,63	±	2,3	10,33	AB
IACSP 03-8189	9,29	±	3,4	8,23	±	2,1	8,76	AB
IACSP 96-7586	10,20	±	3,1	6,42	±	2,5	8,31	AB
IACSP 03-8014	9,19	±	1,3	7,01	±	0,6	8,10	AB
IACSP 94-2094	7,88	±	1,1	4,87	±	1,6	6,37	AB
IACSP 97-3391	7,24	±	1,6	4,57	±	1,0	5,91	AB
IACSP 03-8022	5,84	±	2,5	4,16	±	2,0	5,00	AB
SP 87-365	4,61	±	2,5	3,09	±	0,6	3,85	B
Médias	9,20	a		6,81	b		CV = 57,03 %	

Não foram encontradas diferenças significativas para esta coleta entre os níveis de condutância estomática e transpiração tanto para os genótipos quanto para os tratamentos testados. Porém, pôde-se observar diferenças significativas para a eficiência do uso da água (P_N/E , Tabela 17) e a razão entre o carbono interno e carbono atmosférico (C_i/C_a , Tabela 18),

sugerindo que tais diferenças podem ser oriundas da variação dos níveis de fotossíntese entre os genótipos, principalmente no caso da *EUA*, a qual é calculada diretamente a partir da fotossíntese. Para esta avaliação, o genótipo ‘IACSP 03-8189’ apresentou melhor eficiência do uso da água em relação ao genótipo testado para sensibilidade ‘SP 87-365’, porém sem variar estatisticamente dos demais. Foi detectada ainda significância entre os tratamentos, sendo que o déficit hídrico foi responsável por uma diminuição nos valores de *EUA* para todos os genótipos em geral (Tabela 17).

Já com relação à C_i/C_a , houve diferença significativa entre tratamentos, sendo que a seca causou um aumento na razão de C_i/C_a devido ao fechamento de estômatos para evitar a dessecação (Bray, 1997). Já entre os genótipos, ‘SP 87-365’, ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 03-8022’ foram os que apresentaram, em média, os maiores valores para C_i/C_a , sendo estatisticamente superiores à ‘IACSP 03-8189’ e o sensível ‘IACSP 97-7065’, mostrando que o carbono intercelular não estava sendo direcionado para consumo pela via da fotossíntese nesses genótipos. Os demais tiveram comportamento intermediário (Tabela 18). O genótipo tolerante utilizado para teste das hipóteses deste trabalho apresentou comportamento intermediário, sem variação dos demais.

Tabela 17 - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	EUA (P _N /E)						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8189	5,07	±	1,11	4,51	±	0,92	4,79	A
IACSP 97-7065	4,71	±	0,41	4,29	±	0,55	4,50	AB
IACSP 03-8125	4,47	±	0,68	4,22	±	0,84	4,35	ABC
IACSP 96-7586	4,61	±	0,38	3,68	±	0,48	4,15	ABC
IACSP 03-8014	4,77	±	0,51	3,50	±	0,67	4,13	ABC
IACSP 01-8112	4,56	±	1,00	3,42	±	0,73	3,99	ABC
IACSP 94-2094	4,49	±	0,68	2,99	±	0,37	3,74	ABC
IACSP 03-8022	2,97	±	0,82	1,97	±	1,23	2,47	ABC
IACSP 97-3391	3,23	±	0,62	1,30	±	0,27	2,27	BC
SP 87-365	2,67	±	1,20	1,27	±	0,25	1,97	C
							CV = 35,44	
Médias	4,16	a		3,12	b		%	

Para os parâmetros fotoquímicos avaliados para a segunda coleta, não foram observadas diferenças estatísticas para a eficiência quântica do FSII ($\Delta F/F_m'$), para o coeficiente de extinção fotiquímico (qP) e para a taxa de transporte aparente de elétrons

(*ETR*). Contudo, houve variação significativa para a eficiência quântica potencial do FSII (*Fv/Fm*, Tabela 19) e para os dois coeficientes de extinção fotoquímico (*qN* e *NPQ*, Tabela 20), podendo ser observado novamente um aumento dos valores de, *qN* e *NPQ*, conforme esperado em situações de deficit hídrico. Tal aumento reflete o direcionamento da energia luminosa para vias não fotoquímicas, resultando na liberação dessa energia através da dissipação de calor (*NPQ*). Este fato indica que a fotossíntese já está sendo saturada pelo estresse, acarretando na necessidade de realizar esse redirecionamento buscando evitar a formação de espécies reativas de oxigênio, minimizando temporariamente as chances de ocorrência de estresse oxidativo (CARVALHO, 2008).

Tabela 18 - Taxa de carbono interno sob carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	C _i /C _a						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
SP 87-365	0,637	±	0,12	0,763	±	0,03	0,700	A
IACSP 97-3391	0,520	±	0,05	0,773	±	0,03	0,647	AB
IACSP 03-8022	0,570	±	0,06	0,657	±	0,17	0,613	ABC
IACSP 94-2094	0,330	±	0,07	0,530	±	0,03	0,430	BCD
IACSP 01-8112	0,387	±	0,07	0,463	±	0,10	0,425	BCD
IACSP 03-8014	0,337	±	0,06	0,450	±	0,08	0,393	BCD
IACSP 03-8125	0,340	±	0,05	0,357	±	0,11	0,348	CD
IACSP 96-7586	0,303	±	0,07	0,423	±	0,04	0,363	CD
IACSP 03-8189	0,337	±	0,06	0,303	±	0,13	0,320	D
IACSP 97-7065	0,277	±	0,04	0,353	±	0,05	0,315	D
Médias	0,404	b		0,507	a		CV = 30,58 %	

Os dois genótipos testados para tolerância ‘IACSP 94-2094’ e ‘IACSP 96-7586’ juntamente com ‘IACSP 03-8125’ foram os que apresentaram as médias mais altas para *Fv/Fm*, estatisticamente superiores aos valores obtidos para o genótipo sensível ‘IACSP 97-7065’ e para ‘IACSP 97-3391’, porém sem diferir dos demais (Tabela 19). Em plantas mantidas sob boa disponibilidade hídrica os valores de *Fv/Fm* variam entre 0,78 a 0,84 (MAXWELL & JOHNSON, 2000, DR. RAFAEL VASCONCELOS³). Neste experimento, pôde-se observar que mesmo para as plantas mantidas sob irrigação os valores de *Fv/Fm* já

³ DR. RAFAEL VASCONCELOS RIBEIRO, comunicação pessoal. Pesquisador do Centro de Ecofisiologia e Biofísica IAC, Instituto Agrônomo (IAC), Ribeirão Preto/SP, Brasil.

estavam um pouco abaixo do ideal, talvez devido às condições adversas do campo, porém não foi detectada diferença significativa entre as médias dos tratamentos. É importante notar que esta variável demonstrou pela primeira vez ocorrência de interação entre a resposta dos genótipos aos tratamentos, onde não houve diferença estatística entre os genótipos para o tratamento irrigado, porém foi detectada significância nas comparações entre genótipos para a condição de sequeiro. Quando se considera o efeito do tratamento sobre cada genótipo especificamente, e também a média geral do genótipo, novamente os tolerantes 'IACSP 94-2094' e 'IACSP 96-7586' juntamente com 'IACSP 03-8125' apresentam melhor eficiência potencial do FSII ao deficit, não variando estatisticamente em relação ao controle irrigado.

Tabela 19 - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) média de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	Fv/Fm								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 03-8125	0,780	±	0,006	Aa	0,777	±	0,013	Aa	0,778	A
IACSP 94-2094	0,767	±	0,009	Aa	0,773	±	0,003	Aa	0,775	A
IACSP 96-7586	0,777	±	0,012	Aa	0,765	±	0,009	Aa	0,772	A
IACSP 01-8112	0,730	±	0,021	Aa	0,757	±	0,003	Aa	0,743	AB
IACSP 03-8189	0,763	±	0,003	Aa	0,743	±	0,015	ABa	0,753	AB
IACSP 03-8014	0,760	±	0,006	Aa	0,740	±	0,012	ABa	0,742	AB
SP 87-365	0,723	±	0,013	Aa	0,725	±	0,017	ABa	0,724	AB
IACSP 03-8022	0,750	±	0,006	Aa	0,720	±	0,023	ABa	0,735	AB
IACSP 97-7065	0,747	±	0,009	Aa	0,677	±	0,032	Bb	0,712	B
IACSP 97-3391	0,740	±	0,017	Aa	0,680	±	0,010	Bb	0,710	B
Médias	0,751	a			0,735	a			CV = 4,65 %	

A tabela 20 mostra os valores dos coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ). Para ambas as medidas, só foram detectadas variações significativas entre os tratamentos controle irrigado e sequeiro, porém não para genótipos ou interação entre os fatores. Para estes parâmetros, o ideal é que haja uma aumento dos valores quando em situação de déficit hídrico, uma vez que ele representa o quanto de energia está sendo dissipada pelas vias não fotoquímicas. Geralmente, valores baixos de qN e NPQ são indesejáveis, porém a capacidade de aumentar o qN é um bom indício de mecanismo de resposta a estresse (ROHÁČEK, 2002). Pode-se observar que o tratamento de sequeiro tende a apresentar valores de qN e NPQ maiores, uma vez que direcionam menos energia para a

fotossíntese, e consequentemente mais energia para dissipação de calor ou fluorescência da clorofila (SILVA et al., 2007).

Já para as medidas realizadas durante a terceira coleta realizada em 28/07/2010, quando as plantas do tratamento de sequeiro já estavam há mais de 3 meses sem água (Figura 9), todos os parâmetros relacionados às trocas gasosas (P_N , E , EUA , C_i/C_a e g_s) apresentaram diferenças significativas (Tabelas 21, 22 e 23). Para essa avaliação, as medidas fisiológicas foram feitas concomitantemente às coletas de material vegetal, sendo que não foram realizadas as medidas fotoquímicas com pulso de saturação, também denominadas “medidas do escuro”, impossibilitando o cálculo de alguns dos parâmetros fotoquímicos como F_v/F_m , qN e NPQ . Os únicos parâmetros que foram passíveis de aferição foram $\Delta F/F_m'$ e ETR , entretanto estes também não apresentaram variação significativa.

Tabela 20 - Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (07/06/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	qN		NPQ	
	Irigado	Sequeiro	Irigado	Sequeiro
SP 87-365	0,847 ± 0,035	0,893 ± 0,040	1,86 ± 0,15	3,18 ± 0,55
IACSP 03-8014	0,811 ± 0,070	0,897 ± 0,012	1,91 ± 0,37	1,65 ± 0,99
IACSP 97-3391	0,810 ± 0,031	0,890 ± 0,026	1,95 ± 0,37	2,44 ± 0,57
IACSP 03-8022	0,773 ± 0,065	0,883 ± 0,067	1,69 ± 0,26	2,38 ± 0,33
IACSP 97-7065	0,780 ± 0,020	0,833 ± 0,027	1,47 ± 0,40	3,19 ± 1,11
IACSP 03-8189	0,697 ± 0,067	0,860 ± 0,051	NA ± NA	3,38 ± 0,17
IACSP 96-7586	0,687 ± 0,085	NA ± NA	1,74 ± 0,50	3,08 ± 0,93
IACSP 01-8112	0,687 ± 0,075	0,803 ± 0,050	1,27 ± 0,55	2,16 ± 0,70
IACSP 94-2094	0,757 ± 0,064	0,673 ± 0,103	1,01 ± 0,20	1,55 ± 0,30
IACSP 03-8125	0,647 ± 0,047	0,720 ± 0,042	1,09 ± 0,21	2,65 ± 0,57
Médias	0,746 b	0,831 a	1,57 b	2,56 a
CV = 13,03 %			CV = 45,39 %	

A tabela 21 mostra os valores de fotossíntese líquida (P_N) e de eficiência do uso da água (EUA). Para esta coleta não houve diferenças entre as médias dos genótipos, apenas entre os tratamentos. Novamente, o tratamento de seca causou redução nos valores de fotossíntese líquida e de eficiência do uso da água, conforme esperado após esse prolongado período de seca, mostrando que as plantas do campo de sequeiro estavam enfrentando condições adversas, e que a seca estava impactando negativamente as trocas gasosas das plantas submetidos a esse tratamento.

Tabela 21 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) e eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (28/07/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	P_N				EUA (P_N/E)			
	Irigado		Sequeiro		Irigado		Sequeiro	
SP 87-365	14,83	$\pm 3,28$	5,55	$\pm 2,66$	5,01	$\pm 0,93$	2,79	$\pm 1,32$
IACSP 94-2094	10,52	$\pm 2,36$	6,44	$\pm 0,64$	4,64	$\pm 0,71$	3,54	$\pm 0,51$
IACSP 97-3391	7,67	$\pm 1,13$	3,32	$\pm 0,73$	5,06	$\pm 0,66$	2,18	$\pm 0,65$
IACSP 97-7065	15,14	$\pm 3,90$	5,93	$\pm 1,66$	4,91	$\pm 0,37$	3,74	$\pm 0,45$
IACSP 96-7586	11,53	$\pm 1,31$	6,85	$\pm 1,70$	5,19	$\pm 0,35$	4,48	$\pm 1,27$
IACSP 03-8014	16,53	$\pm 1,13$	4,47	$\pm 1,82$	6,14	$\pm 0,71$	3,40	$\pm 0,71$
IACSP 03-8022	17,17	$\pm 7,57$	4,64	$\pm 0,28$	5,70	$\pm 0,22$	3,86	$\pm 0,21$
IACSP 01-8112	11,81	$\pm 4,55$	5,26	$\pm 3,03$	4,32	$\pm 0,77$	2,69	$\pm 1,83$
IACSP 03-8125	17,02	$\pm 4,21$	6,64	$\pm 3,09$	4,74	$\pm 0,49$	4,31	$\pm 0,20$
IACSP 03-8189	11,44	$\pm 1,99$	7,18	$\pm 2,36$	5,13	$\pm 0,37$	4,75	$\pm 1,75$
Médias	13,37	a	5,63	B	5,08	a	3,57	b
CV = 51,5 %						CV = 32,23 %		

A tabela 22 mostra os valores de C_i/C_a e g_s para esta coleta, sendo que não foram detectadas diferenças para estes parâmetros entre as médias dos genótipos, apenas entre os tratamentos. A seca causou aumento dos valores de C_i/C_a , conforme já relatado para a segunda coleta, além de refletir a diminuição da condutância estomática derivada do fechamento de estômatos. O fechamento dos estômatos é um conhecido mecanismo para evitar a perda de água por transpiração, e ajuda na manutenção do potencial hídrico das células foliares. Por outro lado, o fechamento dos estômatos também pode afetar os níveis de fotossíntese, uma vez que haverá menos dióxido de carbono entrando na célula. Tal fato contribui por consequência para o aumento da razão entre carbono intecelular e carbono atmosférico, evidenciado pelas médias superiores de C_i/C_a observadas para o tratamento de seca em relação ao controle irrigado a partir da segunda coleta. Com o fechamentos dos estômatos, também é esperado uma redução da transpiração.

A tabela 23 mostra os valores de E e de qP . Conforme esperado e observado na tabela 23, devido ao fechamento dos estômatos, a transpiração (E) é diminuída como uma forma de evitar a perda de água e consequente desidratação. O mesmo cenário observado para C_i/C_a também ocorre para qP , onde valores mais altos são observados no tratamento de seca se comparado ao controle. Altos valores de qP são desejáveis para plantas com boa resposta ao estresse, e são utilizados na fisiologia como uma maneira de estimar o grau de abertura dos

centros de reações do FSII, sendo que mais centros de reações abertos representam um maior dreno para a energia luminosa que chega à planta e não é direcionada para a fotossíntese, resultando num menor estresse oxidativo (MAXWELL & JOHNSON, 2000; ROHÁČEK, 2002).

A quarta coleta foi realizada em 28/08/2010, após mais de 4 meses de seca pronunciada, período considerado como máximo estresse, onde as plantas de todos os genótipos apresentavam poucas folhas verdes (Figura 10). Todos os parâmetros fisiológicos avaliados foram significativos, e muitos deles apresentaram interação genótipo $\times$ tratamentos. O único parâmetro que não foi considerado nas análises foi *NPQ*, o qual mesmo apresentando variação significativa, não foi relacionado devido ao seu alto coeficiente de variação. Os níveis de fotossíntese sofreram uma redução drástica para as análises dessa coleta, sendo que houve variação entre as médias dos tratamentos e dos genótipos (Tabela 24). Os genótipos ‘IACSP 01-8112’ e ‘IACSP 03-8125’ apresentaram níveis de fotossíntese superiores aos de ‘SP 87-365’ e ‘IACSP 97-3391’, porém sem diferenças significativas para os demais. Os genótipos ‘IACSP 94-2094’ e ‘IACSP 96-7586’ e ‘IACSP97-7065’ apresentaram níveis de fotossíntese intermediários, sem variações para com os demais. Foi observada também significância entre os tratamentos, corroborando a idéia de que a seca prolongada é limitante para a fotossíntese e produtividade em cana-de-açúcar (Tabela 24).

Tabela 22 - Taxa de carbono intercelular sob carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) e condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (28/07/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	C_i/C_a		g_s	
	Irigado	Sequeiro	Irigado	Sequeiro
SP 87-365	0,287 $\pm$ 0,092	0,583 $\pm$ 0,166	0,093 $\pm$ 0,017	0,057 $\pm$ 0,009
IACSP 94-2094	0,303 $\pm$ 0,085	0,477 $\pm$ 0,047	0,063 $\pm$ 0,009	0,057 $\pm$ 0,009
IACSP 97-3391	0,273 $\pm$ 0,074	0,633 $\pm$ 0,139	0,043 $\pm$ 0,009	0,050 $\pm$ 0,012
IACSP 97-7065	0,293 $\pm$ 0,077	0,433 $\pm$ 0,117	0,093 $\pm$ 0,017	0,057 $\pm$ 0,020
IACSP 96-7586	0,227 $\pm$ 0,065	0,350 $\pm$ 0,125	0,067 $\pm$ 0,009	0,047 $\pm$ 0,003
IACSP 03-8014	0,127 $\pm$ 0,052	0,457 $\pm$ 0,122	0,083 $\pm$ 0,007	0,033 $\pm$ 0,009
IACSP 03-8022	0,200 $\pm$ 0,050	0,407 $\pm$ 0,079	0,093 $\pm$ 0,038	0,037 $\pm$ 0,009
IACSP 01-8112	0,370 $\pm$ 0,100	0,637 $\pm$ 0,183	0,080 $\pm$ 0,015	0,073 $\pm$ 0,015
IACSP 03-8125	0,307 $\pm$ 0,074	0,357 $\pm$ 0,039	0,110 $\pm$ 0,032	0,047 $\pm$ 0,022
IACSP 03-8189	0,247 $\pm$ 0,056	0,363 $\pm$ 0,164	0,067 $\pm$ 0,007	0,047 $\pm$ 0,003
Médias	0,263 b	0,470 A	0,079 a	0,050 b
CV = 46,86 %			CV = 43,03 %	

Tabela 23 - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) e Transpiração (E, mmol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (28/07/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 ± erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	qP		E	
	Irrigado	Sequeiro	Irrigado	Sequeiro
SP 87-365	0,223 ± 0,088	0,330 ± 0,084	3,00 ± 0,45	1,88 ± 0,12
IACSP 94-2094	0,240 ± 0,040	0,330 ± 0,064	2,22 ± 0,24	1,86 ± 0,21
IACSP 97-3391	0,090 ± 0,031	0,317 ± 0,032	1,58 ± 0,34	1,60 ± 0,21
IACSP 97-7065	0,303 ± 0,015	0,313 ± 0,029	3,02 ± 0,60	1,69 ± 0,54
IACSP 96-7586	0,187 ± 0,035	0,260 ± 0,064	2,23 ± 0,25	1,58 ± 0,10
IACSP 03-8014	0,210 ± 0,059	0,210 ± 0,066	2,79 ± 0,42	1,18 ± 0,32
IACSP 03-8022	0,317 ± 0,108	0,207 ± 0,035	2,97 ± 1,24	1,22 ± 0,13
IACSP 01-8112	0,200 ± 0,096	0,373 ± 0,104	2,55 ± 0,51	2,45 ± 0,70
IACSP 03-8125	0,203 ± 0,060	0,247 ± 0,080	3,62 ± 0,97	1,48 ± 0,62
IACSP 03-8189	0,317 ± 0,072	0,287 ± 0,030	2,21 ± 0,26	1,59 ± 0,11
Médias	0,23 b	0,295 A	2,62 a	1,65 b
CV = 47,03 %			CV = 41,21 %	

Tabela 24 - Assimilação de Carbono (P_N, μmol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 ± erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	P _N						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 01-8112	17,14	±	5,42	5,55	±	2,55	11,35	A
IACSP 03-8125	15,87	±	1,67	5,67	±	2,12	10,77	A
IACSP 03-8022	16,15	±	4,56	1,45	±	0,63	8,80	AB
IACSP 94-2094	12,81	±	2,53	4,23	±	1,27	8,52	AB
IACSP 97-7065	10,00	±	0,80	5,90	±	1,54	7,95	AB
IACSP 03-8014	14,20	±	0,17	0,67	±	0,92	7,43	AB
IACSP 96-7586	8,93	±	1,61	5,90	±	2,97	7,42	AB
IACSP 03-8189	9,09	±	2,67	4,50	±	0,87	6,80	AB
IACSP 97-3391	6,11	±	0,53	2,98	±	0,34	4,54	B
SP 87-365	8,47	±	1,62	0,60	±	1,36	4,54	B
Médias	11,88	a		3,75	b		CV = 29,03 %	

Houve diminuição significativa de mais de 50% nos valores de condutância estomática para as plantas submetidas à seca se comparadas com o controle irrigado para esta coleta, conforme observado na tabela 25. Interessantemente, para esta variável não houve variação nas médias totais dos genótipos e nas médias dos genótipos para o tratamento de seca, porém houve interação significativa para o efeito do tratamento controle sob as médias

dos genótipos, sendo que ‘IACSP 03-8022’ e ‘IACSP 01-8112’ apresentaram os maiores índices de condutância estomática para o controle irrigado, significativamente diferentes de ‘IACSP 97-3391’. É importante lembrar que maiores índices de condutância podem resultar em maiores perdas por transpiração durante a seca. Foi detectada interação significativa entre genótipos e tratamentos, onde ‘IACSP 03-8022’, ‘IACSP 01-8112’, ‘IACSP 03-8125’, ‘IACSP 03-8014’ e ‘IACSP 94-2094’ apresentaram diferença estatística para g_s , evidenciando um mecanismo mais eficiente de fechamento de estômato e consequente minimização de perda de água por transpiração do que o sensível ‘SP 87-365’ e de ‘IACSP 97-3391’, porém sem diferenças para os demais. Os outros genótipos não apresentaram variação no efeito do tratamento sobre o fechamento dos estômatos, sugerindo um mecanismo menos eficiente de percepção da seca (Tabela 25). A mesma tendência observada para a g_s foi detectada para E , com resultados similares de classificação genotípica para a resposta a esse parâmetro. Os genótipos ‘IACSP 03-8022’ e ‘IACSP 01-8112’ e ‘IACSP 03-8125’, ‘IACSP 03-8014’ e ‘IACSP 94-2094’ apresentaram diferença estatística entre os tratamentos, diferentemente dos restantes. Assim como para g_s , não foram detectadas diferenças entre as médias totais dos genótipos e as médias dos genótipos para o tratamento de seca em relação a transpiração (Tabela 26).

Tabela 25 - Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 ± erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	g _s								Médias	
	Irrigado				Sequeiro					
IACSP 03-8022	0,113	±	0,026	Aa	0,017	±	0,007	Ab	0,065	A
IACSP 01-8112	0,113	±	0,032	Aa	0,037	±	0,018	Ab	0,075	A
IACSP 03-8125	0,097	±	0,009	ABa	0,030	±	0,010	Ab	0,063	A
IACSP 03-8014	0,083	±	0,003	ABa	0,013	±	0,003	Ab	0,048	A
IACSP 94-2094	0,080	±	0,012	ABa	0,037	±	0,003	Ab	0,058	A
IACSP 97-7065	0,073	±	0,012	ABa	0,053	±	0,009	Aa	0,053	A
IACSP 96-7586	0,067	±	0,012	ABa	0,030	±	0,015	Aa	0,048	A
SP 87-365	0,057	±	0,009	ABa	0,047	±	0,009	Aa	0,052	A
IACSP 03-8189	0,057	±	0,015	ABa	0,033	±	0,009	Aa	0,045	A
IACSP 97-3391	0,040	±	0,006	Ba	0,047	±	0,012	Aa	0,043	A
Médias	0,078	a			0,034	b			CV = 42,19 %	

Tabela 26 - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	E								Médias	
	Irrigado				Sequeiro					
IACSP 03-8022	3,98	±	1,14	Aa	0,84	±	0,31	Ab	2,41	A
IACSP 01-8112	3,85	±	0,92	ABa	1,63	±	0,68	Ab	2,74	A
IACSP 03-8125	3,67	±	0,09	ABa	1,47	±	0,33	Ab	2,57	A
IACSP 03-8014	3,13	±	0,20	ABa	0,53	±	0,14	Ab	1,83	A
IACSP 94-2094	3,11	±	0,34	ABa	1,68	±	0,20	Ab	2,39	A
IACSP 97-7065	2,86	±	0,24	ABa	1,60	±	0,29	Aa	2,23	A
IACSP 96-7586	2,57	±	0,44	ABa	1,36	±	0,56	Aa	1,97	A
IACSP 03-8189	2,02	±	0,40	ABa	1,48	±	0,37	Aa	1,75	A
SP 87-365	2,00	±	0,25	ABa	2,19	±	0,42	Aa	2,10	A
IACSP 97-3391	1,59	±	0,16	Ba	2,04	±	0,58	Aa	1,81	A
	2,88	a			1,48	b			CV = 38,04 %	

O tratamento de seca foi responsável por uma redução de cerca de 40% para os valores de EUA , sendo que não houve variação entre as médias totais dos genótipos e entre as médias dos genótipos para o controle irrigado, apenas para a interação entre a resposta dos genótipos para o tratamento de seca. Nesta condição, o genótipo ‘IACSP 03-8125’ apresentou performance superior se comparado ao testado para sensibilidade ‘SP 87-365’, porém sem diferenças estatísticas para os demais genótipos (Tabela 27).

Tabela 27 - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3$ + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	EUA (P _N /E)								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 03-8125	4,31	±	0,39	Aa	3,71	±	0,89	Aa	4,01	A
IACSP 97-7065	3,50	±	0,05	Aa	3,56	±	0,34	ABa	3,53	A
IACSP 96-7586	3,47	±	0,25	Aa	3,24	±	1,32	ABa	3,36	A
IACSP 03-8189	4,39	±	0,52	Aa	3,18	±	0,28	ABa	3,79	A
IACSP 01-8112	4,21	±	0,55	Aa	3,16	±	0,64	ABa	3,69	A
IACSP 94-2094	4,05	±	0,44	Aa	2,62	±	0,79	ABa	3,34	A
IACSP 03-8022	4,04	±	0,51	Aa	2,08	±	0,94	ABb	3,06	A
IACSP 97-3391	3,87	±	0,24	Aa	1,79	±	0,60	ABb	2,83	A
IACSP 03-8014	4,59	±	0,35	Aa	0,76	±	1,28	ABb	2,68	A
SP 87-365	4,21	±	0,40	Aa	0,26	±	0,57	Bb	2,24	A
	4.06	a			2.44	b			CV = % 34,85	

Entre as medidas fotoquímicas, foram observadas variações apenas entre as médias totais dos genótipos e os tratamentos, não sendo detectada interação entre genótipos e tratamentos. Os valores da eficiência quântica potencial do FSII novamente sustentaram a hipótese de que ‘IACSP 94-2094’ apresenta um bom mecanismo de resposta e tolerância ao deficit hídrico, uma vez que este genótipo juntamente com ‘IACSP 03-8125’ foi o que apresentou médias superiores em relação aos demais (Tabela 28). Já para o coeficiente de extinção fotoquímico, que respresenta a proporção de abertura de centros de reação do FSII, houve variação apenas entre as médias totais dos genótipos, porém sem efeito entre os tratamentos ou interação. Os genótipos ‘IACSP 01-8112’ e ‘IACSP 03-8189’ foram significativamente superiores ao padrão testado para sensibilidade à seca ‘IACSP 97-7065’, o qual apresentou os valores mais baixos de qP (Tabela 29), reforçando a hipótese de que este genótipo não possui um bom mecanismo fotoquímica de dissipação de energia sob seca, consequentemente apresentando maior sensibilidade ao deficit hídrico.

Tabela 28 - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	F _v /F _m						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	0,780	±	0,012	0,760	±	0,006	0,770	A
IACSP 94-2094	0,780	±	0,006	0,757	±	0,012	0,768	A
IACSP 97-7065	0,773	±	0,022	0,707	±	0,024	0,740	AB
IACSP 03-8189	0,753	±	0,003	0,717	±	0,009	0,735	AB
IACSP 96-7586	0,800	±	0,010	0,667	±	0,020	0,733	AB
IACSP 01-8112	0,767	±	0,009	0,683	±	0,027	0,725	AB
SP 87-365	0,743	±	0,012	0,697	±	0,043	0,720	AB
IACSP 03-8022	0,753	±	0,017	0,683	±	0,018	0,718	AB
IACSP 97-3391	0,733	±	0,022	0,670	±	0,015	0,702	B
IACSP 03-8014	0,747	±	0,017	0,637	±	0,023	0,692	B
	0,763	a		0,698	b		CV = 4,43 %	

A tabela 30 mostra os valores de eficiência quântica potencial do FSII ($\Delta F/F_m'$) e da razão entre a concentração de carbono interna sob carbono atmosférico (C_i/C_a). Para ambos os parâmetros foi observado que houve variação apenas entre as médias dos tratamentos, sendo que a seca afetou negativamente $\Delta F/F_m'$, além de causar um aumento C_i/C_a , já esperado devido ao fechamento de estômatos (Tabela 25). Outros parâmetros como ETR e qN também só demonstraram variação entre as médias dos tratamentos, sem diferenças entre a

resposta dos genótipos (Tabela 31), sustentando a hipótese de que o tratamento de seca afetou negativamente o estado fisiológico das plantas.

Tabela 29 - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 $\pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	qP						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 01-8112	0,517	±	0,134	0,500	±	0,055	0,508	A
IACSP 03-8189	0,463	±	0,073	0,547	±	0,055	0,505	A
SP 87-365	0,443	±	0,105	0,550	±	0,038	0,497	AB
IACSP 97-3391	0,400	±	0,116	0,407	±	0,037	0,403	AB
IACSP 03-8014	0,350	±	0,036	0,440	±	0,150	0,395	AB
IACSP 03-8125	0,393	±	0,058	0,370	±	0,021	0,382	AB
IACSP 03-8022	0,357	±	0,027	0,377	±	0,062	0,367	AB
IACSP 96-7586	0,330	±	0,046	0,347	±	0,050	0,338	AB
IACSP 94-2094	0,277	±	0,019	0,380	±	0,066	0,328	AB
IACSP 97-7065	0,317	±	0,059	0,213	±	0,020	0,265	B
	0,385	a		0,413	a		CV = 31,04 %	

Tabela 30 - Eficiência quântica do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) e taxa de carbono interno sob carbono atmosférico (Ci/Ca $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 $\pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	$\Delta F/F_m'$			Ci/Ca		
	Irigado			Sequeiro		
IACSP 01-8112	0,190	$\pm$	0,032	0,130	$\pm$	0,000
IACSP 03-8125	0,153	$\pm$	0,027	0,090	$\pm$	0,006
IACSP 03-8022	0,157	$\pm$	0,023	0,117	$\pm$	0,009
IACSP 94-2094	0,163	$\pm$	0,022	0,107	$\pm$	0,012
IACSP 97-7065	0,153	$\pm$	0,020	0,110	$\pm$	0,026
IACSP 03-8014	0,183	$\pm$	0,018	0,087	$\pm$	0,030
IACSP 96-7586	0,207	$\pm$	0,019	0,063	$\pm$	0,007
IACSP 03-8189	0,280	$\pm$	0,075	0,143	$\pm$	0,028
IACSP 97-3391	0,227	$\pm$	0,038	0,157	$\pm$	0,023
SP 87-365	0,153	$\pm$	0,030	0,117	$\pm$	0,019
Médias	0,187	a		0,112	b	
	CV = 32,18 %			CV = 50,6 %		

Tabela 31 - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) coeficiente de extinção não fotoquímico (qN) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (28/08/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 $\pm$ erro padrão Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	ETR		qN	
	Irigado	Sequeiro	Irigado	Sequeiro
IACSP 01-8112	189,78 $\pm$ 49,68	97,04 $\pm$ 18,58	0,713 $\pm$ 0,117	0,883 $\pm$ 0,035
IACSP 03-8125	153,77 $\pm$ 26,55	105,23 $\pm$ 14,46	0,697 $\pm$ 0,007	0,783 $\pm$ 0,062
SP 87-365	129,47 $\pm$ 21,37	88,88 $\pm$ 1,10	0,697 $\pm$ 0,078	0,837 $\pm$ 0,048
IACSP 97-3391	107,02 $\pm$ 16,72	78,14 $\pm$ 6,48	0,570 $\pm$ 0,012	0,883 $\pm$ 0,015
IACSP 03-8022	141,41 $\pm$ 13,73	43,53 $\pm$ 4,13	0,757 $\pm$ 0,055	0,800 $\pm$ 0,075
IACSP 03-8014	125,14 $\pm$ 11,23	58,02 $\pm$ 21,80	NA $\pm$ NA	0,927 $\pm$ 0,019
IACSP 03-8189	102,91 $\pm$ 19,10	79,74 $\pm$ 12,40	0,563 $\pm$ 0,114	0,923 $\pm$ 0,028
IACSP 97-7065	108,11 $\pm$ 14,76	72,75 $\pm$ 8,82	0,667 $\pm$ 0,028	0,810 $\pm$ 0,006
IACSP 96-7586	103,42 $\pm$ 14,94	74,56 $\pm$ 16,89	0,653 $\pm$ 0,038	0,783 $\pm$ 0,054
IACSP 94-2094	104,74 $\pm$ 19,36	58,00 $\pm$ 3,94	0,860 $\pm$ 0,015	0,923 $\pm$ 0,012
	126,58 a	75,59 b	0,678 b	0,855 a
	CV = 32,12 %		CV = 14,64 %	

Os dados fisiológicos também foram avaliados após o recomeço das chuvas. Apesar de as chuvas reiniciarem no final de setembro (3,5 mm em 29/09/10; Estação Meteorológica de Goianésia, dados não mostrados), níveis significativos de precipitação somente ocorreram na metade do mês de outubro, atrasando a colheita do experimento e da lavoura. A última coleta (5ª coleta) foi feita após o retorno das chuvas regulares (reidratação) e ocorreu em 25/10/2010. Para esta coleta, houve variação significativa para todos os parâmetros, exceto para *qN*, sendo que a tabela 32 mostra os resultados para os níveis de fotossíntese. Não foram observadas variações para as médias totais dos genótipos, porém houve interação entre genótipos e tratamentos, sendo importante destacar que o genótipo ‘IACSP 97-3391’ apresentou maior nível de assimilação de carbono no controle irrigado, e o menor valor para o tratamento de sequeiro, evidenciando que a variação entre controle e déficit hídrico para esse genótipo é drástica, sugerindo que tal planta não possui mecanismos eficientes de resposta a seca e ajuste da fotossíntese sob estresse. Apesar de haver diferenças genotípicas entre os genótipos para cada tratamento, o foco maior deve ser dado na variação intragenotípica para os tratamentos, pois mostra se o genótipo tem a capacidade de manter níveis de fotossíntese mesmo sob condições adversas, ou nesse caso, de se recuperar da seca rapidamente após a reidratação. Nesse sentido, os genótipos testados como sensíveis ‘IACSP 97-7065’ e ‘SP 87-365’ além de ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 03-8022’ foram os únicos que apresentaram efeito do tratamento de seca sobre os níveis de fotossíntese, sendo estatisticamente diferentes dos

respectivos controles irrigados, evidenciando um efeito maior da seca na recuperação desses materiais. Houve variação também para as médias totais dos tratamentos, sendo que mesmo após o reinício das chuvas, o campo de sequeiro ainda apresentava níveis de fotossíntese cerca de 50% inferiores aos do campo irrigado, decorrentes do logo período de estiagem, do qual as chuvas ainda não haviam sido suficientes para a restabilização dos níveis normais de P_N (Tabela 32).

Tabela 32 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	P _N						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 97-7065	21,50	± 3,50	ABa	16,93	± 2,10	Ab	19,22	A
IACSP 01-8112	17,10	± 0,21	ABCa	15,13	± 2,97	ABa	16,12	A
IACSP 03-8125	15,50	± 3,86	ABCa	16,10	± 2,40	ABa	15,80	A
IACSP 97-3391	22,47	± 2,60	Aa	3,75	± 0,27	Cb	13,11	A
SP 87-365	19,90	± 3,50	ABa	6,15	± 2,48	BCb	13,02	A
IACSP 94-2094	14,40	± 1,68	ABCa	10,82	± 1,28	ABCa	12,61	A
IACSP 03-8189	9,04	± 1,39	Ca	14,02	± 2,64	ABCa	11,53	A
IACSP 96-7586	11,06	± 2,29	BCa	11,00	± 0,44	ABCa	11,03	A
IACSP 03-8022	15,73	± 0,18	ABCa	5,63	± 0,36	BCb	10,68	A
IACSP 03-8014	13,24	± 2,95	ABCa	7,30	± 1,90	ABCa	10,27	A
Médias	15,99	a		10,68	b		CV = 29,43 %	

A condutância estomática e a transpiração não apresentaram interação entre os tratamentos e genótipos, sendo detectada apenas variação entre os médias totais dos genótipos e dos tratamentos. Foi observada uma redução nos valores de g_s e de E para o campo de sequeiro, mostrando que a reidratação ainda não havia sido suficiente para restabelecimento dos valores nas condições ideia sde cultivo; enquanto que a variação entre as médias genótipos pode ser decorrente de diferenças intrínsecas dos mesmos, não relacionadas ao tratamento em si (Tabelas 33 e 34).

Já para EUA e C_i/C_a , não houve variação entre as médias totais dos genótipos e dos tratamentos, porém foi observada interação entre os fatores avaliados, de modo que os genótipos testados para tolerância apresentaram resposta intermediária para esse parâmetros. Para EUA (Tabela 35), o fato de o genótipo testado para sensibilidade ‘IACSP 97-7065’ ter apresentado os maiores índices para EUA nos dois tratamentos está associado à alta capacidade fotossintética desse genótipo, avaliado por outros estudos (Machado et al., 2009).

Considerando-se também que para essa coleta houve a reidratação do ensaio de sequeiro, os níveis de transpiração também tendem a se estabilizar (Tabela 34), e o aumento de P_N acaba resultando num consequente aumento de EUA, de acordo com o cálculo desse parâmetro (P_N/E).

Tabela 33 - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	g _s						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 01-8112	0,217	±	0,067	0,097	±	0,023	0,157	A
IACSP 97-7065	0,160	±	0,021	0,100	±	0,012	0,130	AB
IACSP 03-8125	0,117	±	0,019	0,110	±	0,010	0,113	AB
IACSP 97-3391	0,150	±	0,017	0,067	±	0,012	0,108	AB
SP 87-365	0,123	±	0,015	0,077	±	0,009	0,100	AB
IACSP 94-2094	0,117	±	0,013	0,077	±	0,018	0,097	AB
IACSP 96-7586	0,103	±	0,012	0,070	±	0,010	0,087	B
IACSP 03-8189	0,080	±	0,000	0,090	±	0,012	0,085	B
IACSP 03-8022	0,093	±	0,003	0,070	±	0,006	0,082	B
IACSP 03-8014	0,093	±	0,019	0,063	±	0,009	0,078	B
Médias	0,125	a		0,082	b		CV = 33,55 %	

Tabela 34 - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	E						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 01-8112	3,68	±	0,97	1,93	±	0,42	2,81	A
IACSP 97-7065	2,79	±	0,31	1,80	±	0,23	2,30	AB
IACSP 03-8125	2,15	±	0,33	1,99	±	0,23	2,07	AB
IACSP 97-3391	2,64	±	0,29	1,22	±	0,21	1,93	AB
SP 87-365	2,36	±	0,25	1,38	±	0,18	1,87	AB
IACSP 94-2094	2,00	±	0,19	1,55	±	0,31	1,78	AB
IACSP 03-8189	1,46	±	0,05	1,73	±	0,23	1,59	B
IACSP 96-7586	1,79	±	0,19	1,33	±	0,20	1,56	B
IACSP 03-8022	1,84	±	0,04	1,24	±	0,14	1,54	B
IACSP 03-8014	1,77	±	0,32	1,22	±	0,15	1,50	B
	2,25	a		1,54	a		CV = 29,38 %	

Tabela 35 - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	EUA (P _N /E)							Médias		
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 97-7065	7,61	±	0,42	Aa	9,45	±	0,37	Aa	8,53	A
IACSP 96-7586	6,09	±	0,92	Aa	8,52	±	0,91	ABb	7,30	A
IACSP 01-8112	5,20	±	1,05	Aa	8,16	±	1,10	ABb	6,68	A
IACSP 03-8125	6,97	±	0,82	Aa	8,02	±	0,26	ABCa	7,49	A
IACSP 03-8189	6,26	±	1,12	Aa	7,98	±	0,55	ABCa	7,12	A
IACSP 94-2094	7,18	±	0,23	Aa	7,71	±	1,87	ABCa	7,44	A
IACSP 03-8014	7,38	±	0,29	Aa	5,82	±	0,81	ABCDa	6,60	A
IACSP 03-8022	8,57	±	0,13	Aa	4,67	±	0,66	BCDb	6,62	A
SP 87-365	8,36	±	0,72	Aa	4,12	±	1,37	CDb	6,24	A
IACSP 97-3391	8,49	±	0,18	Aa	3,20	±	0,39	Db	5,84	A
CV = 20,68										
	7,21	a			6,77	a			%	

Com relação à C_i/C_a , não houve variação entre as médias totais dos genótipos e dos tratamentos, porém também foi observada interação entre os fatores avaliados, de modo que foram detectadas variações entre genótipos apenas para o tratamento de seca. Apesar de a variação inter genotípica ser importante para performance do clone, deve dar maior enfoque para as avaliações intragenotípicas, a fim de se analisar quais genótipos não apresentaram diferenças entre os tratamentos. Nesse sentido, apenas os genótipos ‘IACSP 01-8112’, ‘IACSP 96-7586’ e ‘IACSP 97-7065’ apresentaram diferenças entre o controle irrigado e a seca, mostrando que a recuperação desses genótipos após a reidratação pode ocorrer de maneira mais tardia para mais esse parâmetro (Tabela 36).

Os parâmetros fotoquímicos avaliados para essa coleta corroboram a hipótese de que o genótipo testados para tolerância ‘IACSP 94-2094’ pode ser classificado como tal, sendo que ele e ‘IACSP 96-7586’ foram significativamente superiores em relação à eficiência quântica potencial do FSII se comparados ao padrão de sensibilidade ‘IACSP 97-7065’, além de ‘IACSP 01-8112’ e ‘IACSP 03-8189’. Os demais genótipos apresentaram desempenho intermediário para esse parâmetro, sendo que para as médias totais dos tratamentos foram encontradas diferenças significativas, onde novamente o tratamento de seca causou uma redução dos valores de F_v/F_m (Tabela 37).

Tabela 36 - Taxa de Carbono interno sob Carbono atmosférico (C_i/C_a $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	C _i /C _a								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 97-3391	0,340	±	0,015	Ab	0,720	±	0,031	Aa	0,530	A
SP 87-365	0,307	±	0,055	Ab	0,660	±	0,104	ABa	0,483	A
IACSP 03-8022	0,277	±	0,017	Ab	0,610	±	0,050	ABCa	0,443	A
IACSP 03-8014	0,383	±	0,022	Aa	0,527	±	0,058	ABCDa	0,455	A
IACSP 03-8125	0,430	±	0,062	Aa	0,350	±	0,031	BCDa	0,390	A
IACSP 94-2094	0,443	±	0,018	Aa	0,327	±	0,157	CDa	0,385	A
IACSP 03-8189	0,497	±	0,077	Aa	0,320	±	0,045	CDa	0,408	A
IACSP 01-8112	0,573	±	0,088	Aa	0,303	±	0,085	CDb	0,438	A
IACSP 96-7586	0,527	±	0,064	Aa	0,290	±	0,076	Db	0,408	A
IACSP 97-7065	0,407	±	0,028	Aa	0,247	±	0,029	Db	0,327	A
	0,418	a			0,435	a			CV = 26,64 %	

Tabela 37 - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	F _v /F _m						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 94-2094	0,807	±	0,003	0,767	±	0,009	0,787	A
IACSP 96-7586	0,797	±	0,003	0,770	±	0,006	0,783	AB
IACSP 03-8125	0,783	±	0,003	0,770	±	0,015	0,777	ABC
SP 87-365	0,783	±	0,003	0,753	±	0,003	0,768	ABCD
IACSP 97-3391	0,783	±	0,003	0,740	±	0,006	0,762	ABCD
IACSP 03-8014	0,770	±	0,000	0,747	±	0,009	0,758	ABCD
IACSP 03-8022	0,750	±	0,025	0,753	±	0,009	0,752	BCD
IACSP 01-8112	0,757	±	0,013	0,743	±	0,007	0,750	CD
IACSP 97-7065	0,780	±	0,006	0,717	±	0,015	0,748	CD
IACSP 03-8189	0,743	±	0,012	0,737	±	0,009	0,740	D
	0,775	a		0,750	B		CV = 2,23 %	

Com relação à eficiência quântica efetiva do fotossistema II, foi encontrada variação entre tratamentos, sendo que mesmo após a reidratação ainda puderam ser observados valores mais baixo para o campo de sequeiro, além de ser constatada interação significativa entre tratamentos e genótipos. Não houve diferenças entre as médias dos genótipos para o tratamento de sequeiro, e mesmo com o genótipo sensível apresentando os maiores índices de

$\Delta F/Fm'$, quando se leva em consideração a interação, 'IACSP 97-7065', 'IACSP 97-3391' e 'SP 87-365' foram os únicos que apresentaram diferenças entre tratamentos, sugerindo um mecanismo menos eficiente de regulação fotoquímica em resposta a seca (Tabela 38).

Tabela 38 - Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/Fm'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	ΔF/Fm'								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 97-7065	0,383	±	0,018	Aa	0,237	±	0,013	Ab	0,310	A
IACSP 97-3391	0,373	±	0,019	Aa	0,213	±	0,003	Ab	0,293	A
SP 87-365	0,327	±	0,026	ABa	0,257	±	0,027	Ab	0,292	A
IACSP 96-7586	0,307	±	0,030	ABCa	0,243	±	0,003	Aa	0,275	A
IACSP 03-8125	0,287	±	0,044	ABCa	0,280	±	0,006	Aa	0,283	A
IACSP 94-2094	0,273	±	0,013	ABCa	0,250	±	0,010	Aa	0,262	A
IACSP 03-8022	0,270	±	0,044	ABCa	0,213	±	0,015	Aa	0,242	A
IACSP 01-8112	0,243	±	0,037	BCa	0,253	±	0,028	Aa	0,248	A
IACSP 03-8014	0,207	±	0,020	BCa	0,227	±	0,032	Aa	0,217	A
IACSP 03-8189	0,197	±	0,049	Ca	0,257	±	0,022	Aa	0,227	A
Médias	0,287	a			0,233	b			CV = 17,63 %	

A tabela 39 apresenta os valores de NPQ , os quais não apresentaram interação significativa entre os fatores avaliados. Foram detectadas diferenças apenas para as médias totais entre genótipos e entre os tratamentos, sendo observado a mesma tendência de aumento de valores de NPQ para o tratamento de seca, sugerindo que as plantas ainda estavam desidratadas (Tabela 39).

Por fim, não foram detectadas variações significativas para as médias totais dos genótipos para qP e ETR , sendo observadas diferenças para as médias dos tratamentos apenas para ETR (Tabelas 40 e 41). Para estas duas variáveis, foi observada a ocorrência de interação entre o tratamento e os genótipos, sendo que para o tratamento de sequeiro todos os genótipos apresentaram médias estatisticamente iguais, diferentemente do controle irrigado, o qual teve 'IACSP 97-7065' com os valores mais altos, evidenciando assim uma deficiência no mecanismo de resposta à seca. É importante frisar que para essas comparações, o foco deve ser novamente na variação intragenotípica, e sendo assim os genótipos testados para sensibilidade 'IACSP 97-7065', 'SP 87-365' aliados a 'IACSP 97-3391' foram os únicos que ainda apresentaram variação, mesmo após o reinício das chuvas, sugerindo que tais genótipos não possuem um bom sistema de ajuste fotoquímico para combate ao estresse.

Tabela 39 - Coeficiente de extinção não-fotoquímico (NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações entre colunas, e letras minúsculas entre linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	NPQ						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8022	1,063	±	0,122	2,080	±	0,287	1,572	A
IACSP 03-8189	1,430	±	0,211	1,427	±	0,303	1,428	AB
IACSP 96-7586	1,017	±	0,217	1,323	±	0,144	1,170	AB
IACSP 94-2094	0,820	±	0,053	1,493	±	0,342	1,157	AB
IACSP 97-7065	0,937	±	0,104	1,147	±	0,178	1,042	AB
SP 87-365	0,853	±	0,047	1,150	±	0,373	1,002	AB
IACSP 01-8112	0,697	±	0,261	1,177	±	0,105	0,937	AB
IACSP 03-8125	0,853	±	0,088	1,003	±	0,067	0,928	AB
IACSP 97-3391	0,817	±	0,128	0,900	±	0,044	0,858	B
IACSP 03-8014	0,483	±	0,064	1,210	±	0,161	0,847	B
	0,897	b		1,291	a		CV = 30,55 %	

Foram coletadas amostras vegetais (folhas de cana) de todas as coletas discutidas anteriormente, para realização de análises moleculares descritas mais adiante no trabalho. Também foram coletadas amostras vegetais durante o período de reidratação, para realização de posteriores análises moleculares de recuperação de genótipos de cana-de-açúcar expostos ao déficit hídrico. Logo após as aferições fisiológicas, os ensaios dos campos irrigado e sequeiro foram colhidos, pesados e analisados tecnologicamente (Figura 11 a 14), para serem processados pela usina, uma vez que esta utilizou o material experimental como parte de sua produção anual corriqueira (Jalles Machado, outubro de 2010).

De modo geral, os valores de assimilação de CO_2 (P_N) foram afetados negativamente pelo déficit hídrico a partir da segunda coleta (Tabelas 16, 21 e 24), sendo que os valores médios de P_N observados para o controle irrigado mantiveram-se relativamente constantes durante as coletas (9,2; 13,37 e 11,88 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para a 1ª, 2ª e 3ª coleta respectivamente), enquanto que os valores médios para o tratamento de seca foram sendo gradativamente reduzidos (6,81; 5,63 e 3,75 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para a 1ª, 2ª e 3ª coleta respectivamente). Já a reidratação elevou os valores de P_N do tratamento de sequeiro, porém eles ainda eram significativamente menores do que os valores aferidos para o controle (15,99 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para o irrigado e 10,68 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para o sequeiro, Tabela 32). Alguns materiais foram mais afetados pela seca, tais como 'IACSP 03-8022', 'IACSP 03-8014' e 'SP 87-365' os quais apresentaram as maiores variações para os valores de de assimilação de CO_2 quando comparados os campos de sequeiro e irrigado dentro dos genótipos (Tabelas 21, 24 e 32). Já

os genótipos que apresentaram menor variação entre os tratamentos para esta variável em todas as coletas em geral foram 'IACSP 03-8125', 'IACSP 03-8189' e 'IACSP 94-2094'.

Tabela 40 - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 + erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	ETR								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 97-7065	195,42	±	10,02	Aa	121,15	±	5,97	Ab	158,29	A
IACSP 97-3391	189,50	±	9,17	Aa	107,27	±	1,33	Ab	148,38	A
SP 87-365	167,03	±	12,61	Aba	130,91	±	14,10	Ab	148,97	A
IACSP 96-7586	155,63	±	15,81	ABCa	124,16	±	22,35	Aa	139,89	A
IACSP 03-8125	146,61	±	22,47	ABCa	143,25	±	2,22	Aa	144,93	A
IACSP 94-2094	138,84	±	6,17	ABCa	77,40	±	5,77	Ab	108,12	A
IACSP 03-8022	138,24	±	22,28	ABCa	108,63	±	7,83	Aa	123,44	A
IACSP 01-8112	122,96	±	18,60	BCa	128,89	±	13,64	Aa	125,93	A
IACSP 03-8014	104,19	±	10,01	BCa	113,23	±	16,43	Aa	108,71	A
IACSP 03-8189	99,46	±	25,17	Ca	129,65	±	11,51	Aa	114,56	A
	145,79	A			118,45	b			CV = 17,69 %	

Tabela 41 - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quinta coleta (25/10/2010) em ensaio de campo em Goianésia, GO (n=3 ± erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	qP								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 97-7065	0,633	±	0,012	Aa	0,383	±	0,071	Ab	0,508	A
IACSP 97-3391	0,610	±	0,040	Aba	0,397	±	0,037	Ab	0,503	A
SP 87-365	0,537	±	0,052	Aba	0,483	±	0,055	Aa	0,510	A
IACSP 96-7586	0,480	±	0,036	ABCa	0,417	±	0,013	Aa	0,448	A
IACSP 03-8022	0,477	±	0,071	ABCa	0,507	±	0,019	Aa	0,492	A
IACSP 03-8125	0,467	±	0,069	ABCa	0,473	±	0,013	Aa	0,470	A
IACSP 94-2094	0,447	±	0,037	ABCa	0,307	±	0,028	Ab	0,377	A
IACSP 03-8189	0,430	±	0,058	ABCa	0,510	±	0,032	Aa	0,470	A
IACSP 01-8112	0,417	±	0,075	BCa	0,470	±	0,038	Aa	0,443	A
IACSP 03-8014	0,303	±	0,029	Ca	0,413	±	0,038	Aa	0,358	A
	0.480	a			0.436	a			CV = 17,25 %	

A condutância estomática só foi afetada a partir da terceira coleta, mostrando que no campo a resposta das plantas à condição de deficit hídrico é mais lenta, pelo fato de o estabelecimento do estresse ocorrer de forma mais lenta e gradativa. Foram detectadas variações significativas para g_s entre os tratamentos da terceira coleta (Tabela 22) em diante, sendo que na quarta coleta (Tabela 25) além da variação significativa entre tratamentos foi detectada também interação genótipo $\times$ tratamento, onde os genótipos ‘IACSP03-8022’, ‘IACSP 01-8112’, ‘IACSP 03-8125’, ‘IACSP 03-8014’ e ‘IACSP 94-2094’ foram os únicos que responderam ao tratamento de seca, fechando os estômatos. As médias dos demais genótipos não apresentaram variação, demonstrando que eles não possuem um mecanismo bem regulado para o fechamento de estômatos. Quando a disponibilidade hídrica voltou a ser adequada para o campo de sequeiro, não foi observada a interação entre os fatores avaliados, porém ainda houve diferença para os tratamentos, sendo que as plantas de sequeiro não conseguiram recuperar os níveis de condutância observados para o controle nesta coleta (Tabela 33). O mesmo padrão pode ser observado para E , sendo detectadas influência negativa do tratamento de seca a partir da terceira coleta, onde houve uma redução gradual dos valores de E entre a terceira e quarta coleta para o tratamento sequeiro (1,65 e 1,48 mmol m⁻² s⁻¹ respectivamente), voltando a subir após o reinício das chuvas, porém não o suficiente para equiparar os valores observados para o controle (Tabela 34). Essa resposta é esperada em plantas submetidas à deficiência hídrica, sendo considerada uma das estratégias para impedir a desidratação excessiva das folhas (INMAN-BAMBER & SMITH 2005). É interessante observar que genótipos testados para sensibilidade como ‘IACSP97-3391’, ‘IACSP 97-7065’ e ‘SP 87-365’ apresentaram os maiores níveis de condutância estomática e transpiração para o tratamento de sequeiro na quarta coleta, e foram severamente afetado na assimilação de CO₂ sob condições de deficit hídrico (Tabelas 24, 25 e 26), mostrando que a perda de água por transpiração não compensa a entrada de CO₂ com os estômatos abertos. A redução de P_N conjuntamente com a redução de g_s indica uma inibição difusiva, ou seja, menor absorção e menor difusão de carbono entre as células da folha. Segundo KAISER (1987), o deficit hídrico pode causar inibição da fotossíntese em plantas C₄, sobretudo em razão da maior resistência difusiva a entrada do CO₂. Esses eventos resultam da perda de turgor das células-guarda do estômato, seguida pelo fechamento dos estômatos (Silva et al., 2007).

Ainda com relação as trocas gasosas, avaliando-se a EUA pode-se notar que desde a segunda coleta já foram observadas diferenças entre tratamentos e genótipos, com ‘IACSP97-3391’, e ‘SP 87-365’ apresentando as maiores variações intragenotípicas entre tratamentos

(Tabela 17). O déficit hídrico foi responsável pela diminuição dos valores de *EUA* até o período de máximo estresse, sendo que após o reinício das chuvas não foram detectadas mais variações entre os tratamentos, mostrando que esse parâmetro responde rapidamente às mudanças no ambiente. Não houve grandes diferenças para o comportamento dos genótipos para a resposta à esse parâmetro, sendo que de maneira geral todos eles foram afetados negativamente pela seca, especialmente durante o máximo estresse (Tabela 27). Porém, após a reidratação, houve interação entre a resposta dos genótipos para o tratamento, mostrando que a recuperação dos genótipos após período de déficit hídrico acentuado ocorre de maneira diferente, com ‘IACSP 97-7065’, ‘IACSP 96-7586’ e IACPSP 01-8112’ apresentando valores significativamente superiores à ‘SP 87-365’ e ‘IACPSP 97-3391’, porém sem diferenças aos demais. O genótipo ‘IACPSP 97-3391’ apresentou os menores índices de *EUA* para o tratamento de seca, além de uma das maiores variações intragenotípicas, mostrando que esse genótipo apresenta uma resposta tardia ao restabelecimento das condições hídrica ideais (Tabela 35).

A avaliação da variação na razão entre o carbono intercelular e o carbono atmosférico é útil na medida que pode ser entendida como a maneira em que o genótipo está utilizando o carbono disponível no espaço intercelular após o fechamento dos estômatos. Assim, menores medidas de C_i/C_a representam que o carbono interno disponível está sendo consumido para fotossíntese, o que de certa maneira pode ser vantajoso no curto prazo, para manutenção dos níveis normais de fotossíntese, porém em períodos de seca prolongado pode acarretar no uso do carbono intercelular disponível durante o início do período de estresse, e ao final da disponibilidade desse carbono interno os níveis de fotossíntese podem cair bruscamente (MCCORMICK, CRAMER & WATT, 2008). O tratamento de seca foi responsável por aumentar os valores de C_i/C_a já a partir da segunda coleta (Tabela 18), onde foram detectadas diferenças para os tratamentos e entre as médias gerais dos genótipos, onde o genótipo testado para sensibilidade apresentou os menores valores, indicando que todo o carbono intercelular estava sendo ativamente utilizado para manter os altos índices de fotossíntese observados para esse genótipo nessa coleta (Tabela 16). Para a terceira e quarta coletas foram observadas apenas diferenças entre tratamentos, onde a seca foi responsável por aumentar a razão C_i/C_a como esperado (Tabelas 22 e 30), enquanto que após o reinício das chuvas houve interação da resposta dos genótipos aos tratamentos, não havendo diferenças entre as médias gerais dos tratamentos, apenas dentro dos mesmos, sendo que o genótipo tolerante ‘IACSP 94-2094’ não apresentou variação intragenotípica, ao contrário do sensível

‘IACSP 97-7065’, o qual variou significativamente entre tratamentos, mostrando um mecanismo mais lento e ineficaz de resposta à reidratação (Tabela 36).

A habilidade de manter a alta eficiência quântica potencial do fotossistema II (F_v/F_m) sob condições de estresse hídrico pode ser um indicativo de uma melhor eficiência no uso da radiação para assimilação do carbono (SILVA et al., 2007). Houve redução dos valores de F_v/F_m entre as plantas-controle se comparadas aquelas submetidas sob deficit hídrico na avaliação feita na durante a segunda, quarta e quinta coletas (Tabelas 19, 28 e 37, respectivamente). Para as três coletas, o genótipo ‘IACP 94-2094’ apresentou os maiores valores de F_v/F_m , evidenciando um melhor mecanismo de uso da radiação luminosa captada pelo fotossistema II. Na segunda coleta, ‘IACP 94-2094’ e ‘IACSP 03-825’ apresentaram médias totais significativamente superiores aos sensíveis ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 97-7065’, enquanto que na quarta coleta aqueles mesmos dois genótipos apresentaram valores superiores à ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 03-8014’, sem diferenças para os demais. Ainda, a interação entre genótipos e tratamentos observada para a segunda coleta nos permite concluir que apenas ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 97-7065’ apresentaram variações intragenotípicas, mostrando que além de apresentarem os menores valores entre as médias totais dos genótipos, tais materiais também são classificados negativamente se comparada a resposta intragenotípica deles para o tratamento. Com relação à última coleta, realizada após a reidratação, os mesmos dois genótipos apresentaram as melhores performances, com valores significativamente superiores à ‘IACSP 01-8112’, ‘IACSP 97-7065’ e ‘IACSP 03-8189’, sugerindo que esse últimos sejam materiais mais sensíveis ao deficit hídrico para essa característica (Tabela 37). Por outro lado, os genótipos ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP03-8125’ apresentaram os maiores valores gerais e as menores reduções intragenotípicas para a eficiência quântica potencial do fotossistema II entre tratamentos, corroborando a hipótese de esses materiais serem mais tolerantes ao deficit hídrico. Diferenças significativas para eficiência quântica potencial do fotossistema II entre controle e seca também foram observadas para ‘IACSP 94-2094’ em casa de vegetação por MACHADO (2009).

A eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m$) apresentou variação apenas para a primeira, quarta e quinta coletas (Tabelas 14, 30 e 38, respectivamente). As diferenças observadas durante a primeira coleta podem ter sido decorrentes da seca precoce decorrente do início do período de seca anteriormente ao previsto para a região (Figura 3), sendo que o tratamento de seca apresentou valores superiores aos do controle irrigado, o qual não havia sido irrigado até então. Tal fato é inverso ao esperado, sendo que geralmente a seca afeta negativamente os valores de $\Delta F/F_m$ (ROHÁCEK, 2002), conforme ocorrido para a quarta e

quinta coleta, e mostra que a resposta dos genótipos para essas condições foram aleatórias, e não decorrentes do tratamento. Para a quarta coleta foi possível observar variação apenas entre tratamentos, mas após a reidratação houve interação da resposta de genótipos aos tratamentos, sendo que novamente os sensíveis ‘IACSP 97-3391’, ‘SP 87-365’ e ‘IACSP 97-7065’ foram os únicos que apresentaram variação intragenotípica significativa, com as plantas de sequeiro apresentando valores inferiores às do controle irrigado, evidenciando que esses genótipos carecem de um mecanismo de ajuste fotoquímico eficiente para a resposta à seca.

A mesma variação inesperada observada na primeira coleta para $\Delta F/F_M$ ocorreu para o transporte aparente de elétrons (*ETR*), sendo que as plantas do ensaio de sequeiro apresentaram valores mais altos de *ETR* do que as plantas do controle irrigado (Tabela 15). Não foram observadas diferenças para a segunda e terceira coletas, e para a quarta coleta (máximo estresse) os valores de *ETR* foram afetados negativamente pelo déficit hídrico (Tabela 31), como era esperado. Essa influência negativa da seca nos valores de *ETR* foi observada ainda após a reidratação, uma vez que as médias totais do tratamento de seca foram significativamente inferiores às do irrigado (Tabela 40). Ainda, houve interação entre os fatores para essa última coleta, sendo que apesar de apresentarem médias superiores de *ETR* quando em condições de boa disponibilidade hídrica, os genótipos sensíveis ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 97-7065’ foram os únicos que apresentaram variação significativa entre tratamentos ainda para esta coleta, evidenciando uma recuperação mais lenta desses genótipos quanto a esse parâmetro.

Os coeficientes de extinção fotoquímicos e não fotoquímicos mostram o quanto de energia luminosa está sendo dissipada para a fluorescência da clorofila (*qP*) ou na forma de calor (*qN* e *NPQ*) (MAXWELL & JOHNSON, 2000). Os coeficientes de extinção não-fotoquímica da fluorescência (*NPQ* e *qN*) foram afetados pela seca no sentido de causar um aumento em seus valores já na segunda coleta (Tabela 20), sugerindo que a energia luminosa estava sendo direcionada para outros processos que não a fotossíntese. Tal aumento é esperado, indicando um aumento no gradiente do potencial eletroquímico nas membranas dos tilacóides levando a um aumento da extinção não fotoquímica da fluorescência. Esses parâmetros não puderam ser mensurados para a terceira coleta, já que as medidas de escuro não foram realizadas, e para a quarta coleta, apesar de *NPQ* ter apresentado variação significativa, o parâmetro foi desconsiderado devido ao alto CV da análise estatística (superior a 70%), enquanto que para *qN* houve apenas variação entre tratamentos, com destaque para um aumento significativo da média do tratamento de seca em comparação ao irrigado, conforme esperado. Novamente, o genótipo sensível ‘IACSP 97-7065’ e ‘IACSP

97-3391' foram os únicos que apresentaram variação significativa entre tratamentos ainda para esta coleta, evidenciando uma recuperação mais lenta desses genótipos quanto a esse parâmetro.

A resposta das plantas ao deficit hídrico pode ocorrer de maneira regulada, através de alterações em mecanismos fisiológicos e bioquímicos, os quais por sua vez são controlados por mecanismos moleculares e regulação da expressão gênica (SEKI et al., 2007; MILLER et al., 2010). Através da avaliação dos parâmetros fisiológicos foi possível verificar as adaptações fisiológicas em diferentes genótipos de cana-de-açúcar cultivados para duas condições contrastantes de disponibilidade hídrica, sendo que os parâmetros de troca gasosa assimilação de CO_2 (P_N), transpiração (E) e condutância estomática (g_S), foram afetados negativamente pela falta de água, onde houve diminuição dos valores para esses parâmetros em todas as variedades analisadas. Essa redução nos valores de P_N , E e g_S em plantas submetidas ao deficit hídrico também foi observada em outros trabalhos com cana-de-açúcar (BASRA; AHMAD; KHALIQT, 1999; MACHADO, 2009; PEDROZO et al., 2010), demonstrando que esses parâmetros fisiológicos são significativamente influenciados pelo déficit hídrico.

O fechamento dos estômatos derivado da perda de turgor das células-guarda é uma das respostas iniciais esperadas em plantas submetidas à deficiência hídrica (SILVA et al., 2007), e conforme citado anteriormente é uma estratégia eficaz para impedir a desidratação excessiva das folhas a partir da perda de água pela transpiração, mas resulta também na redução da assimilação de CO_2 (INMAN-BAMBER; SMITH, 2005; SALIENDRA et al., 1996). O genótipo testado como padrão de tolerância 'IACSP94-2094' apresentou fechamento estomático significativo na comparação entre os tratamentos, diferentemente de 'IACSP97-7065', o qual manteve os estômatos abertos mesmo com baixa disponibilidade hídrica, indicando que esse genótipo possui um mecanismo diferenciado de tolerância ao estresse hídrico, característica também observada por MACHADO (2009) para as mesmas cultivares.

Para ser considerada como tolerante ao deficit hídrico, um genótipo deve demonstrar a presença de mecanismos de manutenção das funções da planta sob condições de disponibilidade de água limitadas, além de uma rápida recuperação do status hídrico na planta após o período de estresse e ou reidratação. Um dos fatores que contribuem para a tolerância é capacidade de manter ou reduzir gradualmente a absorção de CO_2 com baixa condutância estomática (CHAVES; MAROCO; PEREIRA, 2003), sem variações bruscas entre esses dois parâmetros, características observadas para 'IACSP94-2094'. O parâmetro EUA fornece um indicativo da quantidade de carbono assimilada em relação a quantidade de água perdida pela transpiração, e dessa forma podemos considerar que 'IACSP94-2094' demonstra ser tolerante

à seca por ser capaz de manter níveis relativamente constantes de *EUA* mesmo quando submetida a períodos longos de estiagem.

O acúmulo de matéria seca e a transpiração estão correlacionados uma vez que ambos dependem das trocas gasosas através dos estômatos. Dessa forma, as plantas tendem a equilibrar a necessidade de conservar água e assimilar CO_2 usando controles na área foliar, difusão de CO_2 e vapor de água através do estômato (INMAN-BAMBER; SMITH, 2005). Isso pode ser observado através da análise de produtividade realizada no experimento de campo. No primeiro ano de experimento (cana 'planta'), o genótipo tolerante não apresentou taxas maiores de produção em nenhum dos tratamentos, sendo que 'SP87-365' apresentou os maiores valores de produtividade. Entretanto, no ensaio de cana-soca, as cultivares testadas como padrões para tolerância e sensibilidade se comportaram da forma esperada, ou seja, 'IACSP94-2094' apresentou maior produtividade em condições de déficit hídrico, significativamente superior à 'IACSP97-7065' (Figura 14), confirmando a escolha prévia desses padrões com base em caracteres de tolerância relevantes para o melhoramento.

Esses resultados reforçam estudos anteriores que determinaram que requerimentos sazonais de água para cana-de-açúcar derivam principalmente da relação entre produção de açúcar e uso da água através da transpiração e evaporação de água do solo, as quais são dependentes da relação genótipo-ambiente (CHAVES, 1991). A recuperação do crescimento vegetal depois da reidratação foi previamente descrita (XU; ZHOU; SHIMIZU, 2009), entretanto, algumas plantas quando submetidas a seca prolongada ou severa podem não alcançar o nível do tratamento controle com a reidratação dependendo do período e intensidade da seca. Nos resultados dos experimentos após a reidratação foi observada a recuperação de alguns dos genótipos ou pelo menos a resposta deles à reidratação, porém algumas vezes não sendo significativas para restabelecer os valores observados para o controle irrigado. Resultados semelhantes foram encontrados por MACHADO (2009) e PEDROZO (2010), onde as plantas de cana-de-açúcar estressadas conseguiram recuperar os valores das plantas controle para esses parâmetros, comprovando a rápida resposta e recuperação da cana-de-açúcar após a o restabelecimento das boas condições hídricas.

O FSII é considerado uma das partes do aparato fotossintético mais vulneráveis a danos causados pelo excesso de energia luminosa, e sendo assim, as plantas podem sofrer danos fotoquímicos quando expostas a seca devido ao excesso de luminosidade, causando fotoinibição (LONG; HUMPHRIES; FALKOWSKI, 1994), a qual pode ter função de proteção, dissipando o excesso de energia luminosa na forma de calor ou de fluorescência da clorofila, minimizando assim o dano ao aparato fotossintético em condições estressantes

(BISWAL; BISWAL, 1999). Os valores relacionados a fase fotoquímica diminuíram significativamente para todas as cultivares (F_v/F_m e $\Delta F/F_m'$), indicando a presença de fotoinibição sob seca. O transporte aparente de elétrons (ETR) apresentou redução significativa para todos os genótipos durante a seca máxima (Tabela 31), enquanto que os valores dos coeficientes de extinção não-fotoquímicos da fluorescência (qN e NPQ) aumentaram sob seca (Tabelas 20 e 31), indicando que a energia fotoquímica foi em grande parte perdida através de calor. Em resumo a análise da atividade fotoquímica sugere que os valores de eficiência quântica potencial do fotossistema II (F_v/F_m) associados à perda da energia em forma de calor (NPQ e qN) para 'IACSP94-2094' indicam a presença de um mecanismo de fotoproteção eficiente nessa variedade durante o déficit hídrico, reduzindo a atividade fotoquímica para evitar danos no aparato fotossintético. Já 'IACSP97-7065' sofre redução significativa em F_v/F_m , o que indica um alto uso da radiação solar nesse genótipo, e consequente maior exposição aos danos causados pelo excesso de luminosidade durante a seca. Durante a reidratação, foi observado que os genótipos de cana-de-açúcar recuperaram os valores das medidas de fluorescência para este experimento em condições de campo (PEDROZO, 2010; MACHADO, 2009; INMAN-BAMBER, 1995), demonstrando a plasticidade dos genótipos de cana-de-açúcar em responder às mudanças nas condições hídricas (PEDROZO, 2010).

Para 2011, foi observado que a deficiência hídrica reduziu as trocas gasosas foliares das cultivares avaliadas levando a decréscimos na fotossíntese (P_N), na transpiração (E) e na condutância estomática (g_s) (dados não mostrados). A quantidade de carbono assimilada (P_N) por unidade de água perdida através da transpiração (E), relacionada por meio do cálculo da eficiência do uso da água (EUA , P_N/E) também foi avaliada para todas as cultivares nesse segundo ano do experimento.

Em 2010, os dados de EUA referentes as cultivares consideradas padrões demonstraram diferenças significativa para todas as coletas, a partir da segunda, para o tratamento de sequeiro em relação ao controle irrigado, e para as coletas de máximo estresse e reidratação foi detectada interação da resposta dos genótipos e tratamentos. (Tabelas 27 e 35). Por outro lado, durante o segundo ano de experimento, em ambas as condições de disponibilidade de água, a cultivar considerada tolerante, 'IACSP94-2094' se destacou em relação às outras cultivares analisadas, apresentando EUA mais elevado sob estresse de seca quando comparada ao tratamento irrigado (Figura 18). Já para 'SP87-365', genótipo que apresentou a maior produtividade sob déficit hídrico no primeiro ano de experimento, era esperado que apresentasse valores elevados de EUA ; entretanto esse genótipo apresentou

valores reduzidos de *EUA* para o tratamento de seca durante o primeiro ano, e no segundo ano os valores foram os mais baixos se comparados às outras cultivares desde o início do déficit hídrico (Figura 18). Esses resultados indicam a importância de considerar o estágio de desenvolvimento das plantas, e mostram que existem grandes diferenças nas características fisiológicas de cana-de-açúcar quando se compara cana-planta e cana-soca. Já a cultivar ‘IACSP97-7065’ não apresentou diferenças significativas entre os tratamentos nos valores de *EUA* durante os dois anos de experimento, embora tenha apresentado reduções significativas em P_N nas condições de máximo estresse. Durante o período de reidratação do segundo ano, todos os genótipos demonstraram recuperação para *EUA* entre as plantas submetidas ao déficit hídrico para valores próximos aos das plantas irrigadas (Figura 18), sendo que para o primeiro ano ‘SP87-365’, ‘IACSP03-8022’ e ‘IACSP97-3391’ não alcançaram os valores de *EUA* das plantas irrigadas.

Figura 18 - Eficiência do uso da água ($EUA = P_N / E$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (controle, barras negras) ou submetidos ao déficit hídrico (barras cinza) pela suspensão da rega em ensaio de campo em 2011, para as quatro coletas realizadas ($n=3 \pm$ erro padrão). Os números de 1 a 4 referem-se às quatro coletas realizadas

A redução de P_N conjuntamente com a redução de g_s indica uma inibição difusiva, ou seja, menor absorção e menor difusão de carbono entre as células da folha. Essa resposta foi

detectada em praticamente todas as cultivares quando submetidas ao estresse por seca, reduzindo significativamente os valores de g_s se comparadas aos mesmos genótipos irrigados (Figura 19). Entretanto, durante o segundo ano do ensaio, as cultivares ‘IAC SP97-3391’, ‘IACSP 97-7065’ e ‘SP87-365’ não sofreram alteração em g_s entre os tratamentos irrigado/seca, e consequentemente não apresentaram diminuição na taxa de transpiração, indicando possivelmente maior consumo de água. Por outro lado, as cultivares ‘IACSP94-2094’, ‘IACSP03-8014’ e ‘IACSP03-8125’ no segundo ano, fecharam os estômatos antecipadamente quando sob deficit hídrico, se comparadas aos demais genótipos (Figura 19), diminuindo significativamente a transpiração, o que se refletiu nos valores de EUA (Figura 18).

Figura 19 - Condutância estomática (g_s) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (controle, barras negras) ou submetidos ao déficit hídrico (barras cinza) pela suspensão da rega em ensaio de campo em 2011 ($n=3 \pm$ erro padrão). Os números de 1 a 4 referem-se às quatro coletas realizadas

Sob o ponto de vista de produtividade e parâmetros fisiológicos, foi possível classificar os 10 cultivares testados em termos de resposta ao deficit hídrico. Dois genótipos apresentaram maiores evidências de tolerância a seca baseado nos parâmetros fisiológicos, enquanto que os oito restantes apresentaram comportamento de materiais intermediários ou sensíveis quanto à resposta ao deficit hídrico, sendo possível dividi-los em três grupos. O grupo dos materiais mais tolerantes à seca inclui o genótipo testado pela hipótese desse

trabalho ‘IACSP 94-2094’, além de ‘IACSP 03-8125’, os quais apresentaram baixa redução de produtividade além de altos níveis de *EUA* e *Fv/Fm* sob deficit hídrico. O segundo grupo inclui os genótipos que apresentaram redução de rendimento sob condições de deficit hídrico em relação ao controle (Figura 14). Esse grupo foi formado pelos genótipos mais sensíveis à seca, incluindo ‘IACSP 97-7065’, ‘IACSP03-8022’, ‘IACSP03-8014’, e ‘IACSP97-3391’. O terceiro grupo seria de materiais de comportamento intermediário, onde estão inseridos os demais genótipos, como ‘IACSP 96-7586’, ‘IACSP 01-8112’, ‘SP87-365’ e ‘IACSP03-8189’, os quais não apresentam perdas drásticas na produtividade quando submetidos a seca, assim como não apresentaram aumento na *EUA* nessa condição quando comparada ao controle.

3.3 Indução de deficit hídrico por suspensão de irrigação em casa de vegetação

Este ensaio teve como objetivo testar a hipótese sobre o comportamento dos materiais no sentido de tolerância a seca, e se o mecanismo que confere a tolerância provém de modificações morfológicas ou adaptação dos processos fotoquímicos. Além de avaliar o grau de tolerância e sensibilidade proposta para os genótipos avaliados, este ensaio também serviu como base de comparação entre metodologias de casa de vegetação e campo, uma vez que foram avaliados os mesmos parâmetros fisiológicos e os mesmos genótipos cultivados em campo descritos para o experimento anterior, porém agora mantidos em condições controladas de deficit hídrico induzido em casa de vegetação por suspensão de irrigação. Ainda, foram obtidas amostras de material vegetal para análises de expressão gênica via RNAseq, para comparação dos resultados moleculares do experimento de campo, avaliado através de microarranjos. O experimento foi instalado em 23/11/2009 na Fazenda Santa Elisa do IAC em Campinas, de maneira que as plantas estariam com cerca de 7 meses quando da imposição do deficit hídrico pela suspensão da irrigação, similarmente à situação do experimento de campo. A condução do ensaio e as avaliações fisiológicas ficaram sob responsabilidade dos pesquisadores do Centro de Fisiologia do IAC de Campinas, sendo que nosso grupo foi responsável pelas coletas de material vegetal e análises moleculares. Durante o período experimental, a temperatura média do ar foi de 19,7°C (máxima de 40,7°C e mínima de 4,1°C), a temperatura do solo com rega (controle) de 22,3°C (máxima de 34,3°C e mínima de 12,6°C) e a do solo sem rega (deficit hídrico) de 23,6°C (máxima de 33,5°C e mínima de 7,8°C). A suspensão da irrigação foi iniciada em 14/06/2010. O período de suspensão da rega foi acompanhado pela avaliação dos mesmos parâmetros fotoquímicos e de trocas gasosas

avaliados para o experimento de campo, num total de 11 variáveis estudadas, sendo monitoradas a cada 5 dias anteriormente ao período de suspensão de irrigação, e de dois em dois dias durante a seca, finalizando quando os valores de assimilação de CO₂ foram nulos. O período de condução do experimento (novembro 2009 a outubro 2010) foi concomitante ao experimento de seca em campo (outubro de 2009 a outubro de 2010), assim como as coletas de material vegetal, visando minizar erros experimentais.

Durante as coletas foram obtidas amostras do tecido foliar (primeira folha totalmente expandida) dos mesmos quatro genótipos definidos como padrões para o teste da hipótese de tolerância e sensibilidade no experimento de campo, sendo os tolerantes 'IAC SP 94-2094' e 'IAC SP 96-7586' e os sensíveis 'IAC SP 97-7065' e 'SP 87-365', com 3 repetições para cada genótipo em cada tratamento (controle irrigado ou seca). A primeira coleta foi realizada em 21/05/2010, antes de as plantas serem submetidas à suspensão da irrigação, portanto em condições ótimas de desenvolvimento. Na primeira coleta, foram amostradas apenas folhas de plantas irrigadas, sendo que a irrigação ainda não havia sido suspensa. Cada parcela era composta de 3 plantas/colmos de cana, sendo coletada sempre a folha totalmente expandidas de um dos três colmos da parcela. A segunda coleta (estresse inicial ou deficit hídrico moderado) foi realizada em 29/06/2010, 15 dias após o início da suspensão da irrigação; sendo que essa coleta foi definida logo após os parâmetros fisiológicos (avaliados a cada dois dias a partir da imposição do tratamento) demonstrarem indícios de que as plantas estavam sentindo o efeito do tratamento, seja pela diminuição nos níveis de trocas gasosas ou dos níveis de fotossíntese. Foram coletadas amostras dos 4 genótipos em 3 blocos/rep para cada genótipo, para ambos os ensaio de seca e irrigado. A terceira coleta (máximo estresse ou deficit hídrico severo) foi realizada em 05/07/2010, quando os níveis de fotossíntese atingiram valores nulos em praticamente todos os genótipos avaliados. Novamente, foram coletadas amostras vegetais dos 4 genótipos selecionados, similarmente às coletas anteriores. A quarta e derradeira coleta foi realizada em 13/07/06, uma semana após a reidratação do experimento, ocorrida em 06/07/10 através da rega dos ensaios de seca. Foram coletadas amostras no mesmo esquema das coletas anteriores para os genótipos 'IAC SP 94-2094', 'IAC SP 96-7586', 'IAC SP 97-7065' e 'SP 87-365', sendo 3 blocos/rep para cada genótipo submetido aos diferentes tratamentos.

Apesar de terem sido realizadas diversas aferições dos parâmetros fisiológicos no decorrer do experimento, serão mostrados neste trabalho apenas as avaliações conduzidas nos mesmos períodos de coleta de material vegetal, para todos os dez genótipos ('IACSP03-8189', 'IACSP96-7586', 'IACSP97-3391', 'IACSP94-2094', 'IACSP03-8125', 'IACSP01-8112',

‘IACSP03-8022’, ‘IACSP03-8014’, ‘IACSP97-7065’ e ‘SP87-365’). Contudo, para o potencial hídrico, foram avaliados apenas três dos quatro genótipos pré-definidos como sensíveis ou tolerantes. De maneira geral os três foram afetados pelo déficit hídrico, apresentando decréscimo expressivo no potencial da água na folha (ψ) no decorrer do período de seca (Figura 20). A cultivar tolerante ‘IACSP 94-2094’ sofreu redução significativa nos valores de ψ aos 15 dias de suspensão da irrigação quando comparado ao tratamento controle, mantendo esses valores durante todo o período de seca, sugerindo uma resposta no sentido de equilibrar e manter o potencial hídrico durante o período de estresse (Figura 20). Por outro lado, ‘SP87-365’ teve leve redução no potencial aos 15 dias, que se manteve até cerca de 19 dias, quando houve um maior decréscimo no potencial de água. Já ‘IACSP97-7065’ não apresentou alteração nos valores de ψ nos primeiros 15 dias de suspensão da irrigação, sofrendo redução drástica no ψ após 17 dias de tratamento, com valores mantidos até os 21 dias de seca, sugerindo que esse genótipo possivelmente demoraria mais para sentir os baixos níveis de potencial hídrico mantendo os processos celulares próximo dos níveis normais, tardando a ajustar seu potencial e, por consequência, sofrendo uma variação mais drástica durante a seca mais prolongada (Figura 20).

Figura 20 - Potencial hídrico em MPa de folhas de ensaio em casa de vegetação para três genótipos contrastantes para resposta ao déficit hídrico. Valores de barras indicam média $n=3$. Preto - controle, cinza - déficit hídrico

Conforme citado anteriormente, foram avaliados os mesmo 11 parâmetros fisiológicos mensurados no experimento de campo, relacionados às trocas gasosas tais como assimilação de CO_2 (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), a razão entre a concentração intercelular e a concentração atmosférica de CO_2 (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$), a eficiência do uso da água ($EUA = P_N/E$); e relacionados à fase fotoquímica como eficiência quântica potencial do FSII (F_v/F_m), eficiência quântica efetiva do FSII ($\Delta F/F_m'$), coeficiente de extinção fotoquímico (qP) e não-fotoquímicos (NPQ e qN) e taxa de transporte de elétrons (ETR , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) (ROHÁCEK, 2002).

Para a primeira coleta, realizada em 21/05/2010 e portanto anterior à suspensão da irrigação, não foram detectadas diferenças para a maioria dos parâmetros entre eles $\Delta F/F_m'$, qP , ETR , EUA e C_i/C_a . Como não foram realizadas medidas com pulso de saturação (medidas do escuro) para esta coleta, já que as plantas não estavam sob condições de estresse, os valores de F_v/F_m , qN e NPQ não puderam ser calculados. Foram detectadas variações significativas para três parâmetros, porém apenas entre os genótipos, mostrando que não havia efeito dos tratamentos sobre os genótipos antes da imposição da seca.

Assim como observado para o experimento de campo (Tabelas 16, 21, 24 e 32), o genótipo pré-definido como sensível 'IACSP 97-7065' apresentou altos níveis de fotossíntese, significativamente superiores aos de 'SP 87-365' e 'IACSP 01-8112', porém sem diferenças dos demais (Tabela 42).

A mesma tendência foi observada para g_s e E (Tabelas 43 e 44, respectivamente), porém para a condutância foi observada diferença significativa entre o sensível 'IACSP 97-7065' e o tolerante 'IACSP 94-2094', sugerindo que em condições normais os níveis de abertura dos estômatos já são menores no genótipo tolerante, o que, além de explicar os menores índices de fotossíntese observado para esse genótipo, pode também resultar também numa vantagem adaptativa em uma situação de deficit hídrico, em que a perda de água excessiva por transpiração pode resultar num agravamento das condições já adversas do estresse.

A segunda coleta foi realizada em 29/06/2010, durante o estágio inicial de seca, quando os parâmetros fisiológicos já indicavam que as plantas estavam respondendo ao deficit hídrico. Não foram detectadas variações apenas entre os parâmetros qP e C_i/C_a , sendo que todos os outros foram significativos. Foram observadas diferenças estatísticas entre os tratamentos e entre genótipos, porém não houve interação entre os dois fatores para esta coleta.

Tabela 42 - Assimilação de Carbono(P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (21/05/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	P _N						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 97-7065	20,67	±	3,47	26,13	±	1,79	23,40	A
IACSP 97-3391	20,83	±	3,16	18,47	±	3,55	19,65	AB
IACSP 03-8125	19,93	±	2,92	18,10	±	3,71	19,02	AB
IACSP 03-8189	14,90	±	2,44	19,03	±	3,75	16,97	AB
IACSP 96-7586	16,67	±	1,59	16,13	±	1,94	16,40	AB
IACSP 03-8014	19,57	±	3,18	13,12	±	3,67	16,34	AB
IACSP 94-2094	9,67	±	1,60	20,40	±	3,57	15,03	AB
IACSP 03-8022	10,62	±	2,40	19,33	±	5,10	14,98	AB
SP 87-365	11,56	±	1,43	15,07	±	1,89	13,31	B
IACSP 01-8112	12,62	±	3,14	13,87	±	0,95	13,24	B
Médias	15,70	a		17,97	a		CV = 30,3 %	

Tabela 43 - Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (21/05/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	g _s						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 97-7065	0,140	±	0,021	0,227	±	0,030	0,183	A
IACSP 97-3391	0,143	±	0,043	0,130	±	0,015	0,137	AB
IACSP 03-8014	0,160	±	0,050	0,100	±	0,021	0,130	AB
IACSP 03-8125	0,140	±	0,012	0,117	±	0,015	0,128	AB
IACSP 03-8189	0,097	±	0,009	0,140	±	0,012	0,118	AB
SP 87-365	0,123	±	0,003	0,103	±	0,012	0,113	AB
IACSP 96-7586	0,117	±	0,003	0,127	±	0,012	0,122	AB
IACSP 03-8022	0,090	±	0,025	0,130	±	0,021	0,110	B
IACSP 94-2094	0,077	±	0,012	0,140	±	0,017	0,108	B
IACSP 01-8112	0,103	±	0,017	0,107	±	0,003	0,105	B
CV = 29,37								
Médias	0,119	a		0,132	a			%

A tabela 45 mostra os níveis de fotossíntese obtidos para a segunda coleta. Pode-se observar que quando comparadas as médias totais dos genótipos, 'IACSP 03-8125' foi o que apresentou maiores níveis de fotossíntese, também observado em algumas coletas do experimento de campo (Tabelas 16 e 21), sendo significativamente superior à 'IACSP 97-7065', 'IACSP 03-8189', 'IACSP 97-3391', 'IACSP 03-8022', 'SP 87-365' e 'IACSP 01-8112', sendo que este último foi o que apresentou a pior performance para esse parâmetro. Ainda, foi detectada

diferença significativa para as médias dos tratamentos, sendo que a seca foi responsável por uma diminuição de cerca de 40% nos valores de assimilação de carbono (Tabela 45).

Tabela 44 - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a primeira coleta (21/05/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	E						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 97-	4,08	±	0,61	5,51	±	0,57	4,80	A
IACSP 97-	3,60	±	0,57	4,14	±	0,46	3,87	AB
IACSP 03-	4,22	±	0,32	3,40	±	0,46	3,81	AB
IACSP 96-	3,69	±	0,19	3,35	±	0,72	3,52	AB
SP 87-365	3,76	±	0,27	3,27	±	0,48	3,52	AB
IACSP 03-	3,05	±	0,4	3,97	±	0,56	3,51	AB
IACSP 03-	3,82	±	0,64	2,71	±	0,38	3,26	AB
IACSP 94-	2,32	±	0,3	4,16	±	0,40	3,24	AB
IACSP 01-	2,83	±	0,53	3,29	±	0,25	3,06	B
IACSP 03-	2,12	±	0,14	3,99	±	0,70	3,06	B
	3,35	a			3,78	a	CV = 23,21 %	

Tabela 45 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e nas minúsculas entre linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	P _N						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	15,37	±	2,52	8,26	±	2,19	19,49	A
IACSP 03-8014	13,59	±	2,27	7,63	±	3,04	14,59	AB
IACSP 94-2094	11,93	±	2,24	8,75	±	2,85	12,29	ABC
IACSP 96-7586	23,50	±	2,77	15,48	±	4,41	11,81	ABC
IACSP 97-7065	19,10	±	2,23	10,07	±	1,09	10,61	BC
IACSP 03-8189	18,13	±	0,94	6,45	±	2,57	10,34	BC
IACSP 97-3391	10,23	±	0,61	9,88	±	0,98	10,18	BC
IACSP 03-8022	13,40	±	2,65	6,96	±	3,57	10,06	BC
SP 87-365	7,70	±	0,03	5,12	±	1,33	9,63	BC
IACSP 01-8112	12,93	±	1,90	6,33	±	1,93	6,41	C
Médias	14,59	a		8,49	b		CV = 35,14 %	

A condutância estomática também apresentou diferenças entre os tratamentos, sendo que houve redução para os valores no tratamento de seca, o que já era esperado devido ao fechamento de estômatos durante o estresse (Tabela 46). O genótipo 'IACSP 03-8125' também foi o que apresentou os maiores valores de g_s , o que pode ser um dos fatores

responsáveis pelos altos índices de fotossíntese observados para esse genótipo (Tabela 45). A redução dos valores de g_s mostra que as plantas responderam ao tratamento, buscando evitar a perda de água por transpiração através do fechamento estomático. O mesmo padrão foi observado para a transpiração, conforme especificado na tabela 47. Foi observada em E a mesma tendência descrita em g_s , onde que o genótipo ‘IACSP 03-8125’ também apresentou os maiores valores de transpiração. Os genótipos ‘IACSP 97-3391’, ‘IACSP 03-8189’, ‘IACSP 03-8022’, e ‘IACSP 01-8112’ foram os que apresentaram os menores valores para E , assim como observados para o experimento de campo (Tabelas 22 e 25) sendo que os demais genótipos tiveram comportamento intermediário (Tabela 47).

Tabela 46 - Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 $\pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Coeficiente de Variação								
Genótipo	g _s						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	0,200	±	0,010	0,113	±	0,032	0,157	A
IACSP 96-7586	0,130	±	0,012	0,067	±	0,009	0,098	B
IACSP 97-7065	0,133	±	0,035	0,060	±	0,020	0,097	B
SP 87-365	0,117	±	0,013	0,073	±	0,009	0,095	B
IACSP 03-8014	0,120	±	0,021	0,067	±	0,009	0,093	B
IACSP 94-2094	0,127	±	0,007	0,050	±	0,010	0,088	B
IACSP 97-3391	0,100	±	0,015	0,070	±	0,021	0,085	B
IACSP 03-8189	0,100	±	0,021	0,063	±	0,009	0,082	B
IACSP 03-8022	0,080	±	0,006	0,070	±	0,000	0,075	B
IACSP 01-8112	0,080	±	0,006	0,047	±	0,007	0,063	B
Médias	0,119	a		0,068	b		CV = 29,83 %	

Tabela 47 - Transpiração (E , mmol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 $\pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e nas minúsculas entre linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	E						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	6,22	±	0,29	3,69	±	0,87	4,96	A
SP 87-365	4,26	±	0,54	2,85	±	0,32	3,55	AB
IACSP 97-7065	4,61	±	1,10	2,29	±	0,80	3,45	AB
IACSP 03-8014	4,06	±	0,61	2,50	±	0,27	3,28	AB
IACSP 96-7586	4,09	±	0,45	2,31	±	0,31	3,20	AB
IACSP 94-2094	4,37	±	0,06	1,98	±	0,44	3,17	AB
IACSP 97-3391	3,59	±	0,34	2,48	±	0,69	3,04	B
IACSP 03-8189	3,36	±	0,80	2,29	±	0,48	2,82	B
IACSP 03-8022	2,77	±	0,12	2,51	±	0,28	2,64	B
IACSP 01-8112	2,87	±	0,09	1,69	±	0,30	2,28	B

4,02 a 2,46 b CV = 28,45 %

A tabela 48 mostra os resultados obtidos para eficiência do uso da água na segunda coleta. Houve variação significativa apenas entre genótipos, sendo que ‘IACSP 03-8014’ apresentou valores superiores à ‘SP 87-365’. A ausência de diferença significativa entre os tratamentos mostra que apesar de já sentirem os menores níveis de potencial hídrico do solo, as plantas estavam no período inicial da resposta ao estresse, onde ainda há água disponível para os processos celulares. Porém, para evitar a perda da água, ocorreu fechamento dos estômatos (Tabelas 46 e 47), causando consequente redução na fotossíntese (Tabela 45), mas não o suficiente para afetar *EUA*.

Tabela 48 - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	EUA (P _N /E)						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8014	4,76	±	0,33	4,03	±	0,09	4,40	A
IACSP 03-8125	3,84	±	0,63	4,14	±	0,37	3,99	AB
IACSP 03-8022	3,69	±	0,16	3,97	±	0,29	3,83	AB
IACSP 03-8189	3,92	±	0,92	3,64	±	0,47	3,78	AB
IACSP 94-2094	4,15	±	0,25	3,14	±	0,86	3,65	AB
IACSP 96-7586	3,73	±	0,28	3,44	±	0,60	3,59	AB
IACSP 97-7065	3,06	±	0,24	3,35	±	0,85	3,21	AB
IACSP 97-3391	3,69	±	0,43	2,46	±	0,62	3,07	AB
IACSP 01-8112	2,69	±	0,08	3,00	±	0,61	2,85	AB
SP 87-365	3,12	±	0,48	2,19	±	0,63	2,65	B
	3,67	a		3,34	a		CV = 25,8 %	

O mesmo padrão foi observado para a eficiência quântica potencial do fotossistema II. Houve variação entre os genótipos, com ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 03-8125’ apresentando valores estatisticamente superiores que ‘IACSP 01-8112’, porém sem diferenças dos demais (Tabela 49). Apesar das diferenças observadas para este parâmetro, é importante ressaltar que todos os genótipos apresentaram valores de F_v/F_m inferiores àqueles esperados em uma planta saudável. Tal fato pode ser devido ao experimento ter sido instalado em casa de vegetação que continha uma lona de plástico como cobertura para impedir a ocorrência de chuva no experimento, porém que acabava também agindo como um filtro para a energia luminosa que chegava até as plantas.

Tabela 49 - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Coeficiente de variação								
Genótipo	F _v /F _m						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 97-3391	0,757	±	0,009	0,780	±	0,008	0,769	A
IACSP 03-8125	0,766	±	0,003	0,766	±	0,017	0,766	A
IACSP 96-7586	0,769	±	0,006	0,757	±	0,008	0,763	AB
SP 87-365	0,769	±	0,009	0,755	±	0,009	0,762	AB
IACSP 03-8014	0,753	±	0,010	0,766	±	0,012	0,760	AB
IACSP 03-8189	0,746	±	0,003	0,763	±	0,006	0,755	AB
IACSP 03-8022	0,748	±	0,016	0,760	±	0,012	0,754	AB
IACSP 94-2094	0,750	±	0,022	0,755	±	0,007	0,752	AB
IACSP 97-7065	0,725	±	0,017	0,748	±	0,019	0,737	AB
IACSP 01-8112	0,726	±	0,021	0,708	±	0,034	0,717	B
	0,751	a		0,756	a		CV = 3,32 %	

Já para outros parâmetros fotoquímicos como a eficiência quântica efetiva do fotossistema II e a taxa de transporte aparente de elétrons, o tratamento de suspensão da irrigação resultou em diferenças significativas entre os dois ensaios, mostrando que as plantas estavam sob déficit. Foram apontadas diferenças também entre genótipos, sendo que ‘IACSP 03-8125’ apresentou valores superiores se comparado à ‘IACSP 01-8112’ tanto para $\Delta F/F_m'$ quanto para ETR (Tabelas 50 e 51).

Tabela 50 - Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	ΔF/Fm'						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	0,129	±	0,031	0,115	±	0,011	0,122	A
IACSP 97-7065	0,105	±	0,010	0,095	±	0,015	0,100	AB
IACSP 03-8014	0,111	±	0,019	0,087	±	0,010	0,099	AB
IACSP 97-3391	0,108	±	0,014	0,088	±	0,018	0,098	AB
IACSP 94-2094	0,127	±	0,011	0,065	±	0,009	0,096	AB
SP 87-365	0,112	±	0,014	0,079	±	0,005	0,096	AB
IACSP 96-7586	0,110	±	0,010	0,074	±	0,007	0,092	AB
IACSP 03-8189	0,096	±	0,009	0,069	±	0,002	0,083	AB
IACSP 03-8022	0,082	±	0,010	0,081	±	0,007	0,082	AB
IACSP 01-8112	0,079	±	0,015	0,071	±	0,015	0,075	B
Médias	0,106	a		0,0826	b		CV = 24,73 %	

Tabela 51 - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Coeficiente de Variação								
Genótipo	ETR						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	87,91	±	2,07	78,18	±	7,75	83,04	A
IACSP 97-7065	71,36	±	6,79	64,59	±	9,86	67,98	AB
IACSP 03-8014	75,49	±	12,83	59,37	±	6,75	67,43	AB
IACSP 97-3391	73,22	±	9,23	60,08	±	12,48	66,65	AB
IACSP 94-2094	86,32	±	7,47	44,22	±	6,31	65,27	AB
SP 87-365	76,13	±	9,62	53,95	±	3,34	65,04	AB
IACSP 96-7586	74,79	±	6,55	50,52	±	4,53	62,65	AB
IACSP 03-8189	65,07	±	6,02	47,18	±	1,37	56,13	AB
IACSP 03-8022	55,98	±	7,15	55,29	±	4,88	55,64	AB
IACSP 01-8112	53,50	±	10,56	48,30	±	10,10	50,90	B
	71,98	a		56,17	b		CV = 24,72 %	

Para esta coleta, os coeficientes de extinção não fotoquímicos (NPQ e qN) também apresentaram diferenças entre tratamentos, sendo que o controle irrigado apresentou menores níveis de NPQ e qN , se comparado ao déficit hídrico (Tabela 52), porém sem variação entre genótipos. O aumento em qN e NPQ é esperado e msituações de déficit hídrico, uma vez que eles representam o quanto da energia que está sendo captada e direcionada a vias não fotoquímicas para dissipação de energia, como por exemplo na forma de calor (MAXWELL & JOHNSON, 2000).

Tabela 52 - Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a segunda coleta (29/06/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	NPQ				qN			
	Irigado		Sequeiro		Irigado		Sequeiro	
IACSP018112	1,73	$\pm$ 0,15	2,23	$\pm$ 0,16	0,810	$\pm$ 0,006	0,873	$\pm$ 0,003
IACSP038014	0,62	$\pm$ 0,26	1,42	$\pm$ 0,29	0,470	$\pm$ 0,127	0,740	$\pm$ 0,047
IACSP038022	1,13	$\pm$ 0,16	1,88	$\pm$ 0,46	0,700	$\pm$ 0,015	0,790	$\pm$ 0,053
IACSP038125	0,97	$\pm$ 0,22	1,29	$\pm$ 0,45	0,600	$\pm$ 0,067	0,670	$\pm$ 0,096
IACSP038189	1,16	$\pm$ 0,18	1,54	$\pm$ 0,46	0,693	$\pm$ 0,055	0,723	$\pm$ 0,098
IACSP942094	0,81	$\pm$ 0,26	1,14	$\pm$ 0,49	0,540	$\pm$ 0,101	0,680	$\pm$ 0,139
IACSP967586	1,46	$\pm$ 0,46	1,79	$\pm$ 0,36	0,723	$\pm$ 0,058	0,787	$\pm$ 0,058
IACSP973391	1,25	$\pm$ 0,18	2,61	$\pm$ 0,29	0,740	$\pm$ 0,023	0,873	$\pm$ 0,018
IACSP977065	0,74	$\pm$ 0,34	2,09	$\pm$ 0,81	0,560	$\pm$ 0,095	0,770	$\pm$ 0,101
SP87365	1,82	$\pm$ 0,43	1,36	$\pm$ 0,11	0,757	$\pm$ 0,068	0,730	$\pm$ 0,021
	1,17	b	1,74	a	0,659	b	0,764	a
	CV = 43,47 %				CV = 18,0 %			

A terceira coleta foi realizada em 05/07/2010, durante o período de deficit hídrico severo, onde alguns materiais atingiram valores de fotossíntese próximos ou iguais a zero. Todos os parâmetros fisiológicos avaliados para essa coleta apresentaram variação estatística significativa, à exceção de qP . Foi observada interação da resposta entre genótipos e tratamentos em alguns dos parâmetros relacionados às trocas gasosas como g_s e E . A tabela 53 mostra os resultados obtidos P_N . Novamente ‘IACSP 03-8125’ foi o que apresentou maiores valores de fotossíntese líquida, sendo estatisticamente superiores aos de ‘IACSP 03-8189’, ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 01-8112’. Os demais genótipos apresentaram valores intermediários, sendo que houve redução de cerca de 85% nos valores médios de fotossíntese observados para os tratamentos, mostrando que a seca é um fator limitante para a este parâmetro também em experimentos de casa de vegetação. Os valores observados para o tratamento de suspensão de rega mostram que as plantas atingiram níveis nulos de fotossíntese, o que além de suprimir o processo de obtenção de carboidratos para a manutenção dos processos básicos da planta, pode acarretar no acúmulo de energia luminosa não processada e por conseguinte na formação de espécies reativas de oxigênio (ROS, *Reactive Oxygen Species*), resultando num estresse oxidativo causado pelo excesso de luminosidade.

Tabela 53 - Assimilação de Carbono (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	P _N						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 03-8125	22,17	±	3,89	3,77	±	2,80	12,97	A
SP 87-365	17,43	±	2,75	3,39	±	1,38	10,41	AB
IACSP 97-7065	17,13	±	0,78	1,24	±	0,86	9,18	AB
IACSP 96-7586	15,70	±	2,95	1,79	±	1,27	8,75	AB
IACSP 94-2094	13,27	±	1,45	3,94	±	1,37	8,60	AB
IACSP 03-8022	12,24	±	1,31	3,07	±	2,34	7,65	AB
IACSP 03-8014	13,27	±	1,68	0,95	±	0,25	7,11	AB
IACSP 97-3391	10,13	±	1,84	2,54	±	1,69	6,33	B
IACSP 01-8112	10,35	±	3,02	2,10	±	0,74	6,22	B
IACSP 03-8189	9,85	±	1,22	1,75	±	0,59	5,80	B
Médias	14,15	a		2,45	b		CV = 40,63 %	

Conforme citado anteriormente, a condutância estomática e a transpiração foram os únicos parâmetros que apresentaram interação genótipo $\times$ tratamento. Foram observadas diferenças entre as médias gerais dos tratamentos, havendo redução nos valores de g_s para o

ensaio de seca; e também para as médias totais dos genótipos, sendo que ‘IACSP 96-7586’ mostrou valores estatisticamente superiores à ‘IACSP 03-8189’ (Tabela 54). Já para a interação, foram observadas diferenças para as médias gerais dos genótipos no controle irrigado, porém não para o tratamento de seca, onde novamente ‘IACSP 96-7586’ foi o que apresentou os maiores valores, se comparados à ‘IACSP 94-2094’, ‘IACSP 97-3391’, ‘IACSP 03-8022’ e ‘IACSP 03-8189’. Porém, comparando-se a resposta de todos os genótipos para o tratamento, houve diferenças significativas para todos eles, sendo que a seca afetou negativamente os valores de condutância estomática, devido ao fechamento dos estômatos (Tabela 54).

O mesmo padrão observado para g_s também foi descrito para E , já que este é um parâmetro estritamente relacionado com a condutância estomática (Tabela 55). Houve variação significativa entre as médias gerais dos genótipos, tratamentos, além de interação entre eles. O genótipo ‘IACSP 96-7586’ apresentou valores superiores aos de ‘IACSP 94-2094’, ‘IACSP 03-8014’, ‘IACSP 97-3391’, ‘IACSP 03-8022’ e ‘IACSP 03-8189’ para o controle, e aos de ‘IACSP 97-3391’, ‘IACSP 03-8022’ e ‘IACSP 03-8189’ se comparadas as médias gerais dos genótipos (Tabela 55). Para os outros genótipos pré selecionados como sendo tolerantes e/ou sensíveis (‘IACSP 94-2094’, ‘IACSP 97-7065’ e ‘SP 87-365’) não foram observadas diferenças entre eles e os demais (Tabela 55).

Tabela 54 - Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 ± erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	g _s							Médias		
	Irigado			Sequeiro						
IACSP 96-7586	0,153	±	0,026	Aa	0,021	±	0,004	Ab	0,087	A
IACSP 03-8125	0,134	±	0,031	ABa	0,037	±	0,020	Ab	0,086	AB
SP 87-365	0,127	±	0,003	ABCa	0,030	±	0,001	Ab	0,078	ABC
IACSP 97-7065	0,113	±	0,007	ABCDa	0,028	±	0,007	Ab	0,070	ABC
IACSP 01-8112	0,107	±	0,005	ABCDa	0,024	±	0,007	Ab	0,066	ABC
IACSP 03-8014	0,104	±	0,011	ABCDa	0,015	±	0,001	Ab	0,059	ABC
IACSP 94-2094	0,088	±	0,013	BCDa	0,025	±	0,007	Ab	0,057	ABC
IACSP 97-3391	0,075	±	0,007	CDa	0,026	±	0,009	Ab	0,051	ABC
IACSP 03-8022	0,070	±	0,009	CDa	0,023	±	0,008	Ab	0,047	BC
IACSP 03-8189	0,061	±	0,004	Da	0,017	±	0,002	Ab	0,039	C
Médias	0,103	a			0,025	b			CV = 32,53 %	

Foram observadas ainda diferenças entre genótipos e tratamentos para $\Delta F/Fm'$, Fv/Fm e ETR , porém sem interação entre eles (Tabelas 56, 57 e 58). Para a eficiência quântica efetiva do FSII, 'IACSP 97-7065' apresentou médias estatisticamente superiores do que 'IACSP 03-8022' e 'IACSP 03-8189', porém sem diferenças entre os demais. A seca foi responsável por uma diminuição de mais de 50% da eficiência efetiva, mostrando que o deficit hídrico afetou severamente os parâmetros fotoquímicos (Tabela 56).

Tabela 55 - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

de Variação										
Genótipo	E								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 96-7586	5,32	±	0,86	Aa	0,83	±	0,12	Ab	3,08	A
IACSP 03-8125	4,38	±	0,61	ABa	1,23	±	0,58	Ab	2,81	AB
SP 87-365	4,31	±	0,31	ABa	1,11	±	0,04	Ab	2,71	AB
IACSP 97-7065	3,77	±	0,37	ABCa	1,03	±	0,31	Ab	2,40	ABC
IACSP 01-8112	3,58	±	0,42	ABCa	0,81	±	0,15	Ab	2,19	ABC
IACSP 94-2094	3,09	±	0,55	BCa	0,94	±	0,26	Ab	2,01	ABC
IACSP 03-8014	3,40	±	0,14	BCa	0,57	±	0,05	Ab	1,99	ABC
IACSP 97-3391	2,66	±	0,42	BCa	0,93	±	0,27	Ab	1,80	BC
IACSP 03-8022	2,50	±	0,37	Ca	0,85	±	0,29	Ab	1,68	BC
IACSP 03-8189	2,06	±	0,10	Ca	0,60	±	0,05	Ab	1,33	C
	3,51	A			0,89	b			CV = 29,82 %	

Tabela 56 - Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/Fm'$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	ΔF/Fm'						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 97-7065	0,147	±	0,015	0,063	±	0,003	0,105	A
SP 87-365	0,133	±	0,013	0,053	±	0,009	0,093	AB
IACSP 03-8125	0,120	±	0,015	0,057	±	0,017	0,088	AB
IACSP 96-7586	0,123	±	0,012	0,050	±	0,006	0,087	AB
IACSP 94-2094	0,110	±	0,012	0,057	±	0,013	0,083	ABC
IACSP 97-3391	0,090	±	0,012	0,057	±	0,009	0,073	ABC
IACSP 03-8014	0,097	±	0,012	0,043	±	0,003	0,070	ABC
IACSP 01-8112	0,087	±	0,003	0,050	±	0,010	0,068	ABC
IACSP 03-8022	0,093	±	0,019	0,040	±	0,006	0,067	BC
IACSP 03-8189	0,073	±	0,012	0,023	±	0,007	0,048	C
Médias	0,107	a		0,049	b		CV = 24,83 %	

Já para a eficiência quântica potencial do FSII, o genótipo ‘IACSP 01-8112’ foi o que apresentou média estatisticamente inferior aos demais, sendo observadas também diferenças entre os tratamentos, sendo que novamente a seca foi responsável pela diminuição de F_v/F_m (Tabela 57). A tabela 58 mostra os valores de ETR para a terceira coleta. Houve variação estatística entre os tratamentos e genótipos, porém novamente não foi detectada interação. Os genótipos ‘IACSP 97-7065’, ‘SP 87-365’, ‘IACSP 96-7586’ e ‘IACSP 03-8125’ apresentaram médias significativamente superiores à ‘IACSP 03-818’, porém sem diferenças para os demais.

Tabela 57 - Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão) Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	Fv/Fm						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 03-8022	0,771	±	0,005	0,756	±	0,009	0,764	A
IACSP 94-2094	0,779	±	0,005	0,735	±	0,012	0,757	A
IACSP 97-7065	0,762	±	0,012	0,739	±	0,019	0,751	A
IACSP 03-8189	0,745	±	0,011	0,745	±	0,015	0,745	A
IACSP 03-8125	0,777	±	0,006	NA	±	NA	0,744	A
IACSP 03-8014	0,772	±	0,006	0,714	±	0,018	0,743	A
SP 87-365	NA	±	NA	0,702	±	0,033	0,728	A
IACSP 97-3391	0,746	±	0,023	0,708	±	0,025	0,727	A
IACSP 96-7586	NA	±	NA	0,709	±	0,019	0,725	A
IACSP 01-8112	0,696	±	0,041	0,622	±	0,015	0,659	B
	0,756	a		0,713	b		CV = 4,29 %	

Tabela 58 - Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irrigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão) Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Coeficiente de irrigação								
Genótipo	ETR						Médias	
	Irrigado			Sequeiro				
IACSP 97-7065	99,06	±	8,50	41,71	±	1,57	70,39	A
SP 87-365	89,78	±	1,02	33,98	±	6,30	61,88	A
IACSP 96-7586	83,62	±	9,23	36,05	±	4,54	59,83	A
IACSP 03-8125	79,79	±	9,84	38,75	±	1,09	59,27	A
IACSP 94-2094	74,82	±	8,49	36,73	±	8,17	55,78	AB
IACSP 97-3391	59,61	±	7,83	36,49	±	6,54	48,05	AB
IACSP 03-8014	65,07	±	7,67	29,47	±	2,60	47,27	AB
IACSP 01-8112	60,10	±	2,19	33,97	±	6,14	47,04	AB
IACSP 03-8022	65,30	±	1,26	27,43	±	4,40	46,36	AB
IACSP 03-8189	51,44	±	7,85	15,65	±	4,54	33,55	B
	72,86	a		33,02	b		CV = 24,84 %	

Com relação aos demais parâmetros NPQ , qN , EUA e Ci/Ca , só foram detectadas diferenças entre os tratamentos, sendo que a seca foi responsável por um aumento dos valores de NPQ , qN e Ci/Ca , (Tabelas 59 e 60), além de causar uma redução da eficiência do uso da água (Tabela 60), assim como observado para o período de máximo estresse do experimento de campo (Quarta coleta; Tabelas 27, 30 e 31). Tais dados reforçam a eficiência do tratamento aplicado e do período de suspensão de irrigação, e estão de acordo com os dados observados por MACHADO (2009).

Tabela 59 - Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV - Coeficiente de Variação

Genótipo	NPQ		qN			
	Irigado	Sequeiro	Irigado		Sequeiro	
IACSP 94-2094	1,53 $\pm$ 0,62	3,50 $\pm$ 0,08	NA $\pm$ NA	0,900 $\pm$ 0,017		
SP 87-365	NA $\pm$ NA	2,74 $\pm$ 0,33	0,750 $\pm$ 0,066	0,930 $\pm$ 0,006		
IACSP 97-3391	1,77 $\pm$ 0,49	3,03 $\pm$ 0,19	NA $\pm$ NA	0,877 $\pm$ 0,035		
IACSP 03-8189	1,19 $\pm$ 0,41	3,39 $\pm$ 0,33	0,680 $\pm$ 0,142	0,933 $\pm$ 0,009		
IACSP 96-7586	NA $\pm$ NA	2,46 $\pm$ 0,50	0,733 $\pm$ 0,042	0,867 $\pm$ 0,019		
IACSP 03-8022	1,54 $\pm$ 0,22	2,37 $\pm$ 0,10	0,667 $\pm$ 0,092	0,933 $\pm$ 0,015		
IACSP 97-7065	1,05 $\pm$ 0,51	2,71 $\pm$ 0,79	0,600 $\pm$ 0,110	0,863 $\pm$ 0,055		
IACSP 03-8014	0,77 $\pm$ 0,27	2,93 $\pm$ 0,18	0,540 $\pm$ 0,210	0,920 $\pm$ 0,015		
IACSP 01-8112	1,06 $\pm$ 0,68	2,56 $\pm$ 0,54	0,523 $\pm$ 0,080	0,923 $\pm$ 0,015		
IACSP 03-8125	0,77 $\pm$ 0,33	NA $\pm$ NA	0,507 $\pm$ 0,133	NA $\pm$ NA		
	1,30 b	2,79 a	0,648 b	0,900 a		

Tabela 60 - Eficiência do uso da água (P_N/E) e taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a terceira coleta (05/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras minúsculas representam comparações nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	EUA (P_N/E)		Ci/Ca			
	Irigado	Sequeiro	Irigado		Sequeiro	
IACSP 94-2094	4,46 $\pm$ 0,57	4,38 $\pm$ 0,90	0,510 $\pm$ 0,021	0,653 $\pm$ 0,180		
IACSP 03-8022	5,02 $\pm$ 0,55	3,19 $\pm$ 2,12	0,550 $\pm$ 0,110	0,610 $\pm$ 0,069		
IACSP 03-8189	4,75 $\pm$ 0,45	2,81 $\pm$ 0,76	0,423 $\pm$ 0,012	0,683 $\pm$ 0,070		
IACSP 03-8125	5,02 $\pm$ 0,21	2,51 $\pm$ 1,21	0,317 $\pm$ 0,015	0,697 $\pm$ 0,142		
SP 87-365	4,09 $\pm$ 0,66	3,14 $\pm$ 1,33	0,370 $\pm$ 0,139	0,630 $\pm$ 0,105		
IACSP 97-7065	4,63 $\pm$ 0,45	1,81 $\pm$ 1,05	0,367 $\pm$ 0,079	0,490 $\pm$ 0,168		
IACSP 97-3391	4,17 $\pm$ 1,22	2,20 $\pm$ 0,91	0,290 $\pm$ 0,078	0,540 $\pm$ 0,129		
IACSP 03-8014	3,88 $\pm$ 0,37	1,75 $\pm$ 0,54	0,233 $\pm$ 0,044	0,580 $\pm$ 0,172		
IACSP 01-8112	3,16 $\pm$ 1,17	2,45 $\pm$ 0,61	0,223 $\pm$ 0,038	0,507 $\pm$ 0,302		
IACSP 96-7586	2,92 $\pm$ 0,12	1,82 $\pm$ 1,21	0,313 $\pm$ 0,044	0,300 $\pm$ 0,101		
	4,21 a	2,61 b	0,360 b	0,569 a		
	CV = 35,33 %		CV = 45,61 %			

A quarta coleta e última coleta foi realizada em 13/07/2010, uma semana após a reidratação decorrente do restabelecimento da irrigação a partir do dia 06/07/2010. A irrigação foi retomada um dia após as medidas de estresse máximo realizadas para a terceira coleta. O tempo de espera de uma semana para realização dessa coleta foi decidido para que as plantas pudessem ter tempo hábil de recuperação após a volta da irrigação, buscando-se avaliar com mais robustez e confiabilidade a resposta dessas após o período de seca e subsequente reidratação. Não foram observadas diferenças significativas para 5 dos 11 parâmetros fisiológicos avaliados, entre eles P_N , F_v/F_m , $\Delta F/F_m'$, NPQ e ETR . Porém, mesmo para os parâmetros que apresentaram variação significativa, só foram detectadas diferenças entre genótipos e não entre tratamentos, demonstrando que após o restabelecimento da irrigação os genótipos estavam voltaram a estar submetidos às mesmas condições para ambos os tratamentos avaliados (Tabelas 61, 62, 63, 64 e 65). Somente qN apresentou variação para os tratamentos e genótipos, além de ter havido interação significativa entre eles (Tabela 66).

A tabela 61 mostra os resultados obtidos para a condutância estomática durante a quarta coleta. O genótipo definido previamente como tolerante 'IACSP 96-7586' foi o que apresentou, em média, os maiores valores, sendo estatisticamente superiores à 'IACSP 03-8014', 'IACSP 01-8112', 'IACSP 97-7065', 'IACSP 94-2094' e 'IACSP 97-3391'. Ainda, o genótipo 'SP 87-365' teve média significativamente superior à 'IACSP 94-2094', e 'IACSP 97-3391', não sendo detectadas diferenças para as demais comparações.

Tabela 61 - Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 ± erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	g _s						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 96-7586	0,141	±	0,005	0,120	±	0,014	0,131	A
SP 87-365	0,127	±	0,026	0,107	±	0,002	0,117	AB
IACSP 03-8022	0,084	±	0,007	0,119	±	0,010	0,101	ABC
IACSP 03-8189	0,086	±	0,003	0,101	±	0,014	0,093	ABC
IACSP 03-8125	0,091	±	0,025	0,090	±	0,014	0,090	ABC
IACSP 03-8014	0,058	±	0,013	0,099	±	0,006	0,079	BC
IACSP 01-8112	0,076	±	0,019	0,077	±	0,021	0,077	BC
IACSP 97-7065	0,079	±	0,020	0,073	±	0,006	0,076	BC
IACSP 94-2094	0,074	±	0,009	0,057	±	0,006	0,065	C
IACSP 97-3391	0,048	±	0,006	0,069	±	0,017	0,059	C
Médias	0,08639	a		0,09124	a		CV = 27,37 %	

A tabela 62 apresenta as comparações entre os valores de transpiração para esta coleta. Assim como para condutância, o genótipo ‘IACSP 96-7586’ foi o que apresentou os maiores valores de E , sendo estatisticamente diferentes dos valores obtidos para ‘IACSP 94-2094’ e ‘IACSP 97-3391’. Ainda, o genótipo ‘SP 87-365’ também apresentou média estatisticamente superior à de ‘IACSP 97-3391’, não sendo detectadas diferenças para as demais comparações.

Tabela 62 - Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

		<i>E</i>							
Genótipo		Irigado			Sequeiro			Médias	
IACSP 96-7586		2,14	±	0,14	2,00	±	0,11	2,07	A
SP 87-365		2,03	±	0,28	1,82	±	0,08	1,92	AB
IACSP 03-8189		1,51	±	0,15	1,73	±	0,09	1,62	ABC
IACSP 03-8022		1,33	±	0,24	1,86	±	0,26	1,59	ABC
IACSP 03-8125		1,53	±	0,46	1,53	±	0,27	1,53	ABC
IACSP 03-8014		1,04	±	0,22	1,81	±	0,13	1,43	ABC
IACSP 01-8112		1,36	±	0,27	1,38	±	0,37	1,37	ABC
IACSP 97-7065		1,34	±	0,40	1,30	±	0,22	1,32	ABC
IACSP 94-2094		1,28	±	0,10	0,99	±	0,10	1,14	BC
IACSP 97-3391		0,85	±	0,09	1,20	±	0,26	1,03	C
		1,44	a		1,56	a		CV = 27,59 %	

Apesar de não ocorrerem diferenças para os níveis de fotossíntese avaliados nesta coleta, foram observadas variações para os valores de eficiência do uso da água, podendo ser decorrente da variação significativa entre os valores de transpiração (Tabela 62), já que este parâmetro é utilizado no cálculo da eficiência (Tabela 63). Os genótipos ‘IACSP 03-8014’ e ‘IACSP 94-2094’ foram os que apresentaram maiores médias de EUA , sendo estatisticamente superiores à ‘IACSP 96-7586’ e ‘SP 87-365’. É esperado que genótipos com altos níveis de condutância estomática apresentem baixos valores de EUA (Tabelas 61, 62 e 63), devido ao seu cálculo envolver a transpiração no denominador, o que pode ser conferido para esta coleta para os genótipos ‘IACSP 96-7586’ e ‘SP 87-365’. Não foram observadas diferenças entre os demais genótipos e entre tratamentos (Tabela 63). Já para a razão entre concentração intercelular e atmosférica de dióxido de carbono não foram observadas diferenças para os tratamentos, apenas para as médias totais dos genótipos, mostrando que as plantas se recuperaram do efeito da seca observado para a coleta de máximo estresse (Tabela 60).

Houve variação significativa entre ‘SP 87-365’ e ‘IACSP 96-7586’ quando comparado à ‘IACSP 03-8014’, porém não foram detectadas diferenças entre os demais (Tabela 64). O mesmo foi observado para o coeficiente de extinção fotoquímico, sendo que além de ‘IACSP 03-8014’, os genótipos ‘SP 87-365’ e ‘IACSP 96-7586’ também apresentaram médias estatisticamente superiores às de ‘IACSP 03-8022’ (Tabela 65). Para este parâmetro avaliado nessa coleta foi observada diferença entre tratamentos, sendo que a seca apresentou maiores valores de qP quando comparado ao controle irrigado, provavelmente devido a um ajuste fotoquímico mais lento das plantas após o período de estresse. Já que as plantas após tal período apresentam maiores demandas para restabelecer a homeostasia, os altos níveis de qP ainda observados uma semana após a reidratação podem estar relacionados com o direcionamento da absorção de energia luminosa para a fluorescência da clorofila, resultando por consequência na dissipação da energia que iria para a fase fotoquímica (Tabela 65).

Tabela 63 - Eficiência do uso da água (P_N/E) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	EUA (P _N /E)						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 03-8014	10,39	±	2,18	8,41	±	1,10	9,40	A
IACSP 94-2094	7,97	±	0,05	9,24	±	0,17	8,60	A
IACSP 97-7065	8,15	±	1,10	7,95	±	0,90	8,05	AB
IACSP 03-8125	6,74	±	0,90	7,74	±	1,28	7,24	AB
IACSP 97-3391	7,59	±	0,89	6,07	±	1,70	6,83	AB
IACSP 03-8189	7,05	±	0,54	6,33	±	1,17	6,69	AB
IACSP 03-8022	6,98	±	0,34	6,28	±	1,79	6,63	AB
IACSP 01-8112	6,19	±	0,63	6,78	±	1,25	6,49	AB
IACSP 96-7586	5,48	±	0,31	5,43	±	0,68	5,46	B
SP 87-365	5,43	±	0,74	4,76	±	0,34	5,10	B
	7,13	a		6,90	a		CV = 26,06 %	

O último parâmetro avaliado que apresentou diferença significativa foi o coeficiente de extinção não fotoquímico (qN), conforme descrito na tabela 66. Apesar de não haver diferenças entre as médias dos tratamentos, foram observadas diferenças entre os genótipos, além de ser detectada interação significativa. Os genótipos com maiores valores de qN foram ‘IACSP 97-3391’ e ‘IACSP 01-8112’, os quais apresentaram médias significativamente superiores às de ‘IACSP 03-8022’ (Tabela 66). Com relação à interação, não foram observadas diferenças entre os genótipos, apenas dentro de cada genótipo para cada

tratamento, sendo que ‘SP 87-365’ apresentou maiores valores de qN para a seca em relação ao controle irrigado.

Tabela 64 - Taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a $\mu\text{mol mol}^{-1}$) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	Ci/Ca						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
SP 87-365	0,643	±	0,022	0,670	±	0,015	0,657	A
IACSP 96-7586	0,660	±	0,000	0,630	±	0,045	0,645	A
IACSP 03-8022	0,567	±	0,069	0,583	±	0,134	0,575	AB
IACSP 97-3391	0,487	±	0,059	0,573	±	0,123	0,530	AB
IACSP 01-8112	0,547	±	0,071	0,507	±	0,113	0,527	AB
IACSP 03-8189	0,510	±	0,074	0,540	±	0,108	0,525	AB
IACSP 03-8125	0,570	±	0,035	0,460	±	0,133	0,515	AB
IACSP 97-7065	0,450	±	0,115	0,473	±	0,052	0,462	AB
IACSP 94-2094	0,510	±	0,023	0,387	±	0,017	0,448	AB
IACSP 03-8014	0,277	±	0,152	0,400	±	0,083	0,338	B
	0,522	a		0,522	a		CV = 28,23 %	

Tabela 65 - Coeficiente de extinção fotoquímico (qP) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao déficit hídrico (Sequeiro) durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	qP						Médias	
	Irigado			Sequeiro				
IACSP 96-7586	0,203	±	0,012	0,233	±	0,038	0,218	A
SP 87-365	0,167	±	0,007	0,247	±	0,023	0,207	A
IACSP 01-8112	0,170	±	0,036	0,227	±	0,044	0,198	AB
IACSP 94-2094	0,160	±	0,006	0,207	±	0,043	0,183	AB
IACSP 03-8125	0,200	±	0,036	0,150	±	0,026	0,175	AB
IACSP 97-3391	0,140	±	0,023	0,203	±	0,042	0,172	AB
IACSP 97-7065	0,163	±	0,039	0,177	±	0,037	0,170	AB
IACSP 03-8189	0,173	±	0,019	0,160	±	0,036	0,167	AB
IACSP 03-8014	0,127	±	0,018	0,187	±	0,012	0,157	B
IACSP 03-8022	0,143	±	0,009	0,167	±	0,020	0,155	B
	0,16467	b		0,19567	a		CV = 28,05 %	

Tabela 66 - Coeficiente de extinção não fotoquímico (qN) de 10 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Irigado) ou submetidos ao deficit hídrico (Sequeiro) durante durante a quarta coleta (13/07/2010) em ensaio de casa de vegetação em Campinas, SP (n=3 $\pm$ erro padrão). Letras maiúsculas representam comparações nas colunas, e letras minúsculas nas linhas; CV- Coeficiente de Variação

Genótipo	qN								Médias	
	Irigado				Sequeiro					
IACSP 97-3391	0,753	±	0,026	Aa	0,777	±	0,047	Aa	0,765	A
IACSP 01-8112	0,753	±	0,018	Aa	0,753	±	0,049	Aa	0,753	A
IACSP 96-7586	0,657	±	0,097	Aa	0,723	±	0,034	Aa	0,690	AB
IACSP 03-8125	0,693	±	0,030	Aa	0,677	±	0,054	Aa	0,685	AB
SP 87-365	0,510	±	0,050	Ab	0,810	±	0,036	Aa	0,660	AB
IACSP 03-8189	0,737	±	0,075	Aa	0,573	±	0,035	Ab	0,655	AB
IACSP 03-8014	0,640	±	0,035	Aa	0,663	±	0,061	Aa	0,652	AB
IACSP 97-7065	0,603	±	0,007	Aa	0,670	±	0,012	Aa	0,637	AB
IACSP 94-2094	0,550	±	0,047	Aa	0,677	±	0,112	Aa	0,613	AB
IACSP 03-8022	0,537	±	0,080	Aa	0,550	±	0,086	Aa	0,543	B
	0,643	a			0,687	a			CV = 14,75 %	

De maneira geral, o deficit hídrico imposto afetou as trocas gasosas dos genótipos estudados, causando redução significativa da condutância estomática (g_s), da assimilação de CO_2 (P_N) e da transpiração (E) durante a segunda e terceira coleta, quando as plantas estavam há 15 e 21 dias sem fornecimento de água, respectivamente (Tabelas 45, 46, 47, 53, 54 e 55). Essa resposta das plantas ao pode ocorrer de forma coordenada através de alterações nos mecanismos fisiológicos e bioquímicos avaliados (SHANKHDHAR; SHANKHDHAR; PANT, 2004), alterações essas que foram observadas para esse experimento, embora em níveis mais singelos do que os observados para a resposta no campo. Diversos trabalhos também relataram a ocorrência de redução nos valores de P_N , E e gS nas plantas de cana-de-açúcar quando submetidas ao deficit hídrico (BASRA; AHMAD; KHALIQT, 1999; MACHADO, 2009; PEDROZO et al., 2010), demonstrando que esses parâmetros fisiológicos são significativamente influenciados pelo déficit hídrico.

Os genótipos ‘IACSP97-7065’ e ‘IACSP 94-2094’ apresentaram em média comportamento intermediário, diferentemente do contraste observado para eles nas condições de campo. Para o sensível porém, a variação dos níveis de fotossíntese foi drástica durante o estresse, com os valores de P_N chegando próximos de zero na seca máxima (21 dias, Tabela 53), mostrando que esse genótipo não possui um mecanismo bem regulado de percepção do estresse abiótico, sendo que após permanecer sem muitas alterações no início da seca, apresenta um brusca variação para um período de deficit hídrico mais acentuado. As maiores médias de genótipos para a assimilação de CO_2 durante a segunda coleta foram observadas

para ‘IACSP94-2094’ ‘IACSP03-8125’ e ‘SP87-365’, mas todos com grandes reduções em relação aos controles irrigados.

O fechamento dos estômatos é uma das primeiras respostas esperadas em plantas submetidas à deficiência hídrica (SILVA et al., 2007), e como já foi discutido anteriormente é uma estratégia inicial e rápida para impedir a desidratação excessiva das folhas a partir da redução da assimilação de CO_2 e da perda de água pela transpiração (INMAN-BAMBER; SMITH, 2005; SALIENDRA et al., 1996). Variações no processo de adaptação ao déficit hídrico em cana-de-açúcar foram descritas por Basra et al. (1999), que demonstraram que a variedade de cana-de-açúcar sensível à seca exibiu similar taxa de fotossíntese, porém com maior taxa de transpiração e condutância estomática quando comparado à tolerante, mostrando assim menor eficiência do uso da água. Os resultados obtidos para o corrente trabalho mostram que o genótipo ‘IACSP03-8125’ apresentou os maiores valores de condutância estomática (g_s) nas condições de deficit moderado, estatisticamente superiores a todos os demais genótipos, os quais não variaram entre si, corroborando o experimento de campo, além de apresentar padrão similar ao observado para assimilação de CO_2 (P_N) (Tabelas 45 e 46). Já para a terceira coleta, houve interação entre genótipos e tratamentos, sendo que todos os genótipos apresentaram redução significativa dos valores de g_s . Houve também variação entre genótipos, onde novamente ‘IACSP 96-7586’ e ‘IACSP 03-8125’ apresentaram valores de g_s estatisticamente superiores à ‘IACSP 03-8189’ (Tabela 54). Após o restabelecimento da irrigação, ‘IACSP 96-7586’ e ‘SP 87-365’ apresentaram valores de condutância superiores à ‘IACSP 94-2094’ e ‘IACSP 97-3391’ (Tabela 61). Quando em deficit hídrico inicial, a condutância estomática foi reduzida para praticamente todos os genótipos avaliados de forma semelhante, porém a resposta mais rápida parece ocorrer para ‘IACSP94-2094’, o qual apresentou níveis baixos de condutância (Tabela 46). Padrão similar foi observado para assimilação de CO_2 (P_N), com destaque para ‘IACSP97-7065’ (Tabelas 45 e 46), que ao reduzir g_s também reduziu drasticamente P_N , sugerindo que essa variedade possui maior sensibilidade a seca, sofrendo maiores perdas nas condições de deficit hídrico. Durante o período de reidratação, a recuperação do estresse hídrico imposto ficou evidente, sendo que para a maioria dos parâmetros avaliados não foram encontradas diferenças entre os tratamentos, apenas entre genótipos.

O acúmulo de matéria seca e a transpiração estão correlacionados uma vez que ambos dependem das trocas gasosas através dos estômatos. Dessa forma, as plantas tendem a equilibrar a necessidade de conservar água e assimilar CO_2 usando controles na área foliar, difusão de CO_2 e vapor de água através do estômato (INMAN-BAMBER; SMITH, 2005).

Esses resultados reforçam estudos anteriores que determinaram que requerimentos sazonais de água para cana-de-açúcar deriva principalmente da relação entre produção de açúcar e uso da água através da transpiração e evaporação de água do solo, as quais são dependentes da relação genótipo-ambiente (CHAVES, 1991). A recuperação do crescimento vegetal depois da reidratação foi previamente descrita (XU; ZHOU; SHIMIZU, 2009), entretanto, algumas plantas quando submetidas a seca prolongada ou severa podem não alcançar o nível do tratamento controle com a reidratação dependendo do período e intensidade da seca. Os resultados obtidos para transpiração mostram o genótipo sensível já apresentava os maiores valores de E antes da imposição da seca (Tabela 44), sem diferenças para os demais genótipos durante a segunda, terceira e quarta coleta (Tabelas 47, 55 e 62). Para o período de máximo estresse, foi observada a ocorrência de interação entre genótipo e tratamento, onde todos os genótipos apresentaram uma redução significativa nos valores de transpiração se comparados ao controle irrigado. É interessante observar que as variações genotípicas observadas para os genótipos em condições normais de cultivo não são observadas para o tratamento de seca, mostrando que esse parâmetro é severamente afetado para todos os genótipos, sendo que após a retomada da irrigação tais diferenças voltam a ficar aparentes, apesar de não serem consistentes com as diferenças iniciais. Tal fato sugere que a ocorrência do estresse severo afeta o ranqueamento dos genótipos após a seca, mostrando que a passagem pelo estresse afeta a capacidade de recuperação dos genótipos. Durante o período de reidratação, todos os clones apresentaram aumentos relevantes na condutância estomática, assimilação de CO_2 e na transpiração, aproximando-se dos valores observados para o controle nesses parâmetros (Tabela 61). Os genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP96-7586' apresentaram uma recuperação mais rápida para assimilação de CO_2 . Apesar do genótipo 'IACSP96-7586' não se concretizar como um bom padrão de tolerância, quando submetido a reidratação esse clone apresentou alta taxa de recuperação para condutância estomática, refletindo na transpiração e fotossíntese (Tabelas 61 e 62).

A tolerância a seca requer a manutenção das funções da planta sob condições de disponibilidade hídrica limitadas e/ou rápida recuperação do status hídrico após reidratação depois do período de seca, e é determinada pela capacidade de manter a absorção de CO_2 com baixa condutância estomática (CHAVES; MAROCO; PEREIRA, 2003), características observadas na cultivar 'IACSP94-2094', a qual manteve a assimilação de CO_2 mesmo com uma condutância estomática baixa, em todos os experimentos (Tabelas 42, 42, 45, 46, 53 e 54). O aumento na eficiência do uso da água quando sob estresse por seca é resultado da relação não-linear entre a assimilação de CO_2 e da condutância estomática, onde a perda de

água é reduzida antes e mais intensamente que a inibição da fotossíntese (COWAN; FARQUHAR, 1977). Tal fato evidencia que a condutância estomática parece ter papel fundamental no uso eficiente da água em cana-de-açúcar. Além disso, o fato de a eficiência do uso da água não sofrer alterações entre os tratamentos para 'IACSP94-2094' (Tabela 60) sugere que este genótipo possui um mecanismo de tolerância a seca, o qual reflete numa maior assimilação de CO₂ com menor consumo de água, principalmente quando comparada a 'IACSP97-7065', que reduz drasticamente a capacidade de assimilar CO₂ com suprimento reduzido de água, não sendo capaz de manter o potencial de água na folha quando em seca severa (Tabela 60). Ainda, após a reidratação, o genótipo 'IACSP942094' se apresentou superior para eficiência do uso da água no tratamento que estivera sob deficit hídrico, enquanto que os outros genótipos ainda experimentavam uma recuperação na eficiência do uso da água, especialmente 'IACSP97-7065' (Tabela 63). O parâmetro *EUA* fornece bom um indicativo da quantidade de carbono assimilada em relação a quantidade de água perdida pela transpiração e quantidade de carbono intracelular respectivamente, e dessa forma podemos considerar que 'IACSP94-2094' demonstra ser tolerante à seca por ser capaz de manter níveis relativamente altos de fotossíntese com menor perda de água quando comparada as demais cultivares. Neste ensaio foi observado foi observada a recuperação rápida do genótipo tolerante após a reidratação. Além disso, todos os genótipos apresentaram aumentos relevantes na condutância estomática (g_s), assimilação de CO₂ (P_N) e na transpiração (E) e *EUA*. Resultados semelhantes foram encontrados por Machado (2009) e Pedroso (2010), onde as plantas de cana-de-açúcar estressadas conseguiram atingir os valores das plantas controle para esses parâmetros, comprovando a extrema capacidade de recuperação da cana-de-açúcar após a reidratação. A variação genotípica observada para *EUA* no período de deficit hídrico moderado para (Tabela 48) não se sustentou durante o máximo estresse (Tabela 60), onde só foi detectada diferença entre tratamentos. Tal variação volta a ficar evidente após o restabelecimento do fornecimento hídrico, seguindo parcialmente a classificação de genótipos quanto a esse parâmetro, onde 'IACSP 03-8014' apresentou os maiores valores de *EUA* antes e após o estresse, com destaque também para 'IACSP 94-2094', que também apresentou desempenho superior para *EUA* após a reidratação (Tabela 63). A cultivar tolerante não apresentou mudanças durante a terceira coleta entre os tratamentos seca/irrigado quanto a eficiência do uso da água, chegando a apresentar *EUA* maior para o tratamento de sequeiro logo após a reidratação (Tabela 63).

Os parâmetros fotoquímicos também foram afetados pela seca para esse experimento. Quando expostas a seca, as plantas podem sofrer danos fotoquímicos, causando

fotoinibição (Long et al., 1994), que pode ter a função de fotoproteção, dissipando o excesso de energia e minimizando o dano ao aparato fotossintético em condições estressantes (Biswal & Biswal, 1999). Dessa forma, a energia que seria usada na atividade fotoquímica é desviada para fluorescência (qP) ou para a geração de calor (NPQ). O transporte aparente de elétrons, que representa uma medida global da atividade fotoquímica, se reduziu significativamente em todas as enquanto que os valores de coeficiente de extinção não-fotoquímica da fluorescência aumentaram sob seca, indicando que a energia fotoquímica foi em grande parte perdida através de geração de calor. O FSII é considerado uma das partes do aparato fotossintético mais vulneráveis a danos induzidos pelo excesso de luminosidade, já que é a estrutura responsável por captar a luz, e, dessa forma, quando expostas a seca, as plantas podem sofrer danos fotoquímicos, causando fotoinibição (LONG; HUMPHRIES; FALKOWSKI, 1994), a qual pode ter função protetora na dissipação do excesso de energia na forma de calor, minimizando assim o dano ao aparato fotossintético em condições estressantes (BISWAL; BISWAL, 1999). O déficit hídrico reduziu significativamente a eficiência quântica potencial do fotossistema II (F_v/F_m) somente durante o período de máximo estresse (Tabela 57), sendo que anteriormente ao estresse os genótipos já apresentavam diferenças entre as médias totais, mostrando que já existe uma variação natural para esse parâmetro mesmo em plantas sob boa disponibilidade hídrica (Tabela 49), onde os maiores valores foram observados para os genótipos nos genótipos ‘IACSP 97-3391 e ‘IACSP03-8125’ após 15 dias de suspensão da rega (Tabela 49), enquanto após 21 dias de seca houve variação entre tratamentos e genótipos, sendo o material ‘IACSP01-8112’ o mais negativamente afetado (Tabela 57). Assim como nas avaliações de campo, o genótipo tolerante ‘IACSP 94-2094’ mostrou altos valores de F_v/F_m , os quais, associados à elevada perda da energia em forma de calor indicam a presença de um mecanismo de fotoproteção eficiente nessa variedade durante o déficit hídrico, reduzindo a atividade fotoquímica para evitar a danificação do aparato fotossintético, enquanto que, ‘IACSP97-7065’ não sofre alterações significativas nas medidas de fluorescência, o que indica uma alta eficiência de uso da radiação solar nesse genótipo. Dessa forma, a seca deve influenciar a cultivar ‘IACSP97-7065’ através de outros fatores que não fotoquímicos, principalmente os de trocas gasosas e fotossíntese, conforme discutido anteriormente.

Já com relação à eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_M$) e o transporte aparente de elétrons (ETR), o tratamento de seca foi responsável por afetar negativamente ambos já a partir da segunda coleta (Tabelas 50 e 51), sendo que o genótipo ‘IACSP03-8125’ apresentou os maiores valores para os dois parâmetros nessa coleta, estatisticamente

superiores à ‘IACSP01-8112’. Já para o deficit hídrico severo, o genótipo com pior performance foi ‘IACSP 03-8189’, o qual foi estatisticamente inferior à ‘IACSP 96-7586’, ‘SP 87-365’ e ‘IACSP 03-8125’, tanto para $\Delta F/F_M$ quanto para ETR (Tabelas 56 e 58). Após a reidratação, não foram observadas diferenças para as médias dos genótipos ou dos tratamentos para ambos os parâmetros. Enquanto $\Delta F/F_M$ e ETR decresceram significativamente durante o período de deficit hídrico conforme esperado, que os coeficientes de extinção não fotoquímica da fluorescência (NPQ e qN), utilizados para representar o aumento na dissipação térmica da energia resultante da insuficiência de carbonos para serem assimilados, foram significativamente mais elevados para todos os genótipos na condição de seca já durante o estresse moderado (após 15 dias de suspensão de rega, Tabela 53) e também durante o máximo estresse (Tabela 59). Apesar disso, não houve diferenças entre genótipos durante o período de estresse, apenas após a reidratação (Tabela 66). A redução em ETR aliada ao aumento em NPQ e qN indica que a energia fotoquímica estava em grande parte sendo perdida através de calor.

Os padrões de tolerância e sensibilidade adotados nesse projeto (‘IACSP 96-7586’ e ‘IACSP 94-2094’ para tolerância; ‘IACSP 97-7065’ e ‘SP 87-365’ para sensibilidade) foram amostrados para análises de expressão gênica. Pode ser observado que no momento de máximo deficit hídrico (07/07/2010; 21 dias após a imposição do tratamento), os genótipos ‘IACSP97-7065’ e ‘IACSP96-7586’ foram os mais afetados pelo deficit hídrico apresentando uma redução na assimilação de CO_2 (P_N) de 13 e 8 vezes respectivamente, relativo as plantas controle irrigadas (Tabela 53). Nesse mesmo momento, ‘IACSP94-2094’ apresentou diferenças menores de P_N , g_s e E nas plantas sob deficit hídrico em relação aos controles (Tabelas 53, 54 e 55). Com base nesses resultados, pode-se deduzir que o genótipo com a menor variação na condutância estomática e conseqüentemente, menor taxa de transpiração, apresentou maior taxa fotossintética quando submetido a estresse hídrico, o que seria uma característica desejável. Em ensaio anterior, a cultivar ‘IACSP94-2094’ apresentou fechamento estomático antecipado como resposta ao deficit hídrico, mas manteve o nível de potencial hídrico na folha durante a imposição do deficit na fase inicial de desenvolvimento (MACHADO, 2009). Também foi observado que o acúmulo de carboidratos solúveis, com exceção da sacarose, poderia estar relacionado com o seu melhor desempenho em condição adversa (MACHADO 2009).

Em resumo, a análise da atividade fotoquímica sugerem que os menores valores de eficiência quântica potencial do fotossistema II na variedade ‘IACSP94-2094’, associado à elevada perda da energia em forma de calor em relação a ‘IACSP97-7065’, indicam a

presença de mecanismo de fotoproteção dessa variedade ao déficit hídrico, reduzindo a atividade fotoquímica para evitar a danificação do aparato fotossintético. De forma a utilizar todos os dados dos parâmetros fisiológicos obtidos para discriminar os genótipos, foi conduzida uma análise multivariada (dados não mostrados). Apesar das diferenças observadas entre os experimentos de campo e casa de vegetação para os parâmetros fisiológicos, por meio de análise multivariada observou-se que as variedades selecionadas como padrões ('IACSP94-2094', 'SP87-365' e 'IACSP97-7065') são posicionadas de tal forma que se apresentam distanciadas umas das outras, indicando que realmente apresentam resposta à seca diferenciada (dados não mostrados).

Durante a reidratação, os genótipos de cana-de-açúcar recuperaram os valores das medidas de fluorescência nos diversos experimentos realizados (PEDROZO, 2010; MACHADO, 2009; INMAN-BAMBER, 1995), demonstrando a plasticidade dos genótipos de cana-de-açúcar em responder a mudanças nas condições hídricas e dando suporte a hipótese de que mecanismos básicos da bioquímica fotossintética e fotoquímica (não-estomática) não são comprometido pelo déficit hídrico moderado, sendo portanto, a regulação da fotossíntese líquida durante o estresse hídrico em cana-de-açúcar realizada principalmente pelo estômato (PEDROZO, 2010).

3.4 Simulação de déficit hídrico pela adição de Polietilenoglicol (PEG) ou Ácido Abscísico (ABA) em meio de cultivo *in vitro*

Inicialmente, este experimento foi desenhado com o objetivo de desenvolver metodologia de simulação/indução de déficit hídrico em cana-de-açúcar cultivada *in vitro*. Foram realizados diversos experimentos anteriores para definição do protocolo a ser empregado, onde foram testados doses de PEG e ABA a serem empregadas, volume do meio de cultivo, tempo de cultivo sob exposição ao PEG e parâmetros morfológicos a serem avaliados. Após a otimização do protocolo a ser utilizado, plântulas das cultivares 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' em fase de enraizamento foram sub-cultivadas para meio MS contendo 15% PEG 8000 ou 100 μ M ABA. As plântulas submetidas ao PEG e ao ABA, juntamente com as plantas controle, foram coletadas as 0, 6, 12, 24 e 72 h após exposição.

Cerca de 48 h após a imposição de ambos os tratamentos com PEG e ABA, as plântulas apresentaram respostas típicas ao déficit hídrico em ambos os tratamentos, como folhas enroladas, amareladas e secas (Figura 21), além de uma redução média de massa fresca

das plântulas (não mostrado). As plântulas submetidas ao PEG apresentaram cor avermelhada no meio de cultura, como já observado durante os experimentos preliminares, provavelmente devido ao extravasamento de compostos fenólicos para o meio (van der WEELE et al., 2000). O RNA total das plantas controle e expostas ao PEG e ABA foi extraído, teve sua integridade confirmada via eletroforese em gel de 1,2% agarose e concentração estimada via Nanodrop (dados não mostrados), e seriam utilizados para análises de expressão via RT-qPCR, utilizando genes associados à resposta ao deficit hídrico identificados a partir da análise dos microarranjos e RNAseq. . Porém, devido ao fato de não ser possível realizar em plântulas cultivadas *in vitro* a avaliação de parâmetros fisiológicos que confirmassem o estado fisiológico das plantas e fossem passíveis de comparação com os experimento de seca em campo e em casa de vegetação, decidiu-se desenvolver uma nova metodologia de exposição ao PEG em plantas de cana-de-açúcar cultivadas em condições hidropônicas, em detrimento do cultivo *in vitro*. Portanto, o experimento *in vitro* teve seu material vegetal coletado e armazenado, para caso haja interesse em futuras avaliações de expressão gênica pelo grupo do Laboratório de Melhoramento de Plantas ou do Centro de Cana do IAC.

Figura 21 - Plântulas das cultivares 'IACSP 94-2094' (1) e 'IACSP 97-7065' (2) *in vitro* em meio MS líquido (20 g L⁻¹ sacarose, pH 5,8). Tubos à esquerda, controle; tubos à direita, tratamento com 15% PEG (A) e 100 µM ABA (B).

3.5 Simulação de deficit hídrico pela adição de Polietilenoglicol (PEG) em solução nutritiva (hidroponia)

Este ensaio foi desenhado com o objetivo de desenvolver metodologia de simulação/indução de deficit hídrico em cana-de-açúcar cultivada *in vivo*, agora em sistema hidropônico em detrimento do cultivo *in vitro*, de modo a permitir a avaliação dos mesmos parâmetros fisiológicos avaliados para os experimentos de campo e de casa de vegetação, num sistema mais rápido e sem a necessidade de esperar as plantas completarem o ciclo da cultura. O experimento foi conduzido adicionando-se polietilenoglicol à solução nutritiva de crescimento de plântulas de cana para simular a indução de deficit hídrico. O PEG é conhecido por causar diminuição do potencial osmótico da solução nutritiva, fazendo com que as plantas não consigam absorver a água da solução que apresenta níveis mais negativos de potencial do que a própria raiz (STEUTER, MOZAFAR & GOODIN, 1981). Além disso, devido à sua viscosidade, o PEG pode impedir que as raízes das plantas façam absorção de água, além de causar uma situação de anorexia, levando possivelmente à morte dessas raízes e formação de novas raízes. Diversos trabalhos utilizam do polietilenoglicol para induzir ou simular à deficiência hídrica (VERSLUES, OBER & SHARP, 1998; van der WEELE et al., 2000), porém não foram encontradas referências a trabalhos que tenha comparado essa resposta à experimentos de campo ou condições controladas em casa de vegetação. Portanto, decidiu-se realizar este experimento com os mesmos genótipos pré-definidos para teste de hipóteses deste trabalho ('IACSP 94-2094' e 'IACSP 97-7065'), os quais também foram avaliados no campo e na casa de vegetação, para comparação dos resultados e desenvolvimento de uma metodologia fidedigna de simulação de deficit hídrico utilizando-se PEG.

O experimento foi montado em 02/02/2010, com o plantio de toletes para a obtenção de mudas dos dois genótipos testados, e as plântulas foram mantidas em bandejas por cerca de 30 dias. Após esse tempo, as plântulas passaram por uma semana de aclimação já nos potes contendo solução de hidroponia e um pouco de substrato, porém sem a presença de PEG. Após o período de aclimação, as plântulas foram mantidas nos potes somente em solução nutritiva, sendo que inicialmente a solução era trocada de sete em sete dias, ou então sempre que o pH atingia valores abaixo de 4,0. Os valores de condutividade eletrolítica também foram monitorados para avaliar a disponibilidade de macro e micronutrientes na solução nutritiva (dados não mostrados). Após o crescimento das plantas por cerca de dois meses, o intervalo de troca de solução nutritiva foi reduzido para cerca de 5 a 3 dias, ou então sempre

que o pH atingia valores abaixo de 4,0. O tratamento com PEG foi iniciado em 19/07/2010, quando as plantas estavam com aproximadamente 5 meses e meio, e cerca de 140 dias após aclimação das plantas para o sistema hidropônico. Foram testadas doses crescentes de PEG (m/v): 7,5 e 15% PEG além do controle sem adição de PEG, sendo que foram obtidos os valores de potencial osmótico para cada uma das doses testadas, conforme observado na Figura 22. O controle e as doses 7,5 e 15% PEG atingiram valores de potencial osmótico de -0,10, -0,22 e -0,36 MPa respectivamente (Figura 22). As plantas ficaram expostas ao PEG por 96 h, e as avaliações fisiológicas e coletas de material foram realizadas 24 e 72 h após o início do tratamento, a fim de se avaliar a resposta inicial e a dessecação causada pelo PEG. Após 96 h as plantas expostas ao PEG foram colocadas novamente em solução nutritiva sem adição do agente estressor, para avaliação da resposta de 'reidratação', porém não foi possível avaliar os parâmetros fisiológicos após a volta ao cultivo em condições hidropônicas normais, devido à impossibilidade de usar o aparelho, e portanto as análises fisiológicas não foram realizadas. Como não seria possível avaliar a fisiologia de recuperação do estresse, foi decidido que não seriam realizadas coletas de material vegetal para análise molecular.

Figura 22 - Reta de regressão linear dos potenciais osmóticos obtidos para a solução nutritiva sem adição de PEG (A), com adição de 7,5% (B) ou de 15% (C) de PEG. Valores obtidos com três repetições para cada tratamento.

Plantas de 'IACSP 94-2094' tiveram melhor desempenho sob condições de deficiência hídrica por exposição ao PEG se comparadas com plantas da 'IACSP97-7065', apresentando diferenças visuais claras (Figura 23), principalmente na dose de 15% PEG. O estado hídrico foi avaliado através do conteúdo relativo de água (RWC) e potencial hídrico (Ψ) das folhas (Figura 24 e 25). Antes da exposição ao agente estressor, não foram detectadas diferenças para RWC em ambos genótipos. Após 24 h de exposição, o RWC no genótipo tolerante foi afetado significativamente apenas na dose de 15% PEG, enquanto que o genótipo sensível mostrou redução significativa do RWC já para a dose de 7,5%, havendo redução

ainda maior para a dose 15% (Figura 24). A dose de 7,5 % de PEG também não foi suficiente para causar efeitos na em 'IACPSP 94-2094' após 72 h de exposição, ao contrário do que aconteceu para 'IACPSP 97-7065', que apresentou diferenças significativas para esta dose tanto para Ψ quanto RWC (Figura 24 e 25). Entretanto, pode ter havido uma aclimação ao estresse após a exposição inicial, visto que os valores de RWC para a dose de PEG 15% às 72h já não foram tão baixos quanto para o tempo de 24h. Os valores de Ψ foliar das plantas submetidas aos três tratamentos foram consistentes com os valores de potencial osmótico das respectivas soluções (Figuras 22 e 25). A única exceção ocorreu para 'IACPSP 94-2094' na dose de 15% que apresentou valores de Ψ menos negativos (-0,24 MPa) do que o potencial da solução (-0,36 MPa), evidenciando que este genótipo possui um mecanismo de ajuste de Ψ que o ajuda a evitar potenciais negativos, o que seria mais custoso para a planta. Os valores de Ψ e RWC foliares obtidos indicaram que 'IAC94-2094' apresentou melhor manutenção no equilíbrio hídrico, fato que reflete na sua melhor capacidade de manter Ψ foliar em situações de baixo potencial do meio ou então de tolerar a desidratação resultante da seca, evidenciando um mecanismo de resposta à seca mais eficiente do que 'IACPSP97-7065' (Figura 24 e 25).

Figura 23 - Aspecto visual de plantas das cultivares 'IACSP 94-2094' e 'IACSP 97-7065' após 72 h sob efeito de doses crescentes de PEG em hidroponia. (A) Controle; (B) PEG 7,5%; (C) PEG 15%. Plantas da esquerda: IACSP94-2094, Plantas de direita: IACSP97-7065

Figura 24 - Conteúdo relativo de água (RWC) de plantas das cultivares 'IACSP 94-2094' e 'IACSP 97-7065' antes da exposição, 24 h e 72 h após exposição à doses crescentes de PEG em hidroponia. Em azul: controle; em marrom : PEG 7,5%; em verde: PEG 15%. (A) IACSP94-2094; (B) IACSP97-7065 (n=3 $\pm$ erro padrão)

Figura 25 - Potencial hídrico da folha das cultivares 'IACSP94-2094' (esquerda) e 'IACSP97-7065' (direita) após 72 horas de exposição ao PEG. (n=3). Em azul: controle; em marrom : PEG 7,5%; em verde: PEG 15% (n=3 $\pm$ erro padrão)

As avaliações fisiológicas foram realizadas na antemanhã (6:00 h em diante) e no período vespertino (a partir das 13:30) dos dias 20/07/2010 e 22/07/2010, após 24 e 72 h respectivamente da exposição das plantas ao tratamento com PEG na solução. Os parâmetros fisiológicos de trocas gasosas e fotoquímicos avaliados foram os mesmos avaliados para os experimentos de campo e de casa de vegetação, com a inclusão de mais um parâmetro de troca gasosa denominado Eficiência intrínseca do uso da água (EUA_i), que é calculado com o uso das medidas de fotossíntese e de condutância estomática conforme fórmula abaixo: Este parâmetro é similar à eficiência do uso da água, porém utiliza a condutividade no denominador ao invés da transpiração ($EUA_i = P_N/g_s$).

Equação 8

$$EUA_i = \frac{P_n}{g_s}$$

Os resultados obtidos com as análises fisiológicas estão descritos nas figuras de 26 a 31. Para a primeira avaliação, realizada 24h após exposição ao PEG pode-se observar que para 'IACSP 94-2094' os valores de assimilação de CO_2 (P_N), de condutância estomática (g_s) e de transpiração (E) apresentaram reduções apenas para a dose de 15% PEG, tanto no período da manhã quanto no período da tarde (Figura 26), sugerindo a ocorrência de mecanismo de fechamento estomático precoce e redução da perda de água por transpiração nesse genótipo, conforme observado também para os experimentos de campo. Já o genótipo 'IACSP97-7065' apresentou redução significativa em P_N para a dose de 15% PEG nas medidas realizadas na antemanhã, porém para o período vespertino a dose de 7,5% já foi suficiente para causar redução significativa, provavelmente devido à maior intensidade luminosa desse período do dia. A condutância estomática não variou significativamente para

este genótipo para o período da manhã, sendo detectada variação apenas para o período da tarde assim como para fotossíntese, onde novamente a dose de 7,5% já foi suficiente para causar uma redução na condutância, sugerindo que esse genótipo não apresenta um mecanismo fino bem desenvolvido de percepção e ajuste das trocas gasosas ao déficit hídrico, assim como observado para os experimentos de campo. É importante observar que, assim como observado para os experimentos de campo e casa de vegetação, o genótipo tolerante 'IACSP 94-2094' apresentou níveis basais de g_s inferiores aos de 'IACSP 97-7065' (Fig 26), fato que pode representar numa vantagem adaptativa no sentido de ter um fechamento estomático mais eficiente e imediato, uma vez que não é necessária uma variação brusca dos valores de condutância para causar o fechamento dos estômatos.

Os valores de EUA e EUA_i apresentaram variação similar aos de P_N , onde 'IACSP 94-2094' apresentou valores praticamente constantes, enquanto que 'IACSP 97-7065' apresentou variação para a dose de 15% nas medidas da manhã, e já a partir da dose de 7,5% para o período da tarde (Fig 26 e 27). Tal variação nos valores de P_N e EUA estão de acordo, já que a eficiência do uso da água depende diretamente da condutância estomática e da fotossíntese, a qual apresentou padrão de variação similar à EUA , porém a diminuição brusca nos valores de P_N , EUA e EUA_i no genótipo sensível durante o período da manhã mostra que, em potenciais hídricos mais baixos (-0,36 Mpa) as plantas tendem a sofrer mais mesmo com baixa energia luminosa disponível, e com o aumento da luminosidade e energia disponível no período da tarde essa variação já começar a ficar evidente em potenciais hídricos não tão negativos como os apresentados por 'IACSP 97-7065' e pela solução com 7,5% PEG (Fig 22, 25, 26 e 27). O fato de o genótipo sensível não apresentar uma variação tão brusca para estes parâmetros em nenhuma das doses pode ser decorrente da adaptação do potencial hídrico foliar, o qual mesmo em solução nutritiva com potencial baixo (-0,36 MPa), não apresentou níveis de Ψ tão baixos (0,24 MPa, Fig 22 e 25). A razão entre a concentração intercelular e atmosférica de carbono foi inversamente proporcional à fotossíntese, conforme esperado, uma vez que com os estômatos fechados para evitar transpiração ocorre também uma diminuição de P_N e consequente aumento no carbono intercelular disponível para fotossíntese, o qual não está sendo consumido (Fig 27).

As avaliações dos parâmetros fotoquímicos para esta coleta evidenciaram o melhor ajuste dos mecanismos fotoquímicos de resposta ao estresse do genótipo tolerante 'IACSP 94-2094', o qual foi mostrou melhor resposta para a eficiência quântica do FSII (F_v/F_m), conforme observado para Figura 27 e também para os experimentos de campo (Tabelas 19, 28 e 37). Novamente podem ser observadas variações mais bruscas para o período vespertino,

devido à maior disponibilidade luminosa, o que afeta o direcionamento da energia para a fase fotoquímica da fluorescência. Já para a eficiência quântica efetiva do FSII não foram observadas variações para este período (Figura 27).

Os coeficientes de extinção fotoquímicos (qP) e não fotoquímicos (qN e NPQ) também apresentaram variação já para esta coleta, sendo que para qP já havia a diferença genotípica basal, sendo que o estresse causou um abaixamento significativo dos valores de qP para o genótipo sensível tanto no período da manhã quanto à tarde, enquanto que para o tolerante não houve variação (Figura 28). Interessantemente, para qN e NPQ houve variação genotípica apenas para o período da manhã, enquanto que para a variação dentro do genótipo houve tendência de aumento para os dois parâmetros, conforme o aumento da dose de PEG (Figura 28), reforçando a idéia de que os genótipos estão dissipando o excesso de energia luminosa captada por dissipação por calor. Já a taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) o genótipo sensível apresentou variação negativa significativa para os dois períodos avaliados, enquanto que para 'IACSP 94-2094' apresentou valores relativamente constantes (Fig 28), corroborando a hipótese de que esse genótipo possui um mecanismo de tolerância através da resposta fotoquímica e de trocas gasosas mais bem elaborado.

Figura 26 - Assimilação de Carbono(P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), Condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), Transpiração (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) e Eficiência do uso da água (P_N/E) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a primeira coleta (20/07/2010) 24 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde

Figura 27 - Taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$), Eficiência intrínseca do uso da água (P_n/g_s), Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) e . Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a primeira coleta (20/07/2010) 24 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde

Figura 28 - Coeficientes de extinção fotoquímicos (qP), Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) e Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao déficit hídrico (exposição ao PEG) durante a primeira coleta (20/07/2010) 24 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 $\pm$ erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde

Para a segunda coleta, realizada em 22/10/2010 portanto 72 h após a exposição ao PEG, houve variação drástica para diversos parâmetros gasosos e fotoquímicos. Para a assimilação de carbono (P_N), foi observada variação no período da manhã já para a dose de 7,5% PEG para o sensível ‘IACSP 97-7065’ e apenas para a dose de 15% PEG para o tolerante ‘IACSP 94-2094’ (Fig 29). Tal variação reflete as variações dos níveis de fotossíntese basais, uma vez que foram avaliados durante a antemanhã. Durante a tarde, com o aumento da energia luminosa disponível houve aumento dos valores de P_N para os tratamentos, sendo que alguns deles atingiram os níveis de fotossíntese do controle não tratado (Figura 29).

As medidas de condutância estomática e transpiração apresentaram redução no genótipo tolerante já durante o período de antemanhã para esta coleta na dose de 15% PEG, enquanto que não houve variação para o genótipo sensível para nenhum das doses. Durante o período vespertino, não foram observadas diferenças intragenotípicas para nenhuma das doses ou genótipos para g_s , havendo diferenças apenas para E em ‘IACSP 97-7065’ na dose de 15%. Assim como para os experimentos de campo, pode-se observar que o ‘IACSP 94-2094’ apresenta níveis basais de g_s inferiores aos de ‘IACSP 94-2094’ (Figura 29). Os valores de EUA e EUA_i para esta coleta apresentaram variações intragenotípicas bruscas, principalmente para as aferições realizadas na antemanhã, que representam o nível basal desses parâmetros nas plantas. O genótipo tolerante praticamente não apresenta variação para estes parâmetros em nenhuma dose ou período do dia avaliado (Figura 29 e 30), enquanto que o sensível apresenta queda em ambos os parâmetros quando expostos a qualquer dose de PEG. Todavia, durante o período da tarde foi observado um aumento dos níveis de EUA e de EUA_i , conforme esperado devido ao aumento da fotossíntese durante esse período (Figura 29 e 30).

A Figura 30 mostra que não houve variação intragenotípica para a concentração de carbono intercelular e atmosférico durante o período da manhã, havendo apenas diferença entre genótipos, onde ‘IACSP 94-2094’ apresentou valores de C_i/C_a inferiores aos de ‘IACSP 97-7065’. Já durante a tarde, pode-se observar um aumento em C_i/C_a para a dose de 15% no genótipo sensível, provavelmente devido a queda dos valores de fotossíntese (Figura 29).

As avaliações da fase fotoquímica mais uma vez demonstraram uma melhor resposta e adaptação ao estresse osmótico do genótipo tolerante ‘IACSP 94-2094’, uma vez que não foram detectadas variações significativas para este genótipo para F_v/F_m em nenhum dos períodos avaliados para esta coleta (Figura 30). Já o sensível ‘IACSP 97-7065’ apresentou queda nos valores de F_v/F_m para a dose de 15% para os dois períodos avaliados (Figura 30).

Para os demais parâmetros fotoquímicos avaliados, foi possível detectar variação para a eficiência quântica efetiva do FSII ($\Delta F/Fm'$) para a dose de 7,5% PEG durante o período da manhã no genótipo tolerante. Tal variação foi significativa não somente intra mas também intergenotípica (Figura 30), porém para as demais aferições não foi possível detectar diferenças para nenhuma das doses ou dos períodos avaliados para nenhum dos genótipos.

O mesmo padrão observado para $\Delta F/Fm'$ foi detectado para qP e ETR , mostrando que o genótipo tolerante estava utilizando a fluorescência fotoquímica da clorofila para dissipar o excedente de energia luminosa que estava sendo captava, e assim ajudar na manutenção da homeostase celular. Tal fato pode ser responsável pela ausência de sensibilidade desse genótipo para essa dose de PEG, pois as vias fotoquímicas estariam atuando como um dreno da energia excedente, evitando que ela causasse oxidação de componentes celulares (Figura 31). Por fim, não foram observadas variações intra ou inter genotípicas para os coeficientes de extinção não-fotoquímicos qN e NPQ , mostrando que não estava ocorrendo dissipação de energia através de calor (Figura 31).

Os dados obtidos no experimento de hidroponia contendo PEG foram consistentes com os dados de campo, corroborando a hipótese testada. Pode-se observar pelos experimentos em campo, casa de vegetação e hidroponia que, após a exposição inicial ao estresse hídrico (seca ou polietilenoglicol), ocorre uma tendência de os genótipos se aclimatarem com a situação adversa, de maneira a buscar um equilíbrio hídrico (no caso da seca) ou osmótico (no caso de exposição ao PEG). A resposta da cultivar 'IAC94-2094' no que se refere ao Ψ e RWC foliar foi consistente com dados obtidos em outros ensaios (deficit hídrico em casa de vegetação; MACHADO, 2009), que demonstrou que essa cultivar possui a capacidade de melhor regular seu potencial de água, possivelmente pela síntese de açúcares distintos da sacarose. Essa habilidade maior da 'IACSP94-2094' de controlar seu potencial hídrico pode ser adicional a outros mecanismos de tolerância, e ajuda no sentido que evita que a planta tenha de lidar com potenciais muito negativos, o que é mais custoso fisiologicamente para as plantas, ao mesmo tempo que permite que haja um maior tempo de resposta e aclimação às condições inversas. O uso de cultivo hidropônico contendo 15% PEG se mostrou como um sistema eficiente para avaliar diferenças entre genótipos e pode ser empregado na triagem de eventos para resposta ao deficit hídrico em estudos de genoma funcional. As respostas fisiológicas de fechamento estomático, transpiração e assimilação de CO_2 deveriam ser avaliadas num período superior a 72 h e possivelmente em solução mais concentrada de PEG, com potenciais osmóticos chegando a níveis inferiores à -0,8 MPa).

Figura 29 - Assimilação de Carbono (P_N , μmol m⁻² s⁻¹), Condutância estomática (g_s , mol m⁻² s⁻¹), Transpiração (E , mmol m⁻² s⁻¹) e Eficiência do uso da água (P_N/E) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a segunda coleta (22/07/2010) 72 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP (n=3 ± erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde

Figura 30 - Taxa de carbono interno sob taxa de carbono atmosférico (C_i/C_a , $\mu\text{mol mol}^{-1}$), Eficiência intrínseca do uso da água (P_n/g_s), Eficiência quântica potencial (F_v/F_m) e . Eficiência quântica efetiva do fotossistema II ($\Delta F/F_m'$) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao deficit hídrico (exposição ao PEG) durante a segunda coleta (22/07/2010) 72 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde

Figura 31 - Coeficientes de extinção fotoquímicos (qP), Coeficientes de extinção não fotoquímicos (qN e NPQ) e Taxa de transporte aparente de elétrons (ETR) de 2 genótipos de cana-de-açúcar mantidos sob disponibilidade hídrica adequada (Solução hidropônica) ou submetidos ao déficit hídrico (exposição ao PEG) durante a segunda coleta (22/07/2010) 72 h após o início do tratamento em ensaio de casa de vegetação em Piracicaba, SP ($n=3 \pm$ erro padrão). Gráficos à esquerda, medidas realizadas na antemanhã; à direita, medidas realizadas no início da tarde

As avaliações fisiológicas evidenciaram a adequação dessa abordagem para avaliação de déficit hídrico de forma rápida e controlada. Amostras vegetais das plantas submetidas a todos os tratamentos foram coletadas para as avaliações de expressão gênica. O RNA total foi extraído, teve sua integridade confirmada através de eletroforese em gel de 1,2% agarose e sua concentração foi estimada com uso do *Nanodrop*, sendo utilizado para síntese de cDNAs para análises de expressão via qPCR de genes envolvidos na resposta ao déficit hídrico. Os iniciadores utilizados foram aqueles selecionados para validação dos experimentos de microarranjos (*PSII*, *SRP*, *Zeaxanthin*, *CesA*, e *Fasciclin*; Tabela 4), e RNAseq (*DREB*, *Dehydrin*, *Phosphorilase*, *Aquaporin*, *LEA*, *AP2*, *MYB*, *Proline DH*, *Ferredoxin*, *Serine-Threonine*, *ABA-ripening*, *DREB 2*, *ERD1*, *HSP*, *USP*, *Methyltransferase*, *NAM*, *Carbonic Anhydrase* e *GST*; Tabela 5), devido ao conhecimento de que tais genes são induzidos (*up* ou *down-regulated*) sob estágio de seca. As discussões sobre os ensaios moleculares de microarranjos e RNAseq constam na seções 3.7 e 3.8, respectivamente. As análises moleculares de qPCR dos ensaios de hidroponia serão discutidas no item 3.9.

3.6 Avaliação da tolerância ao tratamento com metil viologen (Paraquat)

O ensaio de tratamento de disco foliares com metil viologen (Paraquat) foi utilizado para avaliar a capacidade dessa metodologia em discriminar genótipos de cana-de-açúcar em relação à tolerância ao déficit hídrico. Tal método tem potencial para ser utilizado como uma ferramenta rápida de avaliação da resposta de diversos genótipos submetidos a condições de déficit hídrico. O intuito dessa metodologia é a realização de um *screening* inicial de materiais tolerantes ao déficit hídrico em largas coleções de genótipos. Após as otimizações iniciais realizadas para as doses a serem empregadas, tempo de exposição ao paraquat, tempo de exposição à energia luminosa, volume de solução a ser utilizada e número de discos/segmentos foliares a serem utilizados, foi conduzido um ensaio com cinco cultivares comerciais, além de dois genótipos das espécies *Saccharum officinarum* (Muntok) e *Saccharum spontaneum* (SES). Houve diferenças significativas entre os genótipos para aspectos visuais (Figura 32) e para extravasamento de eletrólitos de acordo com a condutividade eletrolítica média da solução com discos foliares (n=3) expressa em aumento percentual em relação ao controle (Figura 33). As cultivares consideradas sensíveis a seca, ‘SP87-365’ e ‘IAC96-2042’, sofreram maior variação na condutividade relativa, enquanto as cultivares ‘IACSP94-2094’ e ‘SP80-3280’ juntamente com o parental selvagem SES (*S.*

spontaneum), considerados tolerantes, apresentaram menor variação. O genótipo Muntok Java (*S. officinarum*) apresentou comportamento intermediário, similar ao clone ‘SP87-344’. Estes resultados corroboraram as análises fisiológicas em termos de classificação dos genótipos em relação à resposta à seca.

Após esse ensaio com sete genótipos, foi realizado um novo ensaio com as dez cultivares utilizadas previamente no experimento de seca em campo e em casa de vegetação, para avaliar a resposta dessas cultivares à exposição ao Paraquat. Porém, a metodologia desse ensaio incorporou algumas modificações baseadas em otimizações de ensaio de resistência a herbicidas, que emprega amostras de segmentos foliares ao invés de discos foliares. Entretanto, alguns resultados não foram totalmente condizentes com os do ensaio anterior para a resposta de alguns genótipos, em específico a ‘IACSP94-2094’ (Figura 34), e há a necessidade de se otimizar e validar esses dados.

Figura 32 - Discos foliares das cultivares (‘IACSP96-2042’, ‘IACSP94-2094’, ‘SP87-365’, ‘SP80-3280’ e ‘SP87-344’) e da espécie *Saccharum officinarum* (Muntok Java) avaliadas após tratamento com solução contendo metil viologen (Paraquat) na dose de 50 mM

Razão: $\frac{\text{Paraquat}}{\text{Controle}}$ 161.4% 367.1% 309.1% 317.0% 240.1% 254.7% 106.7%

Figura 33 - Variação da condutividade eletrolítica das soluções com discos foliares, controle e tratamento (100 μM de Paraquat), 24 horas após exposição ao herbicida

Figura 34 - Variação da condutividade das soluções com segmentos foliares, controle e tratamento (100 μM de Paraquat), 24 horas após exposição ao herbicida

3.7 Análise de expressão gênica via microarranjos do experimento de seca em campo

As análises de microarranjos empregaram RNA extraído dos dois genótipos contrastantes ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ em duas condições de deficit hídrico (controle irrigado ou sob seca) e duas épocas (1ª e 4ª coleta, deficit hídrico moderado e severo) do ensaio de seca em campo, conduzido em Goianésia, GO. As hibridizações contrastaram para os fatores genótipos, deficit hídrico e época de coleta (deficit mais ou

menos severo em relação ao controle irrigado) junto com *swap* de fluorescência (Cy3 x Cy5) e respectivas réplicas biológicas em cada lâmina (Tabela 3). As hibridizações foram realizadas pelo Laboratório de Transdução de Sinais, do Instituto de Química da Universidade de São Paulo, *campus* da capital, com colaboração da Prof^a. Dr^a. Glaucia Mendes de Souza e sua equipe.

A análise dos dados identificou genes diferencialmente expressos entre as diversas condições contrastadas (Tabela 67, Figura 35). Os diversos contrastes foram analisados envolvendo os fatores genótipos, condições de cultivo (controle x deficit hídrico) e estágio de estresse (inicial x severo, 1^a e 4^a coletas, respectivamente). As análises realizadas empregando o método *HTSelf* detectaram um total de 622 genes diferencialmente expressos no tratamento sequeiro em comparação com o controle irrigado para todas as condições e coletas realizadas, dentre os 14.522 genes representados no chip *Agilent CaneRegNet*, o que representa 4,28% do total.

Figura 35 - *M x A plot* do experimento de microarranjos. A curva verde indica a região de *cut-off*, sendo que os genes referentes aos *spots* que estiverem fora da linha verde (acima e abaixo) são considerados DE

Para a primeira coleta realizada durante a fase inicial de deficit hídrico (maio de 2010), um total de 91 genes diferencialmente expressos foram identificados nas análises comparando-se o tratamentos deficit hídrico versus os controle irrigado (Tabela 67), sendo 5 genes comuns diferencialmente expressos para ambos genótipos (9 *up*, 1 *down*), 73 genes específicos para ‘IACSP 97-7065’ (33 *up*, 40 *down*) e 13 genes específicos para ‘IACSP 94-2094’ (12 *up*, 1 *down*). Os genes determinados como sendo diferencialmente expressos entre o tratamento sequeiro em relação ao controle tiveram suas sequências FASTA obtidas e foram classificados com relação a ontologia gênica utilizando-se o software *blast2go*, que permite que os genes sejam classificados de acordo com sua ontologia gênica (GO, gene ontology):

processos biológicos (P), função molecular (F), componente celular (C). Assim, para melhor entendimento do papel dos genes identificados, foram feitas análises agrupando-se os genes diferencialmente expressos exclusivos para o genótipo tolerante, para o sensível e também os genes diferencialmente expressos em comum entre os dois genótipos, tanto para a primeira (estresse inicial), quanto para a quarta coleta (estresse severo).

Tabela 67 - Número de genes diferencialmente expressos por microarranjos para diversos contrastes analisados envolvendo genótipos ('IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065'), duas condições de déficit hídrico (controle irrigado e seca) e época de coleta (déficit mais ou menos severo em relação ao controle irrigado), com indicação de número de genes induzidos (*up regulated*) ou reprimidos (*down regulated*)

Genótipos	Contraste	Fase	Genes Diferencialmente Expressos		
			Total	<i>up</i>	<i>down</i>
IACSP94-2094	controle x seca	1ª coleta	13	12	1
IACSP97-7065	controle x seca	1ª coleta	73	33	40
IACSP94-2094 & IACSP97-7065	controle x seca	1ª coleta	5	9	1
IACSP94-2094	controle x seca	4ª coleta	242	96	146
IACSP97-7065	controle x seca	4ª coleta	196	85	111
IACSP94-2094 & IACSP97-7065	controle x seca	4ª coleta	138	104	172
IACSP94-2094	1ª x 4ª coleta		392	165	233
IACSP97-7065	1ª x 4ª coleta		382	174	238
IACSP94-2094 x IACSP97-7065		1ª coleta	91	54	42
IACSP94-2094 x IACSP97-7065		4ª coleta	576	285	429
IACSP94-2094 x IACSP97-7065	1ª x 4ª coleta		622	339	471

O anexo 1 revela os genes determinados como diferencialmente expressos, suas identificações, anotações e o número de categorias de GOs associadas com cada gene identificado para a 1ª coleta, exceto aqueles que não apresentaram resultado para as análises de alinhamento do *BLAST*. Pode-se observar que para o genótipo tolerante a maioria dos genes diferencialmente expressos durante o período inicial de seca foram categorizados como envolvidos nos processos de oxidação-redução celular (5), processos metabólicos primários (2) e metabolismo celular (2) (Figura 36). Já para genótipo sensível, a maioria dos genes diferencialmente expressos também foram aqueles envolvidos em processos metabólicos primários (21) e celulares (18), porém outras categorias também apresentaram um número significativo de genes associados à elas, tais como processos biossintéticos (13), metabolismo de compostos nitrogenados (10), resposta a estresse (8) e resposta celular a estímulos (7) (Figura 37). Interessantemente, o genótipo sensível apresentou poucos genes

diferencialmente expressos envolvidos com processos redox (3 de um total de 78), se comparado com o genótipo tolerante (5 de 18) (Figura 37).

Figura 36 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094' durante a primeira coleta (estresse inicial) para as análises de expressão gênica global por microarranjos

Figura 37 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a primeira coleta (estresse inicial) para as análises de expressão gênica global por microarranjos

Para a condição de estresse inicial (1ª coleta, Anexo 1), os genes mais induzidos (*upregulated*) no genótipo IACSP94-2094 foram os relacionados à expressão de Taumatina (relacionada a Osmotina), um inibidor de protease que atua no combate a patogenicidade, além de genes codificadores de Expansinas, que atuam no crescimento e recondicionamento da parede celular, junto com diversos genes codificadores de citocromos P450, que atuam no combate ao estresse oxidativo; da enzima ACC (ácido 1-carboxílico-1-amino ciclopropano) oxidase, envolvida na biosíntese de etileno, e de proteínas presumíveis Tropinonas. O único

gene que teve sua expressão reduzida (*downregulated*) em relação ao controle foi o gene plattidial ERD1 (*early response to dehydration*), associado à resposta de estresse abiótico independente de ABA. O genótipo sensível ‘IACSP97-7065’ apresentou um número maior de genes diferencialmente expressos no tratamento de seca em relação ao irrigado, sendo que o gene mais induzido foi também o da Taumatina, uma PR-5 também conhecida como Osmotina, mostrando que ambos genótipos estava sujeitos a infecção por patógeno (principalmente mancha parda), conforme evidenciado pelas observações visuais durante as coletas. Ainda, alguns genes que possuem papel no crescimento e condicionamento de parede celular mostraram uma indução significativa na expressão, tais quais os genes codificadores de Expansinas, e de enzimas beta-1,3-glucanase que atuam na degradação de glicanas da parede celular, bem como genes codificadores do fator de transcrição DREB (*Dehydration-responsive element-binding*) e das enzimas GSTs (Glutathione S-transferase), que também apresentaram uma considerável indução na expressão no regime de seca em comparação ao irrigado. Já com relação aos genes *downregulated*, pode-se destacar o ERF8 (*ethylen-responsive transcription factor 8*) envolvido na resposta ao etileno; a trealose 6-fosfato fosfatase, envolvida no metabolismo de trealose; proteínas ELIP (*Early light-inducible protein*), envolvidas na absorção de energia luminosa durante a fotossíntese; além das proteínas ERF7, de várias quinases (*SNF-like kinase*; *Mitogen-activated protein kinase 9* - MAPK 9), e outras proteínas ainda não caracterizadas funcionalmente, mas previamente categorizadas como associadas à resposta ao déficit hídrico. As análises da primeira coleta evidenciaram ainda a resposta diferencial extrema de um gene codificador de GSTs entre as cultivares, o qual foi *upregulated* no genótipo tolerante, porém *downregulated* para o genótipo sensível (Anexo 3).

Para a condição de déficit hídrico mais severo, ou seja para a quarta coleta (agosto de 2010), 576 genes foram diferencialmente expressos nas plantas sob déficit hídrico quando comparadas ao controle, sendo 196 específicos para ‘IACSP 97-7065’ (85 *up*, 111 *down*), 242 específicos para ‘IACSP 94-2094’ (96 *up*, 146 *down*) e 138 com expressão comum aos dois genótipos (104 *up*, 172 *down*) (Tabela 67). Diversos genes previamente descritos como responsivos a seca foram detectados como diferencialmente expressos, bem como genes que ainda não foram relatados como possuindo um papel significativo na resposta ao déficit hídrico (Tabela 68). O Anexo 2 indica os genes determinados como diferencialmente expressos, com suas respectivas identificações, anotações e o número de categorias de GOs associadas com cada gene identificado para a 4ª coleta, exceto aqueles que não apresentaram resultado para as análises de alinhamento do *BLAST*. Para esta coleta verificou-se que para o genótipo

IACSP94-2094 as categorias de GOs mais abundantes foram aquelas relacionadas aos processos metabólicos celulares (84), primários (72), biossíntese (58), metabolismo de macromoléculas (54), processos de oxiredução (36), metabolismo de compostos nitrogenados (21), regulação de processos biológicos (14), metabolismo de hormônios (14), além de resposta ao estresse (12) e de estímulos químicos (12) (Figura 38). Ainda, foram observadas categorias que não são muito abundantes para o genótipo sensível, tais quais resposta a estímulo abiótico e metabolismo de pigmentos (4) (Figura 38 e 39). Já para ‘IACSP97-7065’, as categorias com mais GOs identificados também foram aquelas relacionadas ao metabolismo primário (51), metabolismo celular (49), biossíntese, metabolismo de macromoléculas (31) e de compostos nitrogenados (20) (Figura 39); porém ao contrário do genótipo tolerante e assim como ocorreu na primeira coleta, não foram constatados muitos genes pertencentes às categorias de processos de oxiredução (18), resposta a estresse (6) e a estímulos químicos (7) (Figura 39).

Para o genótipo ‘IACSP94-2094’, o gene que apresentou a maior indução na expressão no tratamento de seca severa em relação ao irrigado foi o codificador de lipoxigenase, enzima envolvida na via de biossíntese de jasmonato, seguido do fator de transcrição IAA12 (*auxin-responsive protein*); e de genes codificadores de proteínas MIP (*major intrinsic protein*), que pertencem a uma super família de proteínas-canal conhecidas como Aquaporinas que são reguladas sob déficit hídrico, além de desidrinas, que ainda não tem a função completamente elucidada, mas já foram reportadas diversas vezes como sendo induzidas sob déficit hídrico (Roelofs et al., 2008) (Anexo 2; Tabela 68). Genes relacionados à parede celular também foram induzidos durante esse período de seca no genótipo tolerante, tais como genes codificadores de Expansinas, enzimas CCR (*Cinnamoyl-coA reductase*), juntamente com fatores de transcrição, quinases e proteínas envolvidas no metabolismo de carboidratos (Tabela 68).

Figura 38 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094' durante a quarta coleta (estresse severo) para as análises de expressão gênica global por microarranjos

Figura 39 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a quarta coleta (estresse severo) para as análises de expressão gênica global por microarranjos.

Tabela 68 - Exemplos da identificação de genes diferencialmente expressos entre genótipos ('IACSP94-2094' ou 'IACSP97-7065'), com indução (em vermelho) ou repressão (em verde) identificados por análise de *microarray* em contraste entre genótipos e condições hídricas sob déficit severo (4ª Coleta). Números dentro dos colchetes representam os valores de “*fluorescence ratio*” para as duas repetições testadas

SAS ID	Descrição	IACSP94-2094	IACSP97-7065
Hormone biosynthesis			
SCRLLR1038H01.g	abscisic acid – Monooxygenase	down [0.48971,0.486327]	
SCCCLR1022A02.g	ethylene - ACC oxidase	up [3.65533,9.91766]	
SCJLRZ1024A04.g	Jasmonate – Lipxygenase	up [1.967,2.32947]	up [2.63902,3.89062]
SCJFRT1007H07.g	jasmonic acid – Lipxygenase	up [49.8665,48.8403]	up [8.28212,11.7942]
Photosynthesis			
SCJFLR1073E07.g	(Q40519) Photosystem II 10 kDa polypeptide - Water stress repressed	down [0.50698,0.482968]	
SCRFFL5043E04.g	(Q7YJV0) PSII T protein		down [0.578745,0.444421]
SCVPLR2005F03.g	(Q7YJX3) PSI P700 apoprotein A2		down [0.566442,0.351111]
Protein metabolismo			
SCCCCL5072C04.g	Beta-expansin	up [1.98206,6.63456]	
SCAGLR1043F02.g	chaperonin HSP70 (heat shock) (Calmodulin-binding protein)	down [0.521956,0.146604]	
SCCCCL3120G07.g	chaperonin HSP70 (heat shock) (Calmodulin-binding protein)	down [0.397768,0.0435857]	
Stress			
SCEZHR1087F06.g	cytochrome P450	up [2.58471,2.15846]	
SCCCCL3001H12.g	Cytochrome P450	up [2.51403,4.16986]	
SCQGLR1085F11.g	drought-induced Dehydrin	up [7.11074,5.61778]	up [9.57983,16.3362]
SCMCLR1122E10.g	NADPH-cytochrome P450 reductase; CPR; P450R	down [0.456916,0.546768]	
Stress response			
SCAGLR1064B05.g	Cytochrome P450	down [0.595428,0.550189]	
SCVPRZ2039E01.g	Cytochrome P450	down [0.222211,0.222211]	down [0.220676,0.25]
SCMCST1052H06.g	Cytochrome P450		down [0.320856,0.363493]
SCEPRZ1008H10.g	Cytochrome P450		up [2.14355,1.94396]
SCSBAD1054F08.g	Cytochrome P450		up [4.62675,2.9897]
SCJFRT1059C11.g	Drought and cold response	up [19.9733,5.9794]	up [3.22657,10.2674]
SCCCST3005E08.g	response to oxidative stress – Peroxidase	down [0.327598,0.366021]	
SCCCLR1024E02.g	Water stress		up [37.2715,21.259]
SCCCAM1001A05.g	Water stress	up [2.05623,2.09943]	up [2.26577,2.20381]
SCEZLB1005F06.g	Water stress		down [0.432269,0.400535]
SCJFRZ2014D06.g	Water stress	up [3.43426,1.97383]	
SCBGLR1023B11.g	Water stress	down [0.450625,0.560195]	
SCJLAM2093B10.g	Water stress	down [0.211686,0.371131]	down [0.289172,0.214641]

SCVPRZ3030G09.g	Water stress		up [3.34035,2.75108]
SCJFRZ2014D06.g	Water stress	up [3.43426,1.97383]	
SAS ID	Description	IACSP94-2094	IACSP97-7065
Transcription Factor			
SCJFAD1C12A04.b	AP2/EREBP		up [3.16017,2.63902]
SCJFRZ2007C05.g	bZIP	up [1.63807,1.93724]	
SCSGFL4194F09.g	bZIP - OCS-element binding factor / transcription factor HBP-1b	down [0.53108,0.411795]	
SCCCCL4005C09.g	bZIP	up [2.11404,3.01049]	
SCVPRZ2040C12.g	bZIP	down [0.515127,0.41466]	
SCEZRZ1016C02.g	F-box family protein		down [0.295248,0.231647]
SCCCLR1022C05.g	HLH	up [2.49666,2.58471]	
SCJFRZ2010A05.g	Homeobox	down [0.423373,0.389582]	down [0.336808,0.358489]
SCEQRT2093D08.g	hormone-related/auxin/Aux/IAA	up [16.9123,14.6213]	
SCEPLR1008A10.g	hormone-related/auxin/Aux/IAA		down [0.230047,0.15932]
SCQGLR1041E11.g	hormone-related/ethylene/AP2/EREBP - DRE binding protein (Tf CBF1)	up [2.34567,2.2974]	up [2.26577,2.15846]
SCEQAM2039A10.g	hormone-related/gibberellin		down [0.0871715,0.114229]
SCR FAM2128A12.g	MADS	down [0.53663,0.52268]	down [0.397768,0.309927]
SCCCCL4015C03.g	MADS	up [2.90794,4.75683]	
SCRLLR1059G12.g	MYB		down [0.496546,0.512634]
SCEQRT1024G12.g	MYB		down [0.526681,0.397768]
SCSBAD1085B04.g	MYB	up [1.63014,2.53151]	
SCJFRZ2015F02.g	MYB		down [0.332171,0.216134]
SCEPRT2048G05.g	NAM	up [4.85678,3.63008]	up [4.50023,4.56306]
SCCCCL3001D02.g	NAM (no apical meristem)		down [0.447513,0.45376]
SCQSLR1040E10.g	Zinc finger proteins	up [2.15846,3.13834]	
Uncategorized			
SCEQRT2027A10.g	Expansin-A2; OsEXPA2; Alpha-expansin-2; OsEXP2; OsaEXPa1.23	up [4.34694,6.27667]	
SCCCLB1023H08.g	Expansin-B3; OsEXPB3; Beta-expansin-3; OsaEXPb1.10	up [5.35171,8.1681]	
SCJFRZ2026G09.g	Thioredoxin H-type 2; Trx-H-2		down [0.56331,0.505226]
SCUTLR1058D05.g	Thioredoxin-like 1	up [2.46229,4.25748]	
SCBFRZ2017C12.g	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic	down [0.593368,0.53663]	
No matches			
SCCCLR1048D04.g	Probable glutathione S-transferase GSTU1	down [0.248273,0.198884]	down [0.403321,0.303549]

Em relação aos genes *down-regulated*, observou-se que os que mais apresentaram variação foram genes relacionados ao metabolismo de carboidratos [*sucrose phosphate synthase*; *UDP-glucosyltransferase*; *putative 6-phosphogluconolactonase*; *Beta-galactosidase*; *glucosyltransferase*; *Alpha-glucan phosphorylase (starch phosphorylase)*; *aldolases*]; de proteínas [chaperonas, *heat-shock protein HSP70*, *E3 ubiquitin-protein ligase CIP8 (COP1-interacting protein 8)*]; lipídeos (*Omega-3 fatty acid desaturase*, *putative sulfolipid synthase*, *Acyl-protein thioesterase 1*); metabolismo de DNA [*basic helix-loop-helix protein 43, bHLH 43*; *glutamine synthetase (Glutamate--ammonia ligase)*; *Histone H3.3*] e de parede celular (*uncharacterized glycosyltransferase AGO61*; *Xyloglucan galactosyltransferase*; *4-coumarate-CoA ligase*; *beta-1,3-glucanase Glycosyl hydrolases family 17*; *Cinnamoyl-coA reductase - CCR*). Diversos genes que codificam proteínas e enzimas envolvidas em outros processos bioquímicos e fisiológicos importantes relacionados à resposta ao déficit hídrico também foram identificados, como por exemplo genes envolvidos nos processos redox (*Peroxidase 1*; *Glutathione S-transferase GSTF1*; *Multicopper oxidase*; *Probable glutathione S-transferase GSTU1*); de transdução dos sinais (*MADS*; *Auxin response factor 8*; *Probable tyrosine-protein phosphatase At1g05000*; *receptor Ser/Thr kinase, bZIP*; *Auxin transporter-like protein 2*; *SNF-like kinase*; *Auxin-induced in root cultures protein 12*; *Serine/Threonine - PPM Family*; *Putative NAC domain-containing protein 94*; *Zinc(II) purple acid phosphatase*; *receptor Ser/Thr kinase, RSTK*); genes codificadores de transportadores (*calmodulin-binding protein*; *white-brown complex homolog protein 11*; *transporter C4B3.13*; *arsenite transport protein (ARSB)*; *Boron transporter-like protein 2*; *Probable sulfate transporter 3.4*; *Probable metal-nicotianamine transporter YSL7*; *Protein yellow stripe like 7*; *AtYSL7*; *Transmembrane amino acid transporter protein (Aa_trans)*; *Calcium-transporting ATPase 1, endoplasmic reticulum-type, POT family (PTR2)*; *Oligopeptide transporter 7, AtOPT7*; *Auxin-induced protein 5NG4*), genes de modificação e degradação de proteínas (ubiquitina, chaperona DNAJ, *heat shock proteins*); além de genes codificadores de enzimas envolvidas no processo de absorção da luz (*chlorophyll a/b binding protein - CAB*) e vários outros genes desconhecidos (Anexo 2).

Já para ‘IACSP97-7065’, os genes mais induzidos para a quarta coleta (déficit severo) foram os responsivos ao estresse hídrico (proteína induzida sob seca; Dehidrina); envolvidos na resistência a patógenos (PRs, taumatina, precursor de endochitinase A), na síntese de hormônios e metabolismo de lipídeos (*lipxygenase*; *indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.8*; *Cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase*). Foram ainda identificados como diferencialmente expressos os genes da via de metabolismo de

carboidratos [hidrolases; *Probable NAD(P)H-dependent oxidoreductase 1*; *Trehalose-6-phosphate synthase*; *NADH dependent Glutamate Synthase*; *Glycosyl hydrolase family 1, glucosyltransferase-like protein*]; metabolismo de parede celular (*beta-1,3-glucanase Glycosyl hydrolases family 17*; *1,3-beta-Glucan synthase*; *Callose synthetase*; *Cinnamoyl-coA reductase - CCR*); metabolismo de proteínas [*Cytoplasmic ribosomal protein L18*; *Nucleoredoxin*; *Ribosomal protein L15*; *60S ribosomal protein L2 (L8) (Ribosomal protein TL2)*; *calmodulin-binding proteins*; *40S ribosomal protein S30*]; e também genes de enzimas envolvidas nos processos redox (*Multicopper oxidase*, *Probable glutathione S-transferase GSTU6*; *28 kDa cold-induced protein, Probable glutathione S-transferase GSTU6*; *28 kDa cold-induced protein, Peroxidase 12*; *Protein IN2-1, Probable sarcosine oxidase*) (Anexo 2). Ao contrário de ‘IACSP94-2094’, que apresentou vários genes codificadores de transportadores e genes envolvidos na transdução de sinais como diferencialmente expressos, o genótipo ‘IACSP97-7065’ apresentou apenas poucos genes diferencialmente expressos nessas categorias (*Transcription factor PCF5*; *AP2/EREBP*; *Receptor Ser/Thr kinase; serine/threonine PPM family*; *MIP*; *Glutathione S-conjugate-transporting ATPase 4*; *CLC-d chloride channel/anion channel protein*; *Peptide transporter PTR2*; *nitrate transporter NTL1*). Também diferentemente do genótipo tolerante que não apresentou nenhum gene com a expressão regulada para metabolismo de RNA, em ‘IACSP97-7065’ foi possível detectar diversos genes envolvidos na regulação da transcrição como sendo diferencialmente expressos [*60S ribosomal protein L3*; *40S ribosomal protein S23 (S12)*; *60S ribosomal protein L4-1 (L1)*; *60S ribosomal protein L35-4*; *60S ribosomal protein L21*], além de outros genes ainda desconhecidos ou que também não puderam ser categorizados com as análises de anotação (Anexo 2). Entre os genes considerados como diferencialmente expressos, há necessidade de se distinguir os que são realmente relacionados à resposta à seca e aclimação ao estresse, daqueles que são ativados pelas injúrias ocasionadas pela desidratação.

Foram também categorizados os genes comuns diferencialmente expressos para ambos genótipos (Figura 40). A grande maioria dos genes diferencialmente expressos comuns aos dois genótipos foram aqueles envolvidos com processos metabólicos primários (50), celulares (46) e de biossíntese (36), que são processos básicos da planta. As categorias relacionadas a esses processos também foram as que apresentaram maior número de genes nas análises individuais dos genótipos. Outras categorias importantes que também apresentaram vários genes diferencialmente expressos foram as relacionadas à regulação e processos biológicos (13), metabolismo de compostos nitrogenados (12), localização (11) e resposta ao estresse (7).

Figura 40 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados comuns aos dois genótipos durante a quarta coleta (estresse severo) para as análises de expressão gênica global por microarranjos

Dos 622 genes detectados como diferencialmente expressos para todas as comparações realizadas (Anexos 1 e 2), foram escolhidos 20 genes com níveis de expressão variados entre os genótipos e/ou condições testadas (seca ou irrigado; estresse inicial ou severo) para serem validados por RT-qPCR (Tabela 4). A escolha dos genes foi realizada de acordo a cobrir diversas categorias de GOs e diversos níveis de expressão, para uma melhor heterogeneidade dos dados de validação. Também se buscou mesclar genes que sofreram alteração drástica nos padrões de expressão (mais *up* ou *down-regulated*), assim como genes que possuíram alteração moderada ou baixa na expressão (menos *up* ou *down-regulated*). Alguns dos genes escolhidos para validação foram também adicionados ao *pool* de genes candidatos para serem utilizados pelo programa de melhoramento do IAC tanto para análise funcional por transgenia, quanto para o desenvolvimento de marcadores para a tolerância ao déficit hídrico (Tabelas 4 e 70).

Tabela 69 - Genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de microarranjos. SAS ID, função e/ou processo no qual o gene está envolvido, valores de *log2 fold change* estimados pelos microarranjos e pelo RT-qPCR. (Em verde e vermelho, valores de genes *down* e *upregulated*, respectivamente. Em preto, valores que não apresentaram o mesmo perfil de expressão entre as abordagens testadas.

Símbolo dos genes	SAS ID	Função / Processo	Log2 Fold Change - Microarray				Log2 Fold Change - RT-qPCR			
			2094 1C	7065 1C	2094 4C	7065 4C	2094 1C	7065 1C	2094 4C	7065 4C
<i>PSII 10</i>	SCJFLR1073E07.g	Fotossíntese, regulada por estresse			-1,02				-2,24	
<i>Aquaporin</i>	SCJFRT1059C11.g	Resposta ao estresse			3,45	2,53			1,68	2,09
<i>EREBP</i>	SCJFAD1C12A04.b	Fator de transcrição				1,53				1,30
<i>Lipoxygenase</i>	SCJFRT1007H07.g	Biossíntese de jasmonato			5,63	3,31			4,86	3,25
<i>IAA</i>	SCEQRT2093D08.g	Fator de transcrição			3,98				3,67	
<i>GSTU</i>	SCCCLR1048D04.g	Glutathione S-transferase	0,43	-0,95	-2,17	-1,52	1,63	-3,87	-2,70	x
<i>CesA</i>	SCCCRZ2002G07.g	Celulose sintase A	0,34			-1,75	1,91			-4,64
<i>Phosphorylase</i>	SCEPAM1015F07.g	Alfa -glucan fosforilase			-2,49	-2,24			-2,49	-1,61
<i>MYB</i>	SCJLRZ1024E12.g	Fator de transcrição Myb-like hth				-1,25				-2,63
<i>HSP</i>	SCCCCL4004E12.g	Heat-shock protein				-1,02				-2,57
<i>Zeaxanthin</i>	SCBFRZ2017C12.g	Fotossíntese, proteção			-0,83				-1,08	-1,26
<i>SRP</i>	SCCCLR1024E02.g	Resposta ao estresse				4,815			1,07	0,86
<i>Fasciclin</i>	SCEPLR1030C10.g	Fasciclin-like arabinogalactan protein	0,42		-1,17	-1,85	x	-2,31	X	-2,09
<i>NAM</i>	SCEPRT2048G05.g	Fator de transcrição			2,07	2,18			1,06	x
<i>CYP84A1</i>	SCEZHR1087F06.g	Estresse - citocromo P450			1,24				X	
<i>Dehydrin</i>	SCQGLR1085F11.g	Resposta ao estresse			2,66	3,65			X	x

Os resultados da análise de expressão gênica estão mostrados na Tabela 70, indicando os níveis de acúmulo ou redução de transcritos expressos em *log2 fold change* pelas análises de microarranjos e pelo RT-qPCR. As validações foram conduzidas empregando-se duas repetições biológicas, assim como nas análises de microarranjos, e incluíram ainda duas réplicas técnicas. Dos 20 genes escolhidos para a validação, quatro (*PSI*; *ELIP*; *Expansin*; *CSP*) não apresentaram boa amplificação ou ainda apresentaram produtos inespecíficos indicados pela curva de *melting*. Os genes *PS II 10*, *Aquaporin*, *EREBP*, *Lipoxygenase*, *IAA*, *GSTU*, *CesA*, *Phosphorylase*, *MYB* e *HSP* apresentaram perfil de expressão analisado via RT-qPCR idênticos àqueles obtidos por microarranjos para os genótipos e períodos avaliados, além de também apresentarem valores de *log2 fold change* muito próximos àqueles obtidos através dos microarranjos (Tabela 70). Os genes *Zeaxanthin*, *SRP*, *Fasciclin* e *NAM* apresentaram perfis similares de expressão entre os RT-qPCR e os microarranjos, ocorrendo variações nos níveis de expressão para um dos genótipos e/ou períodos testados (Tabela 70). Finalmente, não foram detectadas variações para os níveis de expressão por RT-qPCR entre os tratamentos seca e irrigado em nenhuma das coletas para os genes *CYP84A1* e *Dehydrin*. No total, foram validados aproximadamente 75% dos níveis de expressão dos genes selecionados (20 valores de 27 amostrados), o que evidencia a robustez dos dados obtidos por análise de microarranjo. Os perfis de expressão dos genes validados para os dois genótipos nos dois tempos de coleta podem ser observados nas figuras 41 e 42.

Figura 41 - Perfil de expressão relativa dos genes *PSTII*, *Aquaporin*, *EREBP*, *Lipoxigenase*, *IAA*, *GSTU*, *Cesa* e *Phosphorylase* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’, nas duas coletas realizadas (seca inicial - 1C; seca severa - 4C). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*

Figura 42 - Perfil de expressão relativa dos genes MYB, HSP, Zeaxanthin, SRP, *Fasciclin*, *CYP84A1* e *Dehydrin* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’, nas duas coletas realizadas (seca inicial - 1C; seca severa - 4C). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*

Finalmente, o programa *MapMan* foi empregado para análises global de GOs e dos processos metabólicos nos quais os genes detectados como diferencialmente expressos estão envolvidos. O software utiliza os valores de expressão obtidos pelas análises de bioinformática para cada gene (SAS ID), e compara com uma referência. Nesse caso, foi utilizado o banco de dados de *Arabidopsis thaliana* (AGI_TAIR9), disponível nos arquivos de mapeamento do *software*, sendo que para fazer o *input* dos valores de expressão foi necessário converter as SAS IDs de cana-de-açúcar em IDs de *Arabidopsis*. Para tal, foi realizado um blast das sequências das SAS contra o banco de dados de *Arabidopsis* para obter os IDs de *Arabidopsis*, e os melhores *hits* foram selecionados. Uma visão geral das funções celulares dos genes detectados como diferencialmente expressos durante o período de seca severa para o genótipo ‘IACSP94-2094’ pode ser observada na Figura 43, enquanto que a Figura 44 ilustra os mesmos genes diferencialmente expressos para as mesmas funções celulares para o genótipo sensível. De maneira geral, os dois genótipos apresentaram modificações semelhantes (indução ou inativação da expressão de genes) para a maioria das categorias. Ademais, o genótipo tolerante apresentou genes mais induzidos (*up-regulated*) para as vias relacionadas à organização celular, regulação da transcrição, degradação de proteínas e envolvidos no metabolismo de oxidação, diferentemente do que aconteceu para o genótipo sensível, no qual a maioria desses genes aparece como *down-regulated* (Figura 44).

Os produtos dos genes regulados pelo estresse geralmente são caracterizados em dois amplos grupos: o primeiro incluindo proteínas relacionadas à tolerância ao estresse, e o segundo contendo proteínas regulatórias, fatores proteicos envolvidos na transdução do sinal e na ativação de genes responsivos ao estresse. Foram encontrados genes pertencentes a essas duas classes, bem como genes de metabolismo básico ou que apresentam *cross-talk* com outras vias de resposta e sinalização molecular, principalmente em outros estresses abióticos e bióticos. Foi observada a expressão de genes de resposta a patógenos para as duas coletas realizadas, fato esperado devido à presença de patógenos ter sido observada durante as coletas. Em experimentos de campo, é comum ocorrer uma sobreposição de expressão de genes relacionados a diversos estresses e outros estímulos, devido à não possibilidade de controlar totalmente as condições experimentais. Ainda, vale lembrar que nem todo gene *up/down regulated* (induzido ou reprimido) apresenta um papel na tolerância, e a mudança de expressão em alguns deles pode ser simplesmente o resultado de danos causados pelo estresse (Bray 1997).

Figura 43 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas a processos celulares básicos, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094' durante a quarta coleta (estresse severo). Em vermelho genes *up-regulated*; em verde, genes *down-regulated*, tratamento em relação ao controle irrigado

Foi observada a indução do gene codificador de aquaporinas, que são proteínas-canal (transportadores) que facilitam a permeação de água e pequenos solutos neutros através de gradientes de potenciais hídricos transmembranas, e consideradas de fundamental importância entre as proteínas que atuam diretamente na tolerância ao estresse. As aquaporinas possuem um potencial papel nas relações hídricas das plantas, sendo que diversos genes que codificam aquaporinas apresentaram indução de expressão durante a desidratação, alguns deles induzidos também pelo ácido abscísico, evidenciando mecanismos de sinalização dependentes e independentes de ABA (RAMANJULU & BARTELS 2002). Foram identificadas duas aquaporinas que exibiram expressional diferencial entre as plantas de sequeiro e as irrigadas, sendo que uma delas denominada *ScPIP2;1* teve perfil de expressão muito diferente entre os genótipos tolerante e sensível e está sendo caracterizada mais detalhadamente via análises de RT-qPCR e filogenia com a ajuda do grupo do Centro de Cana do Instituto Agrônomo.

Figura 44 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas a processos celulares básicos, gerada pelo *software* MapMan para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a quarta coleta (estresse severo). Em vermelho, genes *up-regulated*; em verde, genes *down-regulated*, tratamento em relação ao controle irrigado

Outros grupos de enzimas de grande importância com potencial envolvimento na resposta funcional ao estresse incluem as enzimas de vias de desintoxicação e proteínas que combatem o estresse oxidativo, como por exemplo peroxidases, citocromos P450, catalase, GSTs, entre outras, das quais várias foram identificadas como diferencialmente expressas nas análises de microarranjos (citar quais enzimas discutidas anteriormente). Já no grupo das proteínas regulatórias geralmente afetadas pelo déficit hídrico, pode ser encontrados mais frequentemente fatores de transcrição, tais como zíperes de leucina, DREB, MYB, entre outros; proteínas quinases e fosfatases; enzimas envolvidas no metabolismo de fosfolípidos; e moléculas sinalizadoras (RAMANJULU & BARTELS, 2002; YAMAGUCHI-SHINOZAKI et al., 2002), que também tiveram vários representantes detectados como sendo *up* ou *downregulated* durante o déficit hídrico.

Genes codificadores de fatores de transcrição que se ligam a elementos DRE/CRT de promotores e que ativam a expressão de outros genes alvo induzidos pelo estresse foram identificados utilizando-se análises de microarranjos (SEKI et al. 2001). Em cana-de-açúcar,

já foram realizados estudos com genes regulatórios envolvidos na resposta à seca (ROCHA et al. 2007), e muitos genes apresentaram um motivo DRE em seus promotores, como por exemplo o fator de transcrição da família AP2, homólogo ao gene DREB2 (*DRE binding factor 2*) de arroz. Em nossas análises, foram identificados fatores de transcrição das classes *AP2/EREBP*, *bZIP*, *MYB*, *HLH*, *MADS* e *NAM*, sendo que a maioria apresentou expressão induzida para o genótipo tolerante ‘IACSP94-2094’.

A elucidação dos genes responsivos codificadores de proteínas regulatórias, funcionais, estruturais e/ou diretamente relacionadas às vias metabólicas de combate ao estresse e estabelecimento da tolerância à seca é uma abordagem útil na seleção de genótipos tolerantes e/ou sensíveis, bem como para obtenção de genótipos melhorados via manipulação direta (transgenia) ou melhoramento clássico. Para tanto, é necessária a integração de diversas áreas como fisiologia, bioquímica, genética e biologia molecular para uma melhor compreensão das associações entre genótipo e fenótipo, o que buscou-se realizar nesse trabalho. Genes selecionados e validados por este estudo foram empregados pelo grupo do Centro de Cana do IAC para transformação de arroz e cana-de-açúcar objetivando-se super expressar tais genes, a fim de se caracterizar funcionalmente o mesmo, comprovar o envolvimento desses genes no fenótipo de tolerância e também utilizar futuramente para cruzamentos a fim de se obter cultivares mais tolerantes ao déficit hídrico.

3.8 Análise do perfil de expressão gênica via RNAseq

Foi realizada a análise de sequenciamento global de RNA na plataforma Illumina (RNAseq) proveniente do experimento de suspensão da irrigação em casa de vegetação, utilizando os tratamentos similares àqueles utilizados nos microarranjos (IACSP94-2094 e IACSP97-7065; controle irrigado e sob déficit hídrico). Por meio do sequenciamento de ambas as fitas dos fragmentos (*pair-end sequencing*) foram obtidos um total de 133.059.140 sequências (*reads*), com tamanho médio de 100 pb, oriundos de 4 bibliotecas dos dois genótipos (‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’) sob os dois tratamentos de condições hídricas. O sequenciamento de RNA gerou um total de 34.536.494 *reads* para a biblioteca ‘IACSP 94-2094 Control’, 33.671.680 para ‘IACSP 97-7065 Control’, 27.315.786 para ‘IACSP 94-2094 Drought’ e 37.535.180 para ‘IACSP 97-7065 Drought’.

Para o alinhamento dos *reads* empregando o programa *Novoalign*, foram realizadas duas abordagens (Tabela 67), uma utilizando como referência sequências de modelos gênicos

do genoma do sorgo (*Sorghum gene models*, <http://genome.jgi-psf.org/Sorbi1/Sorbi1.download.ftp.html>) e outra empregando as *Sugarcane Assembled Sequences* (SAS), que são os agrupamentos das ESTs de cana-de-açúcar obtidas pelo SUCEST. Em geral, o rendimento de alinhamento de pares de sequência (*Pairs aligned*) e reads (*Reads aligned*) foram similares pelas duas abordagens. Mas em termos de eficiência de detecção de sequências únicas (*Uniquely mapped reads*), Contigs alinhados (*Contigs aligned*) e *Mismatches* (%), os resultados obtidos empregando as sequências de cana-de-açúcar (SAS) como referência foram superiores ao uso do genoma do sorgo (Tabela 71). Houve um considerável aumento do número e percentual de contigs que tiveram ao menos um *read* alinhado a eles, fato que pode ser explicado pelo maior número de contigs da referência SAS (43.141) em relação ao *Sorghum gene models* (34.496), além da maior similaridade entre as sequências da mesma espécie. O número superior de contigs da referência SAS pode decorrer do fato de que a montagem das sequências em *clusters* pode ter separado exons de um mesmo gene em SAS distintos, além de não ter conseguido incluir cerca de 8.000 *singletons*, que podem não representar um único gene. Por se tratar de uma montagem de *reads* de cana-de-açúcar, optou-se por empregar os SAS para o resto das análises, principalmente devido ao menor número de *mismatches* apresentados e um maior alinhamento das sequências.

As análises de alinhamento também foram conduzidas com uso do *software* CLC Genomics Workbench, empregando as mesmas referências testadas no programa Novoalign (Tabela 72). Os resultados dos alinhamentos obtidos pelo CLC Genomics Workbench para as duas referências utilizadas foram similares aos obtidos pelo *software* Novoalign, apesar de esse *software* apresentar valores em geral inferiores aos obtidos pelo Novoalign para todos os parâmetros avaliados (Tabelas 71 e 72). Devido ao fato de haver apenas uma pequena diferença entre aos resultados para as metodologias e referências empregadas para o alinhamento, apenas os resultados gerados pelo CLC Genomics Workbench foram utilizados para a obtenção das estimativas de expressão gênica. Apesar de apresentar resultados geralmente inferiores aos gerados pelo novoalign, o pacote CLC faz uma criteriosa separação de *reads* pela qualidade (*trimming for quality*), e somente os reads que passam em todos os filtros são utilizados para o alinhamento. O *software* Novoalign também realiza o *trimming*, porém para atingir os valores obtidos nesse estudo, foi necessário abaixar o parâmetro que atribui o valor da penalidade de *gaps* (geralmente $x=10$, para $x=3$), ou seja, quanto maior o valor atribuído a penalidade de *gaps*, maior a qualidade do *read*. Ainda, o CLC fornece num mesmo arquivo os resultados dos alinhamentos e as estimativas de expressão gênica (RPKM),

enquanto que para o Novoalign é necessário realizar mais um passo para obtenção dos valores de RPKM. A normalização realizada para obtenção dos valores de RPKM é importante pois estima valores de expressão gênica levando em consideração o tamanho da biblioteca (número total de *reads*), o comprimento da sequência de um determinado gene da referência, e o número de *reads* mapeados unicamente para este gene. Tal procedimento ajuda a diminuir o viés na comparação de dados de expressão gênica diferencial entre diferentes tratamentos/bibliotecas avaliados (GARBER et al., 2011).

Depois de alinhadas as sequências, determinados os *gene counts* (número de reads mapeados para cada gene na referência) e obtidos os valores de RPKM, foram realizadas as análises de expressão gênica diferencial utilizando-se o pacote DEGseq do ambiente estatístico R. Ao contrário dos contrastes realizados nos microarranjos, que comparou sempre o tratamento de seca em relação ao controle irrigado, para as análises de RNAseq foram feitas comparações entre o tratamento controle em relação ao deficit hídrico, apenas seguindo um critério de ordem de input dos dados para cada biblioteca. Portanto, os valores de expressão gênica diferencial obtidos por esse estudo foram considerados como *up-* ou *down-regulated* para o controle em relação à seca podendo ser invertidamente interpretados (*up-regulated* no controle seria *down-regulated* no tratamento e vice versa). Posteriormente, para facilitar a visualização dos dados, os valores foram então invertidos através de multiplicação por -1 e comparados diretamente com os valores de log2 dos microarranjos e de RT-qPCR. Ainda, para as análises de RNAseq foi possível realizar avaliações intra (comparando os tratamentos irrigado x seca) e intergenótipos (comparando o tratamento irrigado de um genótipo contra o outro, ou então entre tratamentos de deficit hídrico). Para as análises de microarranjos, os resultados de expressão gênica diferencial foram obtidos comparando-se sempre tratamentos para o mesmo genótipo, e depois então comparados entre genótipos.

Tabela 70 - Resultado do alinhamento de cada biblioteca sequenciada com duas referências (*Sorghum* e cana-de-açúcar SAS) empregando Novoalign. *Paired-reads*: número de pares de *reads* obtidos pelo sequenciamento; *Pairs aligned*: número de pares de *reads* alinhados; *Pairs aligned (%)*: porcentagem de pares de *reads* alinhados; *Total Reads*: total de *reads* sequenciados para cada biblioteca; *Reads aligned*: número de *reads* alinhados; *Reads aligned (%)*: porcentagem de *reads* alinhados; *Uniquely mapped reads*: *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Uniquely mapped reads (%)*: porcentagem de *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Mean gene Length*: comprimento médio de cada gene/contig da referência; *Contigs reference*: número de contigs das referências; *Contigs aligned*: número de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado ao contig; *Contigs aligned (%)*: porcentagem de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado; *Mismatches (%)*: porcentagem do número de *mismatches* entre os *reads* alinhados aos contigs da referência para cada biblioteca

Alignment output	2094 Control		2094 Drought		7065 Control		7065 Drought	
	SAS	Sorghum	SAS	Sorghum	SAS	Sorghum	SAS	Sorghum
<i>Paired-reads</i>	17.268.247	17.268.247	13.657.893	13.657.893	16.835.840	16.835.840	18.767.590	18.767.590
<i>Pairs aligned</i>	11.736.060	11.546.978	9.539.386	9.145.862	11.599.543	11.341.084	13.037.072	12.474.563
<i>Pairs aligned (%)</i>	68,0	66,9	69,8	67,0	68,9	67,4	69,5	66,5
<i>Total reads</i>	34.536.494	34.536.494	27.315.786	27.315.786	33.671.680	33.671.680	37.535.180	37.535.180
<i>Reads aligned</i>	24.785.383	24.578.371	20.062.914	19.496.000	24.442.250	24.141.333	27.367.652	26.540.224
<i>Reads aligned (%)</i>	71,8	71,2	73,4	71,4	72,6	71,7	72,9	70,7
<i>Uniquely mapped reads</i>	23.234.275	21.789.696	18.778.855	16.925.006	22.880.591	20.801.177	25.603.266	22.673.462
<i>Uniquely mapped reads (%)</i>	67,3	63,1	68,7	62,0	68,0	61,8	68,2	60,4
<i>Mean gene Length</i>	828,2	1.426,3	828,2	1.426,3	828,2	1.426,3	828,2	1.426,3
<i>Contigs reference</i>	43.142	34.496	43.142	34.496	43.142	34.496	43.142	34.496
<i>Contigs aligned</i>	38.045	25.131	37.187	24.433	37.545	25.154	37.641	24.825
<i>Contigs aligned (%)</i>	88,2	72,9	86,2	70,8	87,0	72,9	87,2	72,0
<i>Mismatches (%)</i>	1,44	2,75	1,37	2,68	1,41	2,68	1,36	2,69

Tabela 71 - Resultado do alinhamento com o software *CLC Genomics Workbench* para as duas referências (Sorghum e SAS) para cada biblioteca sequenciada. *Total Reads*: total de *reads* sequenciados para cada biblioteca; *Trimmed Reads*: total de reads após a etapa de *trimming* para qualidade dos *reads*; *Uncounted reads*: reads que não se alinharam a nenhum contig; *Uncounted reads (%)*: porcentagem de reads que não se alinharam a nenhum contig; *Reads aligned*: número de *reads* alinhados; *Reads aligned (%)*: porcentagem de *reads* alinhados; *Uniquely mapped reads*: *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Uniquely mapped reads (%)*: porcentagem de *reads* alinhados unicamente a um gene/contig; *Mean gene Length*: comprimento médio de cada gene/contig da referência; *Contigs reference*: número de contigs das referências; *Contigs aligned*: número de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado ao contig; *Contigs aligned (%)*: porcentagem de contigs da referência que tiveram ao menos um *read* alinhado; *Mismatches (%)*: porcentagem do número de *mismatches* entre os *reads* alinhados aos contigs da referência para cada biblioteca

Alignment output	2094 Control		2094 Drought		7065 Control		7065 Drought	
	SAS	Sorghum	SAS	Sorghum	SAS	Sorghum	SAS	Sorghum
<i>Total Reads</i>	34.536.494	34.536.494	27.315.786	27.315.786	33.671.680	33.671.680	37.535.180	37.535.180
<i>Trimmed reads</i>	29.683.904	29.683.904	23.121.548	23.121.548	28.765.566	28.765.566	32.244.368	32.244.368
<i>Uncounted reads</i>	8.801.914	9.373.555	6.434.322	7.343.803	8.300.718	9.126.934	9.120.444	10.487.535
<i>Uncounted reads (%)</i>	29,7	31,6	27,8	31,8	28,9	31,7	28,3	32,5
<i>Reads Aligned</i>	20.881.990	20.310.349	16.687.226	15.777.745	20.464.848	19.638.632	23.123.924	21.756.833
<i>Reads Aligned (%)</i>	70,3	68,42	72,2	68,24	71,1	68,27	71,7	67,47
<i>Uniquely mapped reads</i>	19.162.907	19.773.169	15.300.166	15.239.714	18.769.485	18.810.737	21.177.002	20.799.371
<i>Uniquely mapped reads (%)</i>	64,6	66,6	66,2	65,9	65,2	65,4	65,7	64,5
<i>Mean Gene Length</i>	828,2	1.426,3	828,2	1.426,3	828,2	1.426,3	828,22	1.426,3
<i>Contigs reference</i>	43.142	34.496	43.142	34.496	43.142	34.496	43.142	34.496
<i>Contigs aligned</i>	37.820	24.795	36.996	24.064	37.184	24.715	37.289	24.352
<i>Contigs aligned (%)</i>	87,66	71,88	85,75	69,76	86,19	71,65	86,43	70,59
<i>Mismatches (%)</i>	2,04	3,42	1,99	3,07	1,98	3,09	2,00	3,13

Os resultados das análises de expressão gênica diferencial para as comparações feitas intragenótipos (controle irrigado *versus* seca) para ambos genótipos podem ser conferidos nas Fig 45-48. A distribuição dos valores do número de *reads* mapeados para cada gene/contig (*gene counts*) transformados em escala de log2 inclui valores positivos e negativos do número de *reads* mapeados para cada gene/contig devido a normalização dos valores de *gene counts* em RPKM para as bibliotecas de ‘IACSP94-2094’ controle ou sob deficit hídrico, e demonstram uma distribuição normal (Figura 45). Os valores de RPKM acima de 1 correspondem a valores de log2 positivos no gráfico, e valores de RPKM entre 0 e 1 representam os valores de log2 negativos do gráfico. Resultados similares foram obtidos para análise de dados para o genótipo sensível ‘IACSP97-7065’ indicando a normalidade da distribuição dos valores obtidos (Figura 46).

O pacote DEGseq também gera um arquivo contendo uma análise de correlação entre os dados das bibliotecas empregadas para identificação dos genes diferencialmente expressos (Figura 47). No caso, foram consideradas os valores de de log2 da contagem de cada *read* mapeado para cada gene para cada genótipo, contrastando os tratamentos. No gráfico de correlação para ‘IACSP94-2094’ houve uma tendência dos valores estarem mais direcionados para a biblioteca com as amostras do controle irrigado (2094C), possivelmente devido a maior profundidade de sequenciamento dessa biblioteca, que contou com aproximadamente 36 milhões de *reads* sequenciados, enquanto que a biblioteca das amostras de seca (2094D) conteve 27 milhões. Já para ‘IACSP97-7065’, tal desvio não é tão evidente, possivelmente devido à similaridade do número de *reads* obtidos durante o sequenciamento para as duas bibliotecas dos tratamentos irrigado e seca (33 e 37 milhões, respectivamente) (Figura 47). Finalmente, o pacote DEGseq gera um gráfico do tipo M x A plot (Figura 48), onde se assume que sejam C1 e C2 os valores do número de *reads* mapeados para um gene específico obtidos a partir de duas amostras com o binômio: $C_i (n_i; p_i)$; $i = 1; 2$, onde n_i = número de *reads* mapeados ao gene, p_i – probabilidade de um *read* se alinhar àquele gene. Logo, $M = \log_2^{C1} - \log_2^{C2}$, e $A = (\log_2^{C1} + \log_2^{C2})/2$. Ainda, $X = \log_2^{C1}$ e $Y = \log_2^{C2}$, $M = X - Y$ and $A = (X + Y)/2$ (WANG et al., 2010). Basicamente, o pacote realiza uma comparação entre a média do número de *reads* mapeados para um determinado gene entre as bibliotecas e a subtração entre eles. Os pontos em vermelho acima da curva representam os genes que foram determinados como *up-regulated*, enquanto que os pontos em vermelho abaixo da curva representam os genes *down-regulated* (Figura 48). No total, foram detectados 2300 genes DE para a abordagem utilizando as SAS como referência, e 1422 genes com expressão diferencial para a abordagem utilizando o *gene models* do sorgo (Tabela 73).

Figura 45 - Distribuição dos valores $\log_2$ obtidos a partir das estimativas de expressão gênica (RPKM), utilizando-se *reads* mapeados unicamente a um gene/contig (*uniquely mapped reads*), para a terceira coleta (estresse máximo) do ensaio de seca por suspensão da irrigação em casa de vegetação. A esquerda: distribuição para a biblioteca IACSP94-2094 Irrigated Control R2; à direita, distribuição para a biblioteca IACSP94-2094 Severe Drought R2

Figura 46 - Distribuição dos valores $\log_2$ obtidos a partir das estimativas de expressão gênica (RPKM), utilizando-se *reads* mapeados unicamente a um gene/contig (*uniquely mapped reads*), para a terceira coleta (estresse máximo) do ensaio de seca por suspensão da irrigação em casa de vegetação. A esquerda: distribuição para a biblioteca IACSP97-7065 Irrigated Control R2; à direita, distribuição para a biblioteca IACSP97-7065 Severe Drought R2

Figura 47 - Correlações dos valores de $\log_2$ do número de *reads* mapeados para cada gene entre as duas bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. À esquerda, genótipo IACSP94-2094 (2094C = controle irrigado; 2094D = seca); à direita, genótipo IACSP97-7065 (7065C = controle irrigado; 7065D = seca)

Figura 48 - M x A plot dos valores de $\log_2$ fold change obtidos a partir da comparação dos valores de expressão entre as bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. (2094C = controle irrigado; 2094D = seca); à direita, genótipo IACSP97-7065 (7065C = controle irrigado; 7065D = seca). Pontos preto no gráfico representam genes que não apresentam diferença nos níveis de expressão para as bibliotecas avaliadas. Pontos em vermelho representam genes diferencialmente expressos, sendo que pontos acima da curva são genes *upregulated*, e os abaixo da curva *downregulated*

Tabela 72 - Número de genes diferencialmente expressos determinados nas comparações entre os tratamentos controle irrigado e déficit hídrico envolvendo os genótipos ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ para a coleta de máximo estresse, utilizando as duas referências avaliadas (SAS de cana-de-açúcar e *Sorghum*), com indicação de número de genes induzidos (*up regulated*) ou reprimidos (*down regulated*)

Genótipos	Contraste	Referência	# genes DE	Genes DE (%)	Up	Down
IACSP94-2094	controle 2094 X seca 2094	SAS	836	1,94	360	476
		Sorghum	461	1,34	221	240
IACSP97-7065	controle 7065 X seca 7065	SAS	473	1,10	242	231
		Sorghum	313	0,91	178	135
IACSP94-2094 & IACSP97-7065	controle 2094 X seca 2094 & controle 7065 X seca 7065	SAS	991	2,30	607	384
		Sorghum	648	1,88	393	255
Total		SAS	2.300	5,33	1.209	1091
		Sorghum	1.422	4,12	792	630
IACSP94-2094 & IACSP97-7065	seca 2094 x seca 7065	SAS	528	1,22	298	230
IACSP94-2094 & IACSP97-7065	controle 2094 x controle 7065	SAS	602	1,40	398	214
IACSP94-2094 & IACSP97-7065	controle 2094 X controle 2094 & seca 2094 X seca 7065	SAS	539	1,25	251	288
Total		SAS	1130	2,62	947	732

As análises de anotação por ontologia gênica (*gene ontology*) dos genes diferencialmente expressos foram realizadas utilizando-se o software Blast2Go (CONESA et al., 2005), seguindo o mesmo esquema das análises de microarranjos, separando-se os genes DE exclusivos para cada genótipo em grupos distintos, e num terceiro grupo os genes diferencialmente expressos em comum para ambos genótipos. Foram indicadas as categorias de GO e o número de genes relacionados para cada categoria para as análises intragenotípicas entre tratamentos (Figura 49-51). As categorias com mais representantes dentre os 836 genes diferencialmente expressos ou que foram mais relevantes para a resposta a seca no genótipo tolerante 'IACSP94-2094' (Figura 49) foram aquelas relacionadas à processos metabólicos celulares (299), processos metabólicos primários (267), metabolismo de macromoléculas (209), biossíntese (198), metabolismo de compostos nitrogenados (100), regulação de processos biológicos (83), metabolismo de moléculas pequenas (57), resposta à estresse (56), processos de óxido-redução (52), metabolismo de hormônios (42), resposta a estímulos abióticos (33) e vias de sinalização (21). Já para o genótipo sensível, dentre os 473 genes DE, as categorias com mais genes DE ou que foram mais relevantes para a resposta ao déficit hídrico foram as relacionadas à processos metabólicos celulares (149) e primários (126), biossíntese (97), metabolismo de macromoléculas (78), de moléculas pequenas (47) e de compostos nitrogenados (49), processos de óxido-redução (54), resposta ao estresse (34), regulação de processos biológicos (34), metabolismo de hormônios (25) e resposta a estímulos abióticos (23) (Figura 50). Assim como para os microarranjos, as categorias mais representadas foram aquelas relacionadas com o metabolismo basal da planta e também aquelas relacionadas de alguma forma à resposta ao estresse. O genótipo tolerante apresentou mais genes induzidos ou reprimidos do que o sensível em categorias importantes da resposta ao déficit hídrico, tais quais metabolismo de hormônios, resposta ao estresse, vias de sinalização e resposta à estímulos abióticos. Diferentemente dos microarranjos, a categoria que engloba os genes envolvidos em processos redox não apresentou variação para o número de genes detectados como DE entre os genótipos tolerante (52) e sensível (54). Com relação aos genes diferencialmente expressos comuns para ambos os genótipos (991), novamente as categorias mais representadas foram aquelas relacionadas com processos metabólicos celulares (262), metabolismo primário (243), de macromoléculas (150) e de compostos nitrogenados, (79) biossíntese (173), processos redox (92), , regulação (64) e resposta ao estresse (63). Interessantemente, nos dados de RNAseq foi possível observar um número superior de genes DE em comum para ambos os genótipos na categoria metabolismo redox e de resposta ao estresse, mostrando a importância desses genes na resposta a seca (Fig 51).

Figura 49 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP94-2094' durante a terceira coleta (máximo estresse) para a análise por RNAseq

Figura 50 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse) para a análise por RNAseq

Figura 51 - Categorias de GO (*gene ontology*) geradas pelo software *Blast2Go* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para ambos genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse) para a análise por RNAseq

Os genes identificados como sendo diferencialmente expressos pelas análises de RNAseq foram divididos em três grupos conforme o perfil de expressão para os genótipos (Anexo 3). O primeiro grupo contém os genes diferencialmente expressos exclusivamente para o genótipo tolerante ‘IACSP94-2094’, sendo que o gene que apresentou maior indução de expressão foi um fator de transcrição (*DNA-binding*; regulação da transcrição) que ainda não está completamente anotado, constando apenas como proteína hipotética nas anotações dos transcritos do sorgo. Vários outros fatores de transcrição ou então proteínas relacionadas com o controle e regulação da transcrição também tiveram uma alta indução na expressão se comparados com o controle irrigados, incluindo o gene codificador de uma proteína induzida pela luz *cprf-2*, que possui atividade de fator de transcrição nuclear e de ligação à regiões específicas do DNA; fatores de transcrição do tipo MYB, dedo de zinco, *WRKY*, *bZIP* e outras proteínas de ligação ao DNA. Diversos genes codificadores de proteínas ribossomais tanto de 50S (16, 113, 131) quanto de 60S (114, 118, 123a, 124, 131, 133-b, 137a, 138, 15-1, 117a e 119) também foram induzidos pela deficit hídrico, sugerindo uma ativa transcrição de genes, possivelmente relacionados com a resposta a seca. Ainda, outras famílias de genes regulatórios importantes que também apresentaram alta indução sob seca foram aquelas codificadoras de quinases (*serine-threonine kinase*, *cbl*, *MAPK*, *adenylate kinase*, *shiquimate kinase*), retrotransposons (subclasse *Ty3-gypsy*) e transportadores (*nitrate*, *potassium*, *inositol transporters*). Também foram identificados genes relacionados a hormônios como por exemplo etileno (*ethylene-responsive transcription factor 3*) e ABA (*abscisic stress ripening*).

Genes que possuem produtos relacionados com atividade funcional e/ou estrutural também foram detectados como diferencialmente expressos, sendo alguns deles muito induzidos sob seca, como por exemplo os genes codificadores de proteínas intrínsecas de membrana (PIP), também conhecidas como Aquaporinas, que estão envolvidas no controle do fluxo de água entre as células; genes codificadores de citocromos P450, plastoquinonas e ferredoxinas, envolvidos no transporte de elétrons durante o esquema Z da fotossíntese; genes codificadores de proteína do lumen tilacoidal 20 kDa, de subunidades da proteína RUBISCO (*subunit binding-protein alpha subunit*, *ribulose, biphosphate carboxylase oxygenase large subunit*); genes dos fotossistemas I e II (*photosystem i reaction center subunit n*, *photosystem i reaction center subunit iii*, *photosystem i psah protein*); genes que codificam proteínas de ligação à clorofila (*chlorophyll a b-binding protein precursor*, *chlorophyll a b-binding protein cp29*, *chlorophyll a b-binding protein type ii*, *chlorophyll a-b binding protein 4*, *chlorophyll a-b binding protein 4*); além de genes relacionados com a fixação e transporte do carbono até

o ciclo de Krebs como por exemplo os codificadores da enzima málica NADP-dependente e da malato-desidrogenase NADP-dependente. Outros genes que também foram diferencialmente expressos apenas em 'IACSP94-2094' foram genes codificadores de proteínas de resposta ao estresse SRP (*Stress Responsive Protein*); proteínas USP (*Universal Stress Protein*), proteínas ERD4 (*Early Response to Dehydration*); proteínas de tolerância à dissecação (*salt tolerance protein*); *Heat Shock Proteins*; chaperonas e genes relacionados a processos de óxido-redução como manganês superóxido dismutase, tioesterase e oxirredutases. É importante ressaltar que de um total de 360 genes detectados como *up-regulated* para o tratamento de seca no genótipo 'IACSP94-2094' (Tabela 73), 87 deles não apresentaram nenhum *hit* ou não tiveram nenhuma anotação prévia associada à essas sequências nos bancos de dados utilizados para anotação, representando cerca 25% dos genes detectados como diferencialmente expressos, evidenciando que muitos genes que ainda não foram caracterizados podem ter um papel fundamental na resposta à seca e estabelecimento da tolerância.

Já com relação aos genes mais reprimidos durante a seca (*downregulated*), o gene que teve sua expressão mais afetada negativamente pela seca foi o codificador do proteína 2 de domínio BTB e TAZ, descrito como tendo papel crucial durante o desenvolvimento (Robert et al. 2009), seguido de genes codificadores de quinases relacionadas a via de biossíntese (*receptor-like protein kinase*, *leucine-rich receptor-like protein kinase*, *wall-associated kinase 4*, *CIPK-like protein expressed* e *CBL-interacting protein kinase 4*); de resposta a auxinas (*auxin response factor 10* e *auxin response factor expressed*) e genes envolvidos em processos redox (*NAD-Malate Dehydrogenase*, *Cytochrome P450*). Diversos genes codificadores de proteínas regulatórias também apresentaram expressão reduzida, como por exemplo genes codificantes de fatores de transcrição do tipo dedo de zinco, *WRKY 21*, *ILR3*, *NAC*, *bHLH*, *MYB*, *MADS-BOX*, *DREB 2*, além genes codificadores de proteínas envolvidas na transdução de sinais. Interessantemente, vários genes codificadores de elementos genéticos transponíveis (principalmente retrotransposons, mas também alguns transposons) e alguns genes da enzima transcriptase reversa foram detectados como *down-regulated* para o tratamento de seca em relação ao controle, mostrando que esse genótipo pode apresentar um mecanismo de regulação fina que envolve não apenas fatores de transcrição mas também transposons. Em relação aos genes de proteínas funcionais/estruturais, foi possível observar que genes relacionados à parede celular (*callose synthase* e *cellulose synthase-like protein SLE1*) e do citoesqueleto (tubulina) também foram reprimidos durante a seca, juntamente com diversos genes codificadores de histonas (*histone*

h1, histone *h2a* e histone *h3*) e de ubiquitinas (*ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme l3*). Assim como ocorreu com os genes *up-regulated*, de um total de 476 *down-regulated* (Tabela 73), 86 não apresentaram nenhuma anotação ou *hit* durante as análises de blast, também sugerindo que em cana-de-açúcar diversos genes relacionados à resposta a deficiência hídrica ainda permanecem para serem elucidados (Anexo 3).

Com relação ao genótipo sensível ‘IACSP97-7065’, de um total de 242 genes que foram induzidos sob seca, 45 (~19%) não puderam ser anotados, ou então foram anotados como desconhecidos (Anexo 3), reforçando a idéia de que muitos dos genes da cana ainda estão para serem caracterizados. O gene que apresentou expressão mais induzida sob condição de deficit hídrico foi aquele que codifica a enzima benzoato-carboxil metiltransferase, seguido de genes codificadores de proteínas-canais intrínsecas de membrana (PIPs, Aquaporinas); proteínas de reposta inicial a seca (*early response to dehydration 15-like protein*); e proteínas CER1, envolvidas com processos de biossíntese de cera. Um dos genes identificados como sendo um dos mais *up-regulated* durante a seca foi o codificador de metalotioneínas (*Metallothionein class II*), que geralmente está associado com a resposta a estresses, mas já foi relatado como tendo papel na resposta e/ou estabelecimento da tolerância a seca (YANG et al., 2009). Ainda, foram detectados como *up-regulated* genes codificadores da enzima Cinamoil Reductase, Ferritinas, Citocromos P450, Tiorredoxina e Glutaredoxina s17, envolvidos em processos de oxidoredução, fatores de transcrição do tipo EREBP, IAA18, IAA 17, Myb, NAC, genes da via da biossíntese de auxinas (*serine threonine protein kinase SAPK4*; *serine threonine protein kinase stpk-v*; *serine threonine-protein kinase NAK*; *U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase*; *uracil phosphoribosyltransferase*; *protein CDC2 kinase*), além de genes relacionados ao transporte transmembrânico (*sugar transporter*; *carbohydrate transporter sugar porter transporter*; *tonoplast dicarboxylate transporter*) e alguns genes de resposta ao estresse oxidativo (*monodehydroascorbate reductase*, *TPA: class III peroxidase 60 precursor*; *aldehyde dehydrogenase family 7 member a1*).

Com relação aos genes *down-regulated* para o genótipo sensível, dos 231 que foram diferencialmente expressos significativamente, 52 não puderam ser anotados com base nos bancos de dados acessado, representando cerca de 22% do total (Tabela 73). O gene que teve sua expressão mais afetada negativamente foi o codificador de uma proteína hipotética, seguido do gene da UDP glicose-desidratase. Genes regulatórios também foram reprimidos durante a seca para o genótipo sensível, principalmente relacionados a fatores de transcrição (*WRKY-type transcription factor 45-1*; *Zinc C3hc4 type family protein*; *helix-loop-helix dna-binding domain*) e a transdução de sinais (*response regulator 7*; *histidine-containing*

phosphotransfer protein; type-a response regulator e outras quinases). É importante ressaltar que, ao contrário do genótipo tolerante, diversos genes relacionados à fotossíntese tiveram sua expressão reduzida sob seca, como por exemplo, os genes codificadores das proteínas de ligação a clorofila (*chlorophyll a-b binding protein cp24, chlorophyll a-b binding protein 2*); proteínas dos fotossistemas II e I (*photosystem II protein m; photosystem II 10 kda polypeptide, photosystem I subunit b, photosystem I light harvesting complex protein 5*), além de genes relacionados ao transporte de carbono (*carbonic anhydrase precursor; phosphoenolpyruvate carboxylase; NADP-dependent malic enzyme*). Apesar de apresentar alguns genes envolvidos em processos *up-regulated* sob seca conforme descrito anteriormente, a maioria deles estavam *down-regulated*, como por exemplo (*FAD binding domain containing expressed; ethylene-forming enzyme; Zinc-binding dehydrogenase family expressed; NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 3; tropinone reductase 2; aldehyde oxidase; cinnamoyl-reductase; ferredoxin-NADP oxidoreductase; monodehydroascorbate reductase*), ao contrário do observado para o genótipo tolerante (Anexo 3). Genes relacionados a vias de biossíntese de açúcares e osmólitos solúveis também foram detectados como *down-regulated*, sugerindo que esse genótipo não possui um bom mecanismo de manutenção do potencial hídrico sob condições de desidratação.

Os genes diferencialmente expressos entre a seca e o controle irrigado em comum para ambos genótipos também foram anotados, sendo que dos 607 que foram detectados como *up-regulated*, 165 deles não puderam ser anotados, representando 27% do total (Tabela 73). Os genes detectados para essa comparação representam mecanismos em comum que esses genótipos empregam para a resposta à seca, sendo que o gene que teve o maior indução na expressão entre as comparações e contrastes realizados foi o gene da Dehidrina, que segundo as análises de microarranjos também foi o gene mais induzido sob seca, mostrando que essas proteínas, cuja funções ainda não estão totalmente elucidadas, devem possuir um papel fundamental na resposta ao déficit hídrico (CLOSE, 1996). Em seguida, os genes que apresentaram a maior diferença de expressão entre a seca e o controle foram aqueles codificadores de proteínas LEA (*Late Embryogenesis Abundant protein*) que conhecidamente possuem um papel na resposta a seca ou estabelecimento da tolerância, e foram relatadas para diversos estudos relacionados a tolerância a seca em diferentes culturas (Shinozaki et al., 2003). Outros genes chave na resposta a seca também foram detectados, como por exemplo genes codificadores da enzima málica NADP-dependente, envolvido no transporte de carbono entre as células do mesófilo e da bainha, proteínas farnesiladas-1 (*farnesylated protein 1*), de resposta ao ácido abscísico (*11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like*). Outros genes

codificadores de desidrinas também foram detectados (*dehydrin cor410*), genes de proteínas de resposta inicial à desidratação (*early response to dehydration 15-like protein*), fatores de transcrição, quinases, genes relacionados à via do metabolismo redox e outros (Anexo 3).

Já com relação aos genes *down-regulated*, de 384 genes *down-regulated*, 55 deles não puderam ser anotados, representando 14% do total (Tabela 73). Os dois genes mais significativamente afetados negativamente pela seca não tiveram nenhum *hit* com os bancos de dados usados nas análises, e os genes anotados que tiveram as maiores reduções de expressão na seca em relação ao controle foram genes do metabolismo de carboidrato (*plastidic alpha -glucan phosphorylase*; *UDP-glucose-dehydratase*), além de genes do processo de biossíntese de auxina (*Mitogen-activated protein kinase-like*, *CBL-interacting protein kinase 4*; *MPK7*), genes dos processos redox (*cytochrome p450*, *o-methyltransferase ZRP4*; *Cytokinin Oxidase 3*), além de fatores de transcrição, transportadores e quinases. Os genes detectados como sendo diferencialmente expressos para ambos os genótipos em geral representam mecanismos em comum compartilhados entre esses dois genótipos e a princípio não apresentariam grande interesse no sentido de elucidação dos mecanismos atuantes nos diferentes genótipos (tolerante e sensível) na resposta ao estresse, pois seguem o mesmo perfil de expressão nos dois genótipos. Entretanto, dos 991 genes que foram detectados nessas análises, 30 deles mostraram perfil de expressão diferente, sendo *up-regulated* em um deles e *down* no outro, mostrando um contraste ainda maior entre os genótipos e portanto, apresentam relevância para elucidação das diferenças entre resposta dos genótipos. No total, 21 foram detectados como *up-regulated* para o genótipo tolerante ‘IACSP94-2094’ e *down-regulated* para ‘IACSP97-7065’, e 9 genes apresentaram perfil inverso, sendo *down-regulated* em ‘IACSP94-2094’ e *up-regulated* para ‘IACSP97-7065’, e foram então anotados (Tabela 74). Entretanto, sete desses genes que estavam *up-regulated* para o genótipos tolerante mas *down-regulated* para o sensível não puderam ser anotados, representando possivelmente novos genes ainda não caracterizados. Pode-se destacar que dos 14 genes restantes que foram anotados, 11 estão de alguma maneira relacionados com processos fotossintéticos, sendo alguns codificadores de proteínas relacionados à fixação e transporte de carbono (*carbonic anhydrase*; *phosphoenolpyruvate carboxylase*; *ribulose bisphosphate carboxylase oxygenase chloroplastic*), a absorção de luz pelo fotossistema (*photosystem I reaction center subunit XI*, *light-harvesting complex II protein LHCB2*; *photosystem I reaction center subunit PSAK*) e proteínas de ligação à clorofila (*chlorophyll a b-binding apoprotein cp26 precursor*; *alpha beta fold family protein*), evidenciando o importante papel dessa via metabólica para a tolerância a seca (Tabela 74).

Para validação dos dados de expressão obtidos pelo RNAseq, foram elaborados 25 iniciadores de genes detectados como diferencialmente expressos (DE) para diversas condições testadas (DE somente para 2094; DE somente para 7065; e DE para ambos). Dos 25 pares de iniciadores (Tabela 5), dois (*sorbidraft* e *malate-dehydrogenase* dados não mostrados) não apresentaram especificidade durante a amplificação realizada após a síntese de cDNA (RT-PCR), e portanto foram descartados para as validações. Sendo assim, o nível de expressão dos 23 genes restantes obtidos pelas análises de RT-qPCR foram comparados com os valores de expressão derivados do RNA-seq (Tabela 75; Figura 52 a 54). Dos 32 valores de expressão do RNAseq a serem validados pelo PCR quantitativo, 29 (90%) apresentaram o mesmo perfil de expressão, sendo que para muitos genes os valores de expressão do RNAseq e do RT-qPCR foram muito próximos (Tabela 75). A maioria dos genes apresentou perfil de expressão idêntico aos do RNA-seq (*Dehydrin*, *LEA*, *DREB*, *Aquaporin*, *MYB*, *Proline DH*, *α -phosphorylase*, *NAM*, *USP*, *ABA ripening* e *HSP*). Dos demais iniciadores, alguns apresentaram perfis parcialmente similares (*GST*, *AP2*, *Methyltransferase*, *Isomerase Ferredoxin*, *Carbonic anhydrase*, *PIP*, *ERD4*, *Serine-Threonine* e *DREB2*), sendo iguais para um genótipo e distinto para o outro, e apenas um demonstrou perfil diferente ao obtido por RNAseq, sendo diferencialmente expresso para um genótipo no RNAseq, e no outro para o RT-qPCR. Portanto, os dados de expressão por RT-qPCR validaram cerca de 90% os valores obtidos pelo RNASeq (Figura 52 a 54; Tabela 75), confirmando a robustez desse método para identificação de genes diferencialmente expressos.

Tabela 73 - SAS ID dos genes determinados como diferencialmente expressos em comum para ambos genótipos nas análises de RNA-seq, mas com perfil de expressão diferente durante o máximo estresse (terceira coleta) do experimento de suspensão de irrigação em casa de vegetação; *GO-terms*, número de *hits*; P-Valor; similaridade; e número de categorias de GOs associadas a cada gene. (Em verde e vermelho, valores de genes *down* e *upregulated*, respectivamente)

SAS ID	Log2 fold change		Descrição da sequência (GO-term)	#Hits	P-valor	Similaridade	#GOs
	2094	7065					
SCUTSD1028G04.b	0,874	-0,473	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g026840 [Sorghum bicolor]</i>	1	1,31E-04	69,0%	0
SCBGSD2051G12.g	0,801	-0,149	<i>carbonic anhydrase</i>	20	2,63E-20	90,0%	4
SCJLST1019A04.g	0,715	-0,407	---NA---	0			0
SCQGLR2025B12.g	0,693	-0,428	<i>photosystem i reaction center subunit xi</i>	20	3,39E-29	82,0%	4
SCCCLR2C02D12.g	0,618	-0,278	<i>chlorophyll a b-binding apoprotein cp26 precursor</i>	20	5,18E-106	90,2%	11
SCQGLR1085G01.g	0,615	-0,649	---NA---	0			0
SCUTSD1028G04.g	0,584	-0,552	<i>alpha beta fold family protein</i>	20	1,15E-42	72,7%	1
SCCCCL4014H05.g	0,547	-0,198	<i>peroxisomal membrane</i>	20	1,53E-142	91,2%	3
SCRULR1020D09.g	0,504	-0,215	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase</i>	20	2,54E-154	95,8%	5
SCUTST3086G11.g	0,482	-0,581	<i>light-harvesting complex ii protein lhcb2</i>	20	2,18E-55	97,9%	3
SCUTLR2008B06.g	0,475	-0,500	<i>photosystem i reaction center subunit psak</i>	2	3,08E-07	91,0%	2
SCSBSD1033C07.g	0,459	-0,294	<i>carbonic anhydrase</i>	20	1,10E-130	90,2%	4
SCQGLR1019D05.g	0,421	-0,123	<i>pg1 homology to homo sapiens</i>	20	4,42E-64	80,6%	2
SCBGLR1044D06.g	0,378	-0,277	<i>ribulose biphosphate carboxylase oxygenase chloroplastic</i>	20	1,07E-103	94,4%	3
SCRFLR1012G03.g	0,356	-0,263	---NA---	0			0
SCEPSD2005D11.g	0,353	-0,346	<i>Protein</i>	20	2,43E-120	78,2%	6
SCACLR2022A04.g	0,350	-0,609	---NA---	0			0
SCRULR1020D11.g	0,299	-0,415	---NA---	0			0
SCVPLR2027H05.g	0,286	-0,148	---NA---	0			0
SCEQLB1068G07.g	0,247	-0,231	---NA---	0			0
SCQSLR1018H02.g	0,179	-0,319	<i>cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit</i>	20	2,03E-38	94,9%	8
SCQSRT1034F02.g	-0,418	0,375	<i>5 -adenylsulfate reductase</i>	20	0	90,2%	10
SCCCLR2002F08.g	-0,632	0,792	<i>auxin-repressed kda protein</i>	19	1,92E-21	83,4%	0
SCSGFL4118F10.g	-0,773	0,764	<i>transposon unclassified</i>	20	8,98E-60	67,8%	5
SCSGST3119C04.b	-0,963	0,397	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	20	1,13E-18	92,6%	3
SCVPCL6041D12.g	-1,022	0,761	<i>Protein</i>	20	3,16E-158	76,6%	3
SCRFFL1025D09.g	-1,117	0,596	<i>Protein</i>	20	2,18E-75	69,3%	1
SCJFRZ2012G04.g	-1,178	0,656	<i>Protein</i>	20	8,16E-67	72,4%	1
SCQSRT3051C03.g	-1,524	1,372	<i>purple acid phosphatase 1</i>	20	3,96E-32	79,2%	4
SCEQRT2101A04.g	-2,177	1,063	<i>spx domain-containing protein</i>	19	1,39E-145	66,4%	2

Tabela 74 - Genes selecionados para validação via RT-qPCR dos níveis de expressão determinados pelas análises de RNAseq. SAS ID, função e/ou processo no qual o gene está envolvido com valores de *log2 fold change* estimados pelo RNAseq e pelo RT-qPCR. Em verde e vermelho, valores de genes *down* e *upregulated*, respectivamente. Em preto, valores que não apresentaram o mesmo perfil de expressão entre as abordagens testadas

Símbolo dos genes	SAS ID	Função / Processo	Log2 Fold Change – RNAseq		Log2 Fold Change - RT-qPCR	
			2094	7065	2094	7065
<i>Dehydrin</i>	SCQGLR1085F11.g	Resposta ao estresse hídrico	-9,07	-8,58	-7,55	-6,59
<i>LEA</i>	SCBGLR1117F01.g	<i>Late embryogenesis abundant protein</i>	-2,75	-4,37	-1,83	-3,95
<i>DREB</i>	SCVPLR2027F02.g	Fator de transcrição - <i>ap2-domain dre binding factor</i>	-3,84	-3,46	-3,20	-4,45
<i>GST</i>	SCCCSD1001D05.g	Glutathione S-transferase	-2,71	-2,50	-1,25	X
<i>Aquaporin</i>	SCAGLR2033E03.g	Aquaporina	-2,59	-1,90	-1,59	-2,02
<i>AP2</i>	SCUTLR1058E01.g	<i>ap2 domain-containing protein</i>	1,05	1,08	1,25	X
<i>MYB</i>	SCJLRZ1024E12.g	Fator de transcrição Myb-like hth	1,60	1,33	2,57	2,61
<i>Pro DH</i>	SCSBSD2058F06.g	Prolina desidrogenase	2,51	2,12	6,02	4,10
<i>α-Phosphorilase</i>	SCEPAM1015F07.g	Alfa -glucan fosforilase plastidial	4,69	3,10	5,64	4,22
<i>Methyltransferase</i>	SCJLHR1028E06.g	Benzoato carboxil metiltransferase		-8,70	5,65	-10,60
<i>Isomerase</i>	SCRUFL3065E09.g	Peptidilprolil isomerase		-3,16	2,44	-3,34
<i>NAM</i>	SCEPRT2048G05.g	Fator de transcrição		-1,98		-4,71
<i>USP</i>	SCCCLR1072C02.g	Proteína universal de resposta ao estresse		-1,06		-1,54
<i>Ferredoxin</i>	SCCCSD1089G04.g	Ferredoxina-1		0,62	1,53	0,53
<i>Cinnamoyl</i>	SCEPRT2046F04.g	Cinnamoyl-reductase		1,90	3,48	x
<i>Carbonic anhydrase</i>	SCBGST3104F06.g	Precursos anidrase carbônica		2,08	3,31	1,84
<i>PIP</i>	SCVPRZ3026B07.g	Proteína intrínseca de membrana plasmática	-6,12		-3,84	-2,00
<i>ERD4</i>	SCUTLR2008G11.g	<i>Early response to dehydration - ERD4</i>	-2,05		-1,32	-1,92
<i>SerineThreonine</i>	SCCCLB1003E11.g	Resposta à estresse osmótico	-1,26		-1,07	-2,55
<i>ABA ripening</i>	SCSBAD1052D06.g	<i>Abscisic stress ripening</i>	-0,91		-1,42	
<i>DREB 2</i>	SCBGLR1002A09.g	<i>DRE binding factor 2</i>	0,56		1,35	-2,48
<i>ERD1</i>	SCSFAD1111G01.g	<i>Early response to dehydration - ERD1</i>	0,91		0,91	
<i>HSP</i>	SCCCCL4004E12.g	<i>Heat shock protein</i>	2,78		2,67

Figura 52 - Perfil de expressão relativa dos genes *Dehydrin*, *LEA*, *DREB*, *GST*, *Aquaporin*, *AP2*, *MYB* e *Proline DH* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para amostras foliares de ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ cultivadas sob boa disponibilidade hídrica (Control) ou sob suspensão da irrigação (Drought) em casa de vegetação em Campinas, SP. As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *rRNAI*

Figura 53 - Perfil de expressão relativa dos genes *Phosphorylase*, *Methyltransferase*, *Isomerase*, *PIP*, *ERD4*, *Serine-Threonine*, *ABA ripening* e *DREB2* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para amostras foliares de ‘IACSP94-2094’ e ‘IACSP97-7065’ cultivadas sob boa disponibilidade hídrica (Control) ou sob suspensão da irrigação (Drought) em casa de vegetação em Campinas, SP. As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *rRNA1*

Figura 54 - Perfil de expressão relativa dos genes *ERD1*, *HSP*, *NAM*, *USP*, *Ferredoxin*, *Cynnamoil*, e *Carbonic Anhydrase* no tratamento de seca em relação ao controle irrigado para amostras foliares de 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065' cultivadas sob boa disponibilidade hídrica (Control) ou sob suspensão da irrigação (Drought) em casa de vegetação em Campinas, SP. As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *rRNA1*

Finalmente, o programa *MapMan* foi novamente empregado para análises global de GOs e dos processos metabólicos nos quais os genes detectados como diferencialmente expressos pela metodologia de RNA-seq estão envolvidos, de modo a facilitar a visualização das diferenças. Conforme descrito anteriormente para as análises de microarranjos, as SAS IDs foram comparados por BLAST contra o banco de dados de *Arabidopsis thaliana* (AGI_TAIR9), para *input* dos dados no *software*. A Figura 55 mostra um visão geral dos processos celulares relacionados aos genes detectados como diferencialmente expressos durante o período de seca severa para o genótipo ‘IACSP94-2094’, enquanto que a Figura 56 mostra o mesmo panorama para o genótipo ‘IACSP97-7065’.

Figura 55 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos celulares, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo ‘IACSP94-2094’ durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*

Figura 56 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos celulares, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*

Já a Figura 57 mostra os genes *up/downregulated* para o genótipo tolerante relacionados apenas aos processos fotossintéticos, enquanto que a Figura 58 mostra os genes DE para os mesmos processos, porém para o genótipo sensível.

Figura 57 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados à fotossíntese, gerada pelo software MapMan para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo ‘IACSP94-2094’ durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*

realizando a absorção da luz, esse genótipo pode estar desviando os elétrons e a energia derivada do processo de absorção de luz para outras rotas metabólicas, a fim de evitar um agravado estresse oxidativo, e também contribuir para a dissipação da energia térmica que é gerada durante o processo de absorção de luz. No caso do genótipo sensível, quase todos os genes do esquema Z e também das ATP sintases foram *downregulated* sob seca (Figura 60), corroborando as análises fisiológicas que mostram um menor nível de fotossíntese para esse genótipo, se comparado com o tolerante. Nosso grupo de pesquisa está investigando agora esse potencial mecanismo diferencial para o genótipo tolerante, buscando elucidar quais vias metabólicas alternativas podem estar envolvidas para a dissipação dessa energia e consequente ajuda na manutenção dos estados fisiológicos celulares durante a seca.

Figura 59 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados ao esquema Z da fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP94-2094' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*

Figura 60 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*Gene Ontology*) associadas a processos metabólicos relacionados ao esquema Z da fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para o genótipo 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *upregulated*; em verde, genes *downregulated*

Para confirmar a importância das categorias de genes relacionados à fotossíntese e detectados como diferencialmente expressos para o genótipo tolerante, foi realizada uma análise de enriquecimento de termos, utilizando-se o *software* Agrigo (Figura 61). É possível observar que os genes que possuem papel mais significativo entre aqueles detectados como diferencialmente expressos foram aqueles relacionados com a fotossíntese (absorção de luz, reações luminosas e transporte de elétrons, reforçando a importância dessa via metabólica para essa melhor resposta à seca do genótipo tolerante.

Figura 61 - Análise de enriquecimento de termos para os genes detectados como diferencialmente expressos para o genótipo ‘IACSP94-2094’ durante a terceira coleta (máximo estresse) do experimento de suspensão de irrigação em casa de vegetação. Quanto maior a intensidade da cor dos quadros, mais significativo são os GOs identificados

Para as comparações entre genótipos, todos os procedimentos descritos anteriormente também foram realizados para obtenção dos genes diferencialmente expressos (Figura 62 e 63), e por fim tais dados também foram analisados pelo *software* MapMan para avaliação dos processos a quais os genes diferencialmente expressos estavam envolvidos. Novamente, a principal diferença entre os genótipos foi relacionada à fotossíntese (Figura 64), sendo que a maioria dos genes foi induzido para ‘IACSP94-2094’ em relação a ‘IACSP97-7065’ sob condição de estresse, reforçando ainda mais a hipótese de que a diferença dos mecanismos de resposta e tolerância a seca no genótipo classificado como tolerante resulta, principalmente, numa regulação favorecendo a expressão de genes relacionados à manutenção dos processos fotossintéticos, vitais para a manutenção da planta sob condições adversas.

Figura 62 - Correlações dos valores de $\log_2$ do número de *reads* mapeados para cada gene entre as duas bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. À esquerda, comparação entre os controles irrigados de ambos genótipos (2094C = controle irrigado 2094; 7065C = controle irrigado 7065); à direita, comparação entre os tratamentos de seca para ambos genótipos (2094D = seca 2094; 7065D = seca 7065)

Figura 63 - M x A plot dos valores de $\log_2$ fold change obtidos a partir da comparação dos valores de expressão entre as bibliotecas comparadas para expressão gênica diferencial através do software DEGseq para as análises de RNAseq. À esquerda, comparação entre os controles irrigados de ambos genótipos (2094C = controle irrigado 2094; 7065C = controle irrigado 7065); à direita, comparação entre os tratamentos de seca para ambos genótipos (2094D = seca 2094; 7065D = seca 7065). Pontos preto no gráfico representam genes que não apresentam diferença nos níveis de expressão para as bibliotecas avaliadas. Pontos em vermelho representam genes diferencialmente expressos, sendo que pontos acima da curva são genes *upregulated*, e os abaixo da curva *downregulated*

Ainda, foram realizadas análises de correlação entre os valores de expressão ($\log_2$ fold change) obtidos pelos microarranjos e pelo sequenciamento de RNA, separando-se os genes diferencialmente expressos em apenas dois grupos, um relativo aos genes DE para o genótipo tolerante, e outro para o sensível. Assim, as SAS IDs que foram identificadas como DE e que estavam presentes em ambos experimentos foram comparadas para cada genótipo, obtendo-se valores de correlação de 0,74 para os valores de expressão em 'IACSP94-2094' e 0,85 para 'IACSP97-7065' (Figura 65), valores confortavelmente elevados indicando uma boa correlação entre as duas plataformas de análise de expressão global.

Figura 64 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (gene ontology) associadas a processos metabólicos relacionados ao esquema Z da fotossíntese, gerada pelo software *MapMan* para os genes diferencialmente expressos identificados exclusivamente para a condição de seca, comparando os valores de expressão do genótipo 'IACSP94-2094' em relação ao 'IACSP97-7065' durante a terceira coleta (máximo estresse), para o experimento de seca em casa de vegetação. Em vermelho, genes *up-regulated*; em verde, genes *down-regulated*

Figura 65 - Correlações dos valores de expressão (log2) dos genes detectados como diferencialmente expressos para os experimentos de microarranjos e RNAseq. À esquerda, correlação para o genótipo IACSP94-2094; à direita, correlação para o genótipo IACSP97-7065

As análises moleculares comprovaram a atividade de diversos genes supostos como relevantes para a resposta a seca em cana-de-açúcar, sendo que a expressão de diversos genes alvo foi afetada. Alguns genes tiveram relação com as respostas fisiológicas, como genes do aparato fotossintético e de transporte de água, além de genes da RUBISO e de transportadores. O uso de metodologias abertas para identificação dos níveis de expressão gênica como é o caso do RNAseq permite que novos genes sejam identificados, e o estudo desses novos genes que ainda não apresentaram homologia ou não foram descritos para nenhum outro organismos pode ser crucial para o entendimento dos mecanismos de regulação e resposta ao deficit hídrico, sendo que estudos posteriores para anotação e caracterização desses genes seriam pertinentes para complementação dos resultados obtidos por este trabalho.

3.9 Análise do perfil de expressão gênica via RT-qPCR do experimento de hidroponia

As avaliações moleculares na plantas de cana-de-açúcar do experimento de exposição ao PEG em hidroponia seriam realizadas com genes desenhados a partir do banco de dados do TIGR e do SUCEST e que seriam selecionados devido ao conhecimento do envolvimento do produto gênico na resposta ou estabelecimento de tolerância ao estresse com base em outras culturas. Foram elaborados iniciadores para genes baseado nesse critério de escolha, porém tais genes foram escolhidos por homologia no alinhamento obtido por BLAST, e não necessariamente poderiam representar as isoformas referentes aos genes de resposta à seca em cana. Portanto, foi definido abandonar o uso desses iniciadores elaborados apenas com informações da literatura, e foi decidido utilizar os dados de microarranjos e RNAseq para escolher genes que tinham sua expressão conhecidamente responsiva ao déficit hídrico, e portanto foram selecionados para a caracterização molecular do experimento de hidroponia. Ainda, como já era conhecidos os perfis de expressão desses genes seja para as análises de microarranjos ou de RNAseq e suas respectivas validações por qPCR, o uso desses genes possibilitaria mais uma forma de comparação da resposta molecular das metodologias empregadas neste trabalho.

Os iniciadores selecionados para validação dos experimentos de microarranjos (*PSII*, *SRP*, *Zeaxanthin*, *CesA*, e *Fasciclin*; Tabela 4) e RNAseq (*DREB*, *Dehydrin*, *Phosphorilase*, *Aquaporin*, *LEA*, *AP2*, *MYB*, *Proline DH*, *Ferredoxin*, *Serine-Threonine*, *ABA-ripening*, *DREB2*, *ERD1*, *HSP*, *USP*, *Methyltransfease*, *NAM*, *Carbonic Anhydrase* e *GST*; Tabela 5), foram utilizados devido ao conhecimento de que o perfil de expressão de tais genes é afetado (*up* ou *down-regulated*) sob estágio de seca.

Conforme discutido no item 3.7, foram realizadas análises de microarranjos do período de déficit hídrico inicial (primeira coleta) e severo (quarta coleta), sendo que os perfis de expressão dos genes selecionados foram validados para as duas coletas. Já para as avaliações dos perfis de expressão gênica do experimento de hidroponia, foi selecionada a dose de 15% PEG para ter seus níveis de expressão comparados com os do controle (sem adição de PEG), devido ao fato de ela ter provocado uma maior resposta nos genótipos avaliados, conforme discutido no item 3.5. Para os iniciadores utilizados para validação dos microarranjos, pode-se observar perfil semelhante de expressão para os genes *SRP*, *Zeaxanthin* e *CesA* (Figura 66).

O gene *SRP* apresentou indução durante a quarta coleta em ambos genótipos para as análises de RT-qPCR dos microarranjos (Figura 42), enquanto que para o experimento de hidroponia este gene foi *up-regulated* apenas ‘IACSP 94-2094’ após 24h de exposição ao PEG (Figura 66). O gene *Zeaxanthin* foi *down-regulated* para as análises de validação dos microarranjos em ambos os genótipos durante o período de máximo estresse (quarta coleta; Figura 42), sendo que para a coleta realizada 72h após a exposição ao PEG no experimento de hidroponia foi observado perfil de expressão idêntico aos dos microarranjos (Fig 42 e 66).

O gene *CesA* apresentou perfil de expressão variável de acordo com o nível de estresse hídrico avaliado durante as análises de RT-qPCR dos microarranjos, e foi corroborado pelas análises moleculares do experimento de hidroponia. Para o experimento de campo, esse gene foi induzido (*up-regulated*) no genótipo tolerante durante a primeira coleta (deficit hídrico inicial; Figura 41) e foi *down-regulated* para ‘IACSP 97-7065’ durante a quarta coleta (deficit hídrico severo; Figura 41). Já para o experimento de hidroponia esse gene foi induzido em ‘IACSP 94-2094’ em ambas coletas (24 e 72h após exposição ao PEG), sendo reprimido para ‘IACSP 97-7065’ durante o máximo estresse (Figura 66).

Os genes que não apresentaram alguma relação direta no perfil de expressão dos experimentos de campo e hidroponia foram *PSII* e *Fasciclin*. Nas análises de microarranjos o gene *PSII* foi *down-regulated* no genótipo tolerante apenas para as condições de deficit hídrico severo (Figura 41), enquanto que para o experimento hidropônico este gene foi *up-regulated* neste mesmo genótipo após 24h de exposição ao PEG, e *down-regulated* para o genótipo sensível após 72h de exposição (Figura 66). Já o gene *Fasciclin* foi *down-regulated* nas análises de microarranjos para ambos genótipos em uma ou outra coleta (Figura 42), sendo que nas plantas cultivadas em sistema hidropônico esse gene foi *up-regulated* após 24h de exposição ao PEG, sendo *down-regulated* em ‘IACSP 97-7065’ 72h após a exposição ao agente estressor (Figura 66). Apesar de não estabelecer um parâmetro de comparação totalmente válido, pode-se comparar de forma grosseira uma correlação entre o perfil de expressão de deficit hídrico leve com o tempo de 24h após a exposição do PEG, e o perfil de deficit severo com o tempo de 72h de exposição ao PEG.

Foram selecionados 19 genes (*DREB*, *Dehydrin*, *Phosphorilase*, *Aquaporin*, *LEA*, *AP2*, *MYB*, *Proline DH*, *Ferredoxin*, *Serine-Threonine*, *ABA-ripening*, *DREB2*, *ERD1*, *HSP*, *USP*, *Methyltransferase*, *NAM*, *Carbonic Anhydrase* e *GST*) utilizados nos ensaios de RT-qPCR para validação dos perfis de expressão obtidos por RNAseq, para terem seus perfis de expressão desses genes também avaliados via RT-qPCR para o experimento de hidroponia. Conforme especificado no item 3.8, as análises de RT-qPCR realizadas para validação dos

perfis de expressão obtido através das análises RNAseq foram realizadas apenas para a terceira coleta, durante o período de máximo estresse, comparando-se o controle irrigado com o tratamento de seca para esta coleta.

Dos 19 genes provenientes do RNAseq e avaliados para o experimento de hidroponia, 11 (*DREB*, *Dehydrin*, *LEA*, *AP2*, *MYB*, *Ferredoxin*, *Serine Threonine*, *USP*, *Methyltransferase*, *NAM* e *GST*) tiveram perfil de expressão similares ou idênticos àqueles exibidos pelo RNAseq, 4 (*Aquaporin*, *ABA-ripening*, *DREB2* e *ERD1*) tiveram perfil de expressão parcialmente similar aos obtidos para o RNAseq e 4 (*Phosphorilase*, *Proline DH*, *HSP* e *Carbonic Anhydrase*) apresentaram perfil antagônico ou diferente aos detectados pelas análises de RNAseq (Fig 52, 53, 54, 66, 67 e 68).

Dentre os genes que apresentaram perfil parcialmente similar aos obtidos pelas validações do RNAseq, o gene *Aquaporin* apresentou perfil de expressão semelhante para o genótipo ‘IACSP 97-7065’ estando *up-regulated* para as duas avaliações, porém para o genótipo ‘IACSP 94-2094’ foram observadas variações no padrão de expressão, onde para as análises de RNAseq ele foi detectado como *up-regulated*, não variando para o tempo de 24h nas análises de hidroponia, e sendo *down-regulated* para o tempo de 72 h após exposição ao PEG para esse genótipo (Figura 52 e 67). Já o gene *ABA-ripening* foi induzido no experimento de seca em casa de vegetação somente no genótipo tolerante, enquanto que para o experimento de hidroponia este gene estava reprimido após 72h de exposição ao estresse para o mesmo genótipo, além de estar induzido no genótipo sensível durante o período de 24h (Fig 53 e 67). O terceiro gene que apresentou perfil de expressão parcialmente similar entre os dois experimentos foi *DREB2*, que foi induzido para ambos os genótipos nos dois tempos avaliados para o experimento de hidroponia, porém para o experimento de seca em casa de vegetação foi induzido apenas no genótipo sensível, tendo sua expressão levemente reduzida para o genótipo tolerante neste experimento (Figura 53 e 68). Por fim, o gene *ERD1* também apresentou variações nos padrões de expressão obtidos nos dois experimentos, sendo que para o experimento de casa de vegetação este gene estava *down-regulated* para ‘IACSP 97-7065’ enquanto que para o experimento de hidroponia ambos genótipos apresentaram redução significativa na expressão desse gene (Fig 54 e 68). De maneira geral, cerca de 17 dos 24 genes avaliados para este experimento apresentaram valores idênticos ou similares aos observados pelas análises RT-qPCR para validação dos microarranjos e do RNAseq, o que representa cerca de 71% de homologia entre os resultados das três metodologias, corroborando a robustez dessa metodologia desenvolvida para simulação de seca em sistema hidropônico.

Figura 66 - Perfil de expressão relativa dos genes *PSII 10*, *SRP*, *Zeaxanthin*, *Cesa*, *Fasciclin*, *DREB*, *Dehydrin* e *Phosphorilase*, nas duas coletas realizadas às 24 e 72 h após exposição ao PEG, para os dois genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nos dois tratamentos (Controle e PEG 15%). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*

Figura 67 - Perfil de expressão relativa dos genes *Aquaporin*, *LEA*, *AP2*, *MYB*, *Proline DH*, *Ferredoxin*, *Serine-Threonine*, e *ABA-ripening*, nas duas coletas realizadas às 24 e 72 h após exposição ao PEG, para os dois genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nos dois tratamentos (Controle e PEG 15%). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*

Figura 68 - Perfil de expressão relativa dos genes *DREB2*, *ERD1*, *HSP*, *USP*, *Methyltransferase*, *NAM*, *Carbonic anhydrase* e *GST*, nas duas coletas realizadas às 24 e 72 h após exposição ao PEG, para os dois genótipos 'IACSP94-2094' e 'IACSP97-7065', nos dois tratamentos (Controle e PEG 15%). As quantificações foram realizadas utilizando-se o gene de referência *RPL35-4*

4 CONCLUSÕES

Os experimentos de campo e de exposição ao PEG em sistema hidropônico confirmaram a hipótese de que o genótipo 'IACSP 94-2094 apresenta melhor equilíbrio hídrico e fisiológico derivado da manutenção dos níveis de Ψ foliares aliados à mecanismos mais eficientes de resposta às trocas gasosas e ajuste fotoquímico quando submetido ao déficit hídrico (seca ou estresse osmótico). Os experimentos de micrarranjos e de RT-qPCR permitiram a detecção e validação do perfil de expressão de diversos genes responsivos à seca, porém o fato de se constituir em um sistema fechado de análise de perfil de expressão faz com que tal metodologia não apresente um alcance tão profundo quanto as análises de RNAseq, fato evidenciado pelos resultados moleculares obtidos mesmo com a pouca variação fisiológica do experimento de casa de vegetação, sendo que para este experimento houve pouca variação entre genótipos, porém sendo claro o efeito do tratamento. Apesar de o experimento de casa de vegetação não apresentar variações tão conclusivas quanto os de campo em relação aos parâmetros fotoquímicos e de trocas gasosas, foi possível detectar diferença significativa na expressão de genes responsivos ao déficit hídrico, reforçando a ideia de que as variações bioquímicas e fisiológicas são decorrentes de variações na expressão gênica. Ademais, foram estabelecidas metodologias confiáveis e robustas de avaliação de déficit hídrico, definindo-se parâmetros de determinações fisiológicas e biométricas para ensaios de cultivo em condições de campo sob seca e em casa-de-vegetação por suspensão de rega.

Foi também estabelecida metodologia de simulação de déficit hídrico com sucesso por cultivo em solução nutritiva contendo 15% de PEG. Amostras de RNA provenientes do ensaio na presença de PEG ainda serão analisados por microarranjos para validar sua correspondência com dados de expressão gênica de ensaio em condições de seca em campo.

Os ensaios de seca conduzidos em campo e sob condições de hidroponia permitiram a definição de dois genótipos contrastantes para resposta ao déficit hídrico, sendo genótipo 'IACSP94-2094' mais tolerante e o 'IACSP97-7065' mais sensível, sendo parcialmente corroborados pelo experimento de casa de vegetação. O genótipo 'IACSP 03-8125' também se comportou como tolerante a seca e deve ser avaliado com mais ênfase no futuro.

O ensaio de exposição a metil-viologen *in vitro* para avaliar extravasamento de eletrólitos apresentou resultados promissores inicialmente, porém a variação sucessiva dos resultados obtidos utilizando-se os mesmos genótipos diminuíram a confiabilidade do método,

apesar de indicar alguma correlação com resposta de genótipo a condições de deficit hídrico. Entretanto, o conhecimento sobre os mecanismos de tolerância a seca dos genótipos avaliados por este trabalho pode ajudar a estabelecer esta correlação.

As análises de expressão gênica global associado as avaliações fisiológicas apontam para características associadas a manutenção da capacidade fotossintética de 'IACSP94-2094' sob deficit hídrico como um fator preponderante na sua maior tolerância. Por fim, ensaios de anotação dos genes desconhecidos detectados como resposnivos ao estresse, somados a ensaios funcionais de genes associados a manutenção/alteração de fotossíntese sob condições de deficit hídrico devem ser conduzidos para validar essas conclusões.

REFERÊNCIAS

- ALAMILLO J.-M.; BARTELS D. Effects of desiccation on photosynthesis pigments and the ELIP-like dsp22 protein complexes in the resurrection plant *Craterostigma plantagineum*. **Plant Science**, Amsterdam, v. 160, p. 1161–1170, 2001.
- ALBA, R.; FEI, Z.; PAYTON, P.; LIU, Y.; MOORE, S. L.; DEBBIE, P.; GIOVANNONI, J. ESTs, cDNA microarrays, and gene expression profiling: tools for dissecting plant physiology and development. **The Plant Journal**, Oxford, v. 39(5), p. 697-714, 2004.
- ALTINKUT A, KAZAN K, IPECKI Z, GOZUKIRMIZI N. Tolerance to paraquat is correlated with the traits associated with water stress tolerance in segregating F2 populations of barley and wheat. **Euphytica**, Wageningen, v. 121, 81-86, 2001.
- AMALRAJ, V.A.; BALASUNDARAM, N. On the taxonomy of the members of ‘*Saccharum* complex’. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Gatersleben, v. 53, p. 35-41, 2005.
- BAKER, N.R.; ROSENQVIST, E. Application of chlorophyll fluorescence can improve crop production strategies: an examination of future possibilities. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 55, p. 1607-1621, 2004.
- BARR, H.D.; WEATHERLEY, P.E. A re-examination of the relative turgidity technique for estimating water deficit in leaves. **Australian Journal of Biological Sciences**, East Melbourne, v. 15, p. 413-428, 1962.
- BARTELS, D.; SUNKARS, R. Drought and salt tolerance in plants. **Critical Reviews in Plant Science**, London, v. 24, p. 23–58, 2005.
- BASRA, S.M.; AHMAD, N.; KHALIQT, A. Water relation studies in water stressed sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). **International Journal of Agriculture and Biology**, Faisalabad, v. 1, n. 1/2, p. 1-4, 1999.
- BISWAL, B.; BISWAL, U.C. Photosynthesis under stress: Stress signals and adaptive response of chloroplasts. In: PESSARAKLI, M. (Ed.). **Handbook of plant and crop stress**. New York: Marcel Dekker, 1999. p. 315-336.
- BORSANI, J.; BUDDE, C.O.; PORRINI, L.; LAUXMANN, M.A.; LOMBARDO, V.A.; MURRAY, R.; ANDREO, C.S.; DRINCOVICH, M.F.; LARA, M.V. Carbon metabolism of peach fruit after harvest: changes in enzymes involved in organic acid and sugar level modification, **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 60, p. 1823-1837, 2009.
- BÔLHAR-NORDENKAMPF, H.R.; ÖQUIST, G.O. Chlorophyll fluorescence as a tool in photosynthesis research. In: HALL, D.O.; SCURLOCK, J.M.O.; BOLHAR-NORDENKAMPF, H.R.; LEEGOOD, R.C.; LONG, S.P. (Ed.). **Photosynthesis and production in a changing environment**. London: Chapman & Hall, 1993. p. 193-206.
- BRAY, E.A. Plant responses to water deficit. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 2, p.48–54, 1997.

BRAY, E.A. Absciscic acid regulation of gene expression during waterdeficit stress in the era of the Arabidopsis genome. **Plant Cell and Environment**, Oxford, v. 25, p. 153–161, 2002.

BUCHMANN, N.; BROOKS, J.R.; RAPP, K.D.; EHRLINGER, J.R. Carbon isotope composition of C₄ grasses is influenced by light and water supply. **Plant Cell and Environment**, Oxford, v. 19, p. 392-402, 1996.

CALSA JUNIOR, T.; FIGUEIRA, A. Serial analysis of gene expression in sugarcane (*Saccharum* spp.) leaves revealed alternative C₄ metabolism and putative antisense transcripts. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 63, p. 745-762, 2007.

CARVALHO, M. H. C. Drought stress and reactive oxygen species. Production, scavenging and signaling. **Plant Signalling & Behavior**, New York, v. 3, p. 156-165, 2008.

CASAGRANDE & VASCONCELOS. Fisiologia do Sistema Radicular. In: Cana-de-açúcar. DIRNARDO-MIRANDA, LL; VASCONCELOS, ACM; LANDELL, MAG. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agronômico. 1^a edição, 2010. 882 p.

CASU, R.E.; JARMEY, J.M.; BONNETT, G.D.; MANNERS, J.M. Identification of transcripts associated with cell wall metabolism and development in the stem of sugarcane by Affymetrix GeneChip Sugarcane Genome Array expression profiling. **Functional Integrated Genomics** 7:153–167, 2007.

CATIVELLI, L.; RIZZA, F.; BADECK, F.W.; MAZZUCOTELLI, E.; MASTRANGELO, A.M.; FRANCA, E.; MARÉ, C.; TONDELLI, A.; STANCA, A.M. Drought tolerance improvement in crop plants: An integrated view from breeding to genomics. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 105, p. 1-14, 2008.

CHAGAS, R.M.; SILVEIRA, J.A.G.; RIBEIRO, R.V.; VITORRELO, V.A.; CARRER, H.. Photochemical damage and comparative performance of superoxide dismutase and ascorbate peroxidase in sugarcane leaves exposure to paraquat-induced oxidative stress. **Pesticide Biochemistry and Physiology**, New York, v. 80, 181-188, 2008.

CHAVES, M.M. Effects of water deficits on carbon assimilation. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 42, p. 1-16, 1991.

CHAVES, M.M.; MAROCO, J.P.; PEREIRA, J.S. Understanding plant responses to drought – from genes to the whole plant. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v. 30, p. 239-264, 2003.

CLOSE TJ. Dehydrins: emergence of a biochemical role of a family of plant dehydration proteins. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 97, 795–803, 1996.

COMSTOCK, J.P. Hydraulic and chemical signaling in the control of stomatal conductance and transpiration. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 53, p. 195-200, 2002.

CONESA A, GOTZ S, GARCIA-GOMEZ JM, TEROL J, TALON M, ROBLES M. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, Oxford, v. 21, 3674-3676, 2005.

- CORNIC, G. Drought stress inhibits photosynthesis by decreasing stomatal aperture – not by affecting ATP synthesis. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 5, p. 187-188, 2000.
- COWAN, I.R.F.; FARQUHAR, G. Stomatal function in relation to leaf metabolism and environment. **Symposia for the Society of Experimental Biology**, Cambridge, v. 31, p. 471-505, 1977.
- CARVALHO, M. H. C. Drought stress and reactive oxygen species. production, scavenging and signaling. **Plant Signalling & Behavior**, New York, 3, 156-165, 2008
- DANIELS, J. & B.T. ROACH. **Taxonomy and Evolution**. In: Sugarcane improvement through breeding, Elsevier press, Amsterdam. p. 7–84, 1987.
- D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J-C.; RAO, S.; BERDING, N. Characterization of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Molecular and General Genetics** 250, 405–413, 1996.
- DINARDO-MIRANDA, LL; VASCONCELOS, ACM; LANDELL, MAG. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônômico. 1ª edição, 2010. 882 p.
- DU Z.; ZHOU, X.; LING, Y.; ZHANG, Z.; SU, Z. agriGO: a GO analysis toolkit for the agricultural community **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 38, p. 64-70, 2010.
- EDWARDS, G.E.; & BAKER, N.R. Can CO₂ assimilation in maize leaves be predicted accurately from chlorophyll fluorescence analysis? **Photosynthesis Research** 37: 89-102, 1993.
- EFGOGLU, B.; EKMEKÇI.; ÇİÇEK, N. Physiological responses of three mayze cultivars to drought stress and recovery. **South African Journal of Botany**, Pretoria, v. 75, p. 34-42, 2009.
- FALKER, Brasil. <http://www.falker.com.br/faq/clorofilog.html>. Acesso dia 24/09/2012
- FARIA, T.; SILVERIO, D.; BREIA, E.; CABRAL, R.; ABADIA, A.; ABADIA, J.; PEREIRA, J.S.; CHAVES, M.M. Differences in the response of carbon assimilation to summer stress (water deficits, high light and temperature) in four Mediterranean tree species. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 102, p. 419-428, 1998.
- FARQUHAR, G.D. On the nature of carbon isotope discrimination in C₄ species. **Australian Journal of Plant Physiology**, Melbourne, v. 10, p. 205-226, 1983.
- FARQUHAR, G.D.; EHRLINGER, J.R.; HUBICK, K.T. Carbon isotope discrimination and photosynthesis. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 40, p. 503-537, 1989.
- FERREIRA TH, GENTILE A, VILELA RD, COSTA GGL, DIAS LI; Endrs, L.; Menossi, M. microRNAs Associated with Drought Response in the Bioenergy Crop Sugarcane (*Saccharum* spp.). **PLoS ONE** v. 7, p. 1-14, 2012.

FLEXAS, J.; MEDRANO, H. Drought-inhibition of photosynthesis in C₃ plants: stomatal and non-stomatal limitations revisited. **Annals of Botany**, London, v. 89, p. 183-190, 2002.

FNP CONSULTORIA & COMÉRCIO. AGRIANUAL. 2012. Anuário da agricultura brasileira. São Paulo, 2007. 237-244.

GARBER, M.; GRABHERR, M.G.; GUTTMAN, M.; TRAPNELL, C. Computational methods for transcriptome annotation and quantification using rna-seq. **Nature methods**, London, v. 8, p. 469-477, 2011.

GRIVET L, ARRUDA P. Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an important tropical crop. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 5, p. 122-127, 2001.

GROVER, A.; KAPOOR, A.; LAKSHMI, O.S. AGARWAL, S.; SAHI, C.; KATIYAR-AGARWAL, S.; AGARWAL, M.; DUBEY, H. Understanding molecular alphabets of the plant abiotic stress responses. **Current Science**, Bangalore, 80, 206-216, 2001.

INGRAM, J.; BARTELS, D. The molecular basis of dehydration tolerance in plants. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 47, 377-403, 1996.

INMAN-BAMBER, N.G. A growth model for sugar-cane based on a simple carbon balance and the CERES-maize water balance. **South African Journal of Plant and Soil**, Pretoria, v. 8, p. 93-99, 1991.

INMAN-BAMBER, N. Automatic plant extension measurement in sugarcane in relation to temperature and soil moisture. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 42, p. 135-142, 1995.

INMAR-BAMBER, N.G.; SMITH, D.M. Water relations in sugarcane and response to water deficits. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 92, p. 185-202, 2005.

ISKANDAR, H.M.; CASU, R.E.; FLETCHER, A.; SCHMIDT, S.; XU, J.; MACLEAN, D.; MANNERS, J.M.; BONNETT, G.D. Identification of drought-response genes and a study of their expression during sucrose accumulation and water deficit in sugarcane culms. **BMC Plant Biology**, London, v. 11, p. 1-14, 2011.

ISKANDAR H, SIMPSON R, CASU R, BONNETT G, MACLEAN D, MANNERS J: Comparison of reference genes for quantitative real-time polymerase chain reaction analysis of gene expression in sugarcane. **Plant Molecular Biology Reporter** New York, v. 22, 325-337, 2004.

ISLAM, M.S.; WANG, M.H. Expression Patterns of an Abiotic Stress-inducible Dehydrin Gene, LeDhnT14, in Tomato. **Horticulture, Environment, and Biotechnology**, Suwon, v. 51, 556-561, 2010.

JAMAUX, I.; STEINMETZ, A.; BELHASSEN, E. Looking for molecular and physiological markers of osmotic adjustment in sunflower. **New Phytologist**, Oxford, 137, 117-127, 1997.

JANNOO, N.; GRIVET, L.; SEGUIN, M.; PAULET, F.; DOMAINGUE, R.; RAO, P.S.; DOOKUN, A.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C. Molecular investigation of the genetic

base of sugarcane cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v. 99, p. 171–184, 1999.

JIANG, F.; HARTUNG, W. Long-distance signalling of abscisic acid (ABA): the factors regulating the intensity of the ABA signal. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 59, p. 37–43, 2008.

JOHNSON, G.N.; YOUNG, A.J.; SCHOLLES, J.D.; HORTON, P. The dissipation of excess excitation energy in British plant species. **Plant, Cell and Environment**, Oxford, v. 16, p. 673–679, 1993.

JONES, H.G. **Plants and microclimate: a quantitative approach to environmental plant physiology**. 2. ed. Cambridge: Cambridge University Press, 1992, 428 p.

JORNALCANA. Estimativa de safra e tabela comparativa 2011/2012. Disponível em: <http://www.jornalcana.com.br>. Acesso em: 18 abr. 2012.

KAISER, W.M. Effects of water deficit on photosynthetic capacity. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 71, p. 142–149, 1987.

KAKUMANU, A.; AMBAVARAM, M.M.; KLUMAS, C.M.; KRISHNAN, A.; BATLANG, U.; MYERS, E.; GRENE, R.; PEREIRA, A. Effects of Drought on Gene Expression in Maize Reproductive and Leaf Meristem Tissue Revealed by RNA-Seq. **Plant Physiology**, Rockville, v. 160, p. 846–867, 2012.

KRUSE, N. D., VIDAL, R. A., DALMARZ, C., TREZZI, M. M., and SIQUEIRA, I. Estresse oxidativo em girasol (*Helianthus annuus*) indica sinergismo para a mistura dos herbicidas metribuzin e clomazone. **Planta Daninha**, Campinas, v. 24, p. 379–390, 2006.

LANDELL, M.G.A.; CAMPANA, M.P.; FIGUEIREDO, P.; VASCONCELOS, A.C.M.; XAVIER, M.A.; BIDOIA, M.A.P.; PRADO, H.; SILVA, M.A.; DINARDO-MIRANDA, L.L.; SANTOS, A.S.; PERECIN, D.; ROSSETTO, R.; SILVA, D.N.; MARTINS, A.L.M.; GALLO, P.B.; KANTACK, R.A.D.; CAVICHIOLI, J.C.; VEIGA FILHO, A.A.; ANJOS, I.A.; AZANIA, C.A.A.M.; PINTO, L.R.; SOUZA, S.A.C.D. **Variedades de cana-de-açúcar para o Centro-Sul do Brasil**. Campinas: Instituto Agronômico, 2005. 33 p. (IAC. Boletim Técnico, 197).

LONG SP, HUMPHRIES SW, FALKOWSKI PG. Photoinhibition of photosynthesis in nature. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 45, p.633–662, 1994.

LUDLOW, M.M. Strategies of response to water stress. In: KREEB, K.H.; RICHTER, H.; HINCKLEY, T.M. (Ed.). **Structural and functional responses to environmental stresses**. The Hague: SPB Academic, 1989. p. 269–281.

MACHADO, R.S. **Respostas fisiológicas de genótipos de cana-de-açúcar ao déficit hídrico imposto na fase inicial de desenvolvimento**. 2009. 79 p. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2009.

MALKIN, R.; NIYOGI, K. Photosynthesis. In: BUCHANAN, B.B.; GRUISSEM, W.; JONES, R.L. **Biochemistry and molecular biology of plants**. 3. ed. Rockville: American society of Plant Biologists, 2001. cap. 12, p.568-628.

MALONE, J.H.; OLIVER, B. Microarrays, deep sequencing and the true measure of the transcriptome. **BMC Biology** 2011, 9:34

MARTÍN M.; RIUS, S.P.; PODESTÁ, F.E. Two phosphoenolpyruvate carboxykinases coexist in the Crassulacean Acid Metabolism plant *Ananas comosus*. Isolation and characterization of the smaller 65 kDa form. **Plant Physiology and Biochemistry** Bari, v. 49, p. 647-653, 2011.

MAXWELL, K.; JOHNSON, G. Chlorophyll fluorescence - a practical guide. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 51, p. 659-668, 2000.

MCCORMICK, A.J.; CRAMER, M.D.; WATT, D.A. Changes in photosynthetic rates and gene expression in leaves during a source-sink perturbation in sugarcane. **Annals of Botany**, London, v. 101, p. 89-102, 2008.

MILLER, G.; SUZUKI, N.; CIFTCI-YILMAZ, S.; MITTLER, R. Reactive oxygen species homeostasis and signalling during drought and salinity stresses. **Plant, Cell and Environment**, Oxford, v. 33, p. 453-467, 2010.

MING, R.; MOORE, P.H.; WU KK, D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C.; TEW, T.L.; MIRKOV, E.; SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHNELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology. In: **Plant breeding reviews**, v. 27, p. 15-118, Ed. John Wiley & Sons, Inc. New York, 2006.

MORGAN, J.M. Osmoregulation and water estress in higher plants. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 35, p. 299-319, 1984.

NOGUEIRA, F.T.S.; SCHLÖGL P.S.; CAMARGO, S.R.; FERNANDEZ, J.H.; DE ROSA - JR, V.E.; POMPERMAYER, P.; ARRUDA, P. SsNAC23, a member of the NAC domain protein family, is associated with cold, herbivory and water stress in sugarcane. **Plant Science**. 169: 93-106, 2005.

OLIVER, M.J.; DOWD, S.E.; ZARAGOZA, J.; MAUGET, S.A.; PAYTON, P.R. The rehydration transcriptome of the desiccation-tolerant bryophyte *Tortula ruralis*: transcript classification and analysis. **BMC Genomics**, London, v. 5, p. 1-19, 2004.

OZTURK, Z.N.; TALAME, V.; DEYHOLOS, M.; MICHALOWSKI, CB.; GALBRAITH, D.W.; GOZUKIRMIZI, N.; TUBEROSA, R.; BOHNERT, H.J. Monitoring large-scale changes in transcript abundance in drought- and salt stressed barley. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 48, p. 551-573, 2002.

PASSIOURA, J.B. Drought and drought tolerance. **Plant Growth Regulation**, Boston, v. 20, p.79-83, 1996.

PEDROZO, C.A. **Morphophysiological and molecular responses of sugarcane genotypes to water stress**. 2010. 67 p. Thesis (Doctor Scientiae) - Federal University of Viçosa, Viçosa, 2010.

PERECEIN, D. Experimentação em cana-de-açúcar. In: Cana-de-açúcar. DIRNARDO-MIRANDA, LL; VASCONCELOS, ACM; LANDELL, MAG. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agronômico. 1ª edição, 2010. 882 p..

PFAFFL, M.W.; HORGAN, G.W.; DEMPFL, L. (2002) Relative expression software tool (REST) for groupwise comparison and statistical analysis of relative expression results in real-time PCR. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 30, p. 1-36, 2002.

PIMENTEL, C. **A relação da planta com a água**. Seropédica: Edur, 2004. 191 p.

PRESTON, C. Resistance to photosystem I disrupting herbicide. In: Powles SB, Holtum JAM (eds) **Herbicide resistance in plants:biology, biochemistry**. Lewis, Boca Raton, pp 61–82, 1994.

PRICE S, DANIELS J. Cytology of south Pacific sugarcane and related grasses; with special references to Fiji. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 59, p. 141–145, 1968.

QIN, X.Q., ZEEVAART, J.A.D. Overexpression of a 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase gene in *Nicotina plumbaginifolia* increases abscisic acid and phaseic acid levels and enhances drought tolerance. **Plant Physiology**, Rockville, v. 128, p. 544–551, 2002.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2008.

RABBANI, M. A., MARUYAMA, K., ABE, H., KHAN, M. A., KTSURA, K., ITO, Y., YOSHIWARA, K., SEKI, M., SHINOZAKI, K., YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. Monitoring expression profiles of rice (*oryza sativa* L.) genes under cold, drought and high-salinity stresses, and ABA application using both cDNA microarray and RNA gel blot analyses. **Plant Physiology**, Rockville, v. 133, p. 1755-1767, 2003.

RAIJ, B. van; CANTARELLA, H.; SPIRONELLO, A.; PENATTI, C.P.; MORELLI, J.L.; FILHO OLARND, J.; LANDELL, M.G.A.; ROSETTO, R. Cana-de-açúcar. In: VAN RAIJ, B.; CANTARELLA, H.; QUAGGIO, J.A.; FURLANI, A.M.C. (Ed.). **Recomendações de adubação e calagem para o Estado de São Paulo**. Campinas: IAC, 1996. p. 237-239.

RAMANJULU, S.; BARTELS, D. Drought- and desiccation-induced modulation of gene expression in plants. **Plant Cell Environment**, New York, v. 25, p. 141–151, 2002.

REDDY, A.R., RAMAKRISHNA, W., SEKHAR, A.C. Novel genes are enriched in normalized cDNA libraries from drought-stressed seedlings of rice (*Oryza sativa* L. ssp *indica* cv. Nagina 22) **Genome**, Ottawa, v. 45, p. 204-211, 2002.

REY P, PRUVOT G, BECUWE N, EYMERY F, RUMEAU D. & PELTIER G.A. A novel thioredoxin-like protein located in the chloroplast is induced by water deficit in *Solanum tuberosum* L. plants. **Plant Journal**, Oxford, v. 13, p. 97–107, 1998.

RIBAUT JM, BANZIGER M, HOISINGTON D. (2002) Genetic dissection and plant improvement under abiotic stress conditions: drought tolerance in maize as an example. JIRCAS Working Report 85-92.

ROACH BT, DANIELS J. (1987) A review of the origin and improvement of sugarcane. Proceedings of Copersugar International Sugarcane Workshop, Brazil. 1–32.

ROBERT, H.S.; QUINT, A.; BRAND, D.; VIVIAN-SMITH, A.; OFFRINGA, R. BTB and TAZ domain scaffold proteins perform a crucial function in Arabidopsis development. **Plant Journal**, Oxford, v. 58, p. 109-21, 2009.

ROCHA, F.R.; PAPINI-TERZI, F.S.; NISHIYAMA-JUNIOR, M.Y.; VENCIO, R.Z.N.; VICENTINI, R.; DUARTE, R.; VINAGRE, F.; MEDEIROS, A.; DI MAURO, S.M.Z.; ULIAN, E.C.; DE ROSA JUNIOR, V.E.; HEMERLY, A.S.; FIGUEIRA, A.; SILVA-FILHO, M.C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G.M. Signal transduction-related responses to phytohormones and environmental challenges in sugarcane. **BMC Genomics**. London, v. 8, p. 71, 2007.

RODRIGUES, F.; DE LAIA, L.M.; ZINGARETTI, S. Analysis of gene expression profiles under water stress in tolerant and sensitive sugarcane plants. **Plant Science**, Amsterdam, v. 176, p. 286–302, 2009.

ROELOFS, D.; AARTS, M.G.M.; SCHAT, H.; VAN STRAALLEN, N.M. Functional ecological genomics to demonstrate general and specific responses to abiotic stress. **Functional Ecology** 22:8-18, 2008.

ROHÁČEK, K. Chlorophyll fluorescence parameters: the definitions, photosynthetic meaning, and mutual relationships. **Photosynthetica**, Dordrecht, v. 40, p. 13-29, 2002.

ROSE, C.W. **Agricultural Physics**. Pergamon Press, Oxford, 1966. p. 226.

SAGE, R.F. The evolution of C₄ photosynthesis. **New Phytologist**, London, v. 161, p. 341–370, 2004.

SALIENDRA, N.Z.; MEINZER, F.C.; PERRY, M.; THOM, M. Associations between partitioning of carboxylase activity and bundle sheath leakiness to CO₂, carbon isotope discrimination, photosynthesis, and growth in sugarcane. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 47, p. 907-914, 1996.

SEKI, M.; NARUSAKA, M.; ABE, H.; KASUGA, M.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; CARNINCI, P.; HAYASHIZAKI, Y.; SHINOZAKI, K. Monitoring the expression pattern of 1300 arabidopsis genes under drought and cold stresses by using a full-length cdna microarray. **The Plant Cell**, Rockville, v. 13, p. 61-72, 2001.

SEKI, M.; UMEZAWA, T.; URANO, K.; SHINOZAKI, K. Regulatory metabolic networks in drought stress responses. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 10, p. 296–302, 2007.

SERVIÇO NACIONAL DE PROTEÇÃO ÀS CULTIVARES, MAPA, D.O.U. 05/03/98

- SHANKHDHAR, D., SHANKHDHAR, S.C. AND PANT, R.C. Osmoprotectants: an overview. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, Lucknow, India, v. 10, p. 167–180, 2004.
- SCHNEIDER, K.; WELLS, B.; SCHMELZER, E.; SALAMINI, F.; BARTELS, D. Desiccation leads to the rapid accumulation of both cytosolic and chloroplastic proteins in the resurrection plant *Craterostigma plantagineum* Hochst. **Planta**, Berlin, v. 189, p. 120–131, 1993.
- SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; LIU, Q.; KASUAGA, M.; ICHIMURA, K.; MIZOGUCHI, T.; URAO, T.; MIYATA, S.; NAKASHIMA, K.; SHINWARI, Z.K.; ABE, H.; SAKUMA, Y.; ITO, T.; SEKI, M. Molecular responses to drought stress in plants: regulation of gene expression and signal transduction. In: SMALLWOOD, M.F.; CALVERT, C.M.; BOWLES, D.J. (Ed.). **Plant responses to environmental stress**. Oxford, UK: Bios Scientific Publishers, 1999. p. 133–143.
- SHINOZAKI K, YAMAGUCHI-SHINOZAKI K, SEKI M. Regulatory network of gene expression in the drought and cold stress responses. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 6, p. 410-417, 2003.
- SILVA, M.A.; JIFON, J.L.; DA SILVA, J.A.G.; SHARMA, V. Use of physiological parameters as fast tools to screen for drought tolerance in sugarcane. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, Campinas, v. 19, n. 3, p. 193-201, 2007.
- SREENIVASAN, T.V.; AHLOOWALIA, B.S.; HEINZ, D.J. Cytogenetics. In: **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier press: Amsterdam. p. 211–253, 1987.
- STEUTER, A.A.; MOZAFAR, A.; GOODIN, J.R. Water potential of aqueous polyethylene glycol. **Plant Physiology**, Rockville, v. 67, p. 64-67, 1981.
- STOREY, J.D.; TIBSHIRANI, R. Statistical significance for genomewide studies. **Proceedings of the National Academy of Science**. USA, 100, pp. 9440–9445, 2003.
- SUGIHARTO, B.; ERMAWATI, N.; MORI, H.; AOKI, K.; YONEKURA-SAKAKIBARA, K.; YAMAYA, T.; SUGIYAMA, T.; SAKAKIBARA, H. Identification and characterization of a gene encoding drought-inducible protein localizing in the bundle sheath cell of sugarcane. **Plant & Cell Physiology**, Tokio, v. 43, p. 350–354, 2002.
- TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. Porto Alegre: Artmed, 2004. 719 p.
- TUBEROSA, R.; SALVI, S. Genomics-based approaches to improve drought tolerance of crops. **Trends in Plant Science**. Kidlington v. 11, p. 405-412, 2006.
- UNIÃO DA INDÚSTRIA DA CANA-DE-AÇÚCAR - UNICA. Estimativa de safra e tabela comparativa 2011/2012. Disponível em: <http://www.portalunica.com.br>. Acesso em: 30 mar. 2012.
- USADEL, B.; POREE, F.; NAGEL, A.; LOHSE, M.; CZEDIK-EYSENBERG, A. STITT, M. A guide to using MapMan to visualize and compare Omics data in plants: a case study in the crop species, Maize. **Plant Cell & Environment**, New York, v. 32, p. 1211-1229, 2009.

VAN RAIJ, B.; CANTARELLA, H.; SPIRONELLO, A.; PENATTI, C.P.; MORELLI, J.L.; ORLANDO J.; LANDELL, M.G.A.. ROSETTO, R. Cana-de-açúcar. In: VAN RAIJ, B.; CANTARELLA, H.; QUAGGIO, J.A.; FURLANI, A.M.C. (eds.). **Recomendações de adubação e calagem para o Estado de São Paulo**. Campinas: IAC, 1996 p. 237-239.

VÊNCIO RZ & KOIDE T. HTself: Self-Self based statistical test for low replication microarray studies. **DNA Research**, Oxford, v. 12, p. 211-214, 2005.

VERSLUES, P.E.; OBER, E.S.; SHARP, R.E. Root growth and oxygen relations at low water potentials. Impact of oxygen availability in polyethylene glycols solutions. **Plant Physiology**, Rockville, v. 116, p. 1403-1412, 1998.

VERSLUES, P.E.; AGARWAL, M.; KATIYAR-AGARWAL, S.; ZHU, J.; ZHU, J-K. Methods and concepts in quantifying resistance to drought, salt and freezing, abiotic stresses that affect plant water status. **The Plant Journal**, Oxford, v. 45, p. 523-539, 2006.

VETTORE, A.L.; SILVA, F.R.; KEMPER, E.; ARRUDA, P. The libraries that made SUCEST, **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 24, p. 1-7, 2001.

WANG, H.; HUANG, Z.J.; CHEN, Q.; ZHANG, Z.J.; ZHANG, H.B.; WU, Y.M.; HUANG, D.F.; HUANG, R.F. Ectopic overexpression of tomato JERF3 in tobacco activates downstream gene expression and enhances salt tolerance. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 55, p. 183-192, 2004.

WANG, H.; ZHANG, H.; GAO, F.; LI, J.; LI, Z. Comparison of gene expression between upland and lowland rice cultivars under water stress using cDNA microarray. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 115, p. 1109-1126, 2007.

WANG, L.; FENG, Z.; WANG, X.; WANG, X.; ZHANG, X. DEGseq: an R package for identifying differentially expressed genes from RNA-seq data. **Bioinformatics**, Oxford, v. 26, p. 136-138, 2010.

van der WEELE, C.M.; SPOLLEN, W.G.; SHARP, R.E.; BASKIN, T.I. Growth of *Arabidopsis thaliana* seedlings under water deficit studied by control of water potential in nutrient-agar media. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 51, p. 1555-1562, 2000.

XU, Z.; ZHOU, G.; SHIMIZU, H. Are plant growth and photosynthesis limited by pre-drought following rewatering in grass? **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 60, n. 13, p. 3737-3749, 2009.

YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K., SHINOZAKI, K. Organization of *cis*-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 10, p. 88-94, 2005.

YANG, S.S.; TU Z.J.; CHEUNG, F.; XU, W.W.; LAMB, J.F.; JUNG, H.J.G.; VANCE, C.P.; GRONWALD, J.W. Using RNA-Seq for gene identification, polymorphism detection and transcript profiling in two alfalfa genotypes with divergent cell wall composition in stems. **BMC Genomics**, London, v. 12, p. 199, 2011.

YANG, Z.; WU, Y.; LI, Y.; LING, H.Q.; CHU, C. OsMT1a, a type 1 metallothionein, plays the pivotal role in zinc homeostasis and drought tolerance in rice. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 70, p. 219-29, 2009.

YOSHIBA, Y.; KIYOSUE, T.; NAKASHIMA, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. Regulation of levels of proline as an osmolyte in plants under water stress. **Plant & Cell Physiology**, Tokio, v. 38, p. 1095–1102, 1997.

YU, Q.; HAN, H.; NGUYEN, L.; FORSTER, J.W.; POWLES, S.B. Paraquat resistance in a *Lolium rigidum* population is governed by one major nuclear gene. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 118, p. 1601–1608, 2009.

ZHANG, J.; JIA, W.; YANG, J.; ISMAIL, A.M. Role of ABA in integrating plant responses to drought and salt stresses. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 97, p. 111–119, 2006.

ZHANG, J.Z.; CREELMAN, R.A.; ZHU, J.K. From laboratory to field. Using information from *Arabidopsis* to engineer salt, cold, and drought tolerance in crops. **Plant Physiology**, Rockville, v. 135, p. 615–621, 2004.

ZHENG, J.; ZHAO, J.F.; TAO, Y.Z.; WANG, J.H.; LIU, Y.J.; FU, J.J.; JIN, Y.; GAO, P.; ZHANG, J.P.; BAI, Y.F.; WANG, G.Y. Isolation and analysis of water stress induced genes in maize seedlings by subtractive PCR and cDNA macroarray. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 55, p. 807–823, 2004.

ANEXOS

Anexo 1 - Identificação dos genes diferencialmente expressos nas análises de microarranjos durante seca inicial (primeira coleta) especificando as SAS ID, descrição (*GO-terms*), P-Valor, similaridade e número de categorias de GOs associadas a cada gene

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
IACSP94-2094				
SCCCCL3001H12.g	<i>cytochrome p450</i>	0	86,6%	5
SCVPRT2073F12.g	<i>atp-dependent clp protease atp-binding subunit precursor</i>	0	93,7%	4
SCCCCL5072C04.g	<i>beta-expansin 4 precursor</i>	0	86,0%	2
SCSBAD1054A07.g	<i>cinnamyl alcohol dehydrogenase</i>	8,7901E-104	89,1%	3
SCCCLR1C03G09.g	<i>chalcone isomerase</i>	2,76E-114	87,4%	3
SCCCCL4007F05.g	<i>glutathione s-transferase</i>	1,2294E-98	77,8%	2
SCJLLR1054A06.g	<i>1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid oxidase</i>	0	72,5%	3
SCEPLR1030C10.g	<i>fasciclin-like arabinogalactan protein 16-like</i>	0	89,7%	1
SCSGLR1045A10.g	<i>polyphenol oxidase</i>	0	57,0%	4
SCACSD1014H04.g	<i>cytochrome p450 71c2-like</i>	1,27729E-98	78,2%	5
SCCCCL3120D03.g	<i>glutathione transferase</i>	1,597E-127	81,9%	2
IACSP97-7065				
SCJFRT1060F02.g	<i>histone h3</i>	3,77E-84	98,8%	4
SCEZHR1048H09.g	<i>chloride channel protein clc-a</i>	0	88,0%	8
SCCCCL2001H04.b	<i>probable -trehalose-phosphate synthase</i>	0	82,4%	3
SCAGLR1021F10.g	<i>Protein</i>	2,02E-78	78,1%	3
SCAGRT3048G05.g	<i>uncharacterized protein loc100278663</i>	3,43E-75	94,4%	0
SCCCFL1001H12.g	<i>at-hook protein 1</i>	3,58E-21	71,4%	2
SCJLRT1023E06.g	<i>beta glucanase</i>	0	93,2%	3
SCBGRT1050A08.g	<i>Chitinase</i>	8,92E-136	84,6%	7
SCJFRT1062E02.b	<i>amino acid</i>	1,80E-12	84,7%	2
SCCCRZ3002F02.g	<i>uncharacterized protein loc100278645</i>	1,73E-07	60,8%	0
SCQSHR1023B08.g	<i>c-repeat binding factor 6</i>	1,13E-81	70,2%	4
SCJFRZ2006E01.g	<i>copper ion binding</i>	6,18E-37	74,8%	2
SCSBSB1096D03.g	<i>fructose-bisphosphate chloroplast expressed</i>	6,01E-145	93,8%	4
SCQGFL1095D09.g	<i>neutral invertase</i>	3,83E-131	92,5%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCRZ3003H07.g	<i>cytokinin dehydrogenase 7</i>	2,24E-14	86,6%	4
SCJLRT2051G07.g	<i>zeamatin-like protein</i>	6,61E-112	84,3%	1
SCCCLR1C05B07.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	0	91,6%	7
SCEZLB1008A12.g	<i>male sterility 5 family protein</i>	0	85,6%	1
SCRFHR1006G03.g	<i>chemocyanin precursor</i>	1,50E-66	84,6%	3
SCEPFL3081B06.g	<i>amino acid permease</i>	3,14E-56	85,2%	1
SCVPHR1090F10.g	<i>hydrophobic protein lti6b</i>	3,55E-24	97,0%	2
SCRFSB1024D09.g	<i>Protein</i>	1,70E-61	82,9%	3
SCSBSD2055F08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g043980 Sorghum bicolor</i>	3,89E-04	85,0%	1
SCCCCL5004D07.g	<i>uncharacterized protein loc100274353</i>	8,89E-17	85,5%	0
SCEZRZ3018F02.g	<i>transcription factor hbp-1b</i>	2,40E-53	66,0%	1
SCACLR1057C07.g	<i>two-component response regulator-like expressed</i>	0	80,0%	3
SCVPLB1020D03.g	<i>peroxidase atp4a</i>	1,63E-133	78,9%	8
SCEQRT2091D12.g	<i>pathogenesis-related protein 4</i>	1,77E-77	82,4%	9
SCCCRZ2002E09.g	<i>uncharacterized protein loc100276848</i>	0	90,8%	0
SCVPLB1017C02.g	<i>inhibitor of apoptosis-like protein</i>	1,67E-75	62,6%	2
SCCCLR2001C02.g	<i>rcc1 and btb domain-containing protein</i>	8,08E-159	89,8%	1
SCRFFL1025D09.g	<i>Protein</i>	2,38E-70	69,3%	1
SCCCRT1004H04.g	<i>uncharacterized protein loc100276641</i>	5,54E-13	66,4%	1
SCSGFL4031B05.g	<i>sr protein related family member</i>	5,07E-43	62,9%	1
SCSBSB1057D05.g	<i>plastidic alpha -glucan phosphorylase</i>	2,38E-118	97,0%	4
SCQSRT2031D12.g	<i>beta- -glucanase</i>	0	87,1%	5
SCUTLR2030H03.g	<i>jasmonic acid-amino acid-conjugating enzyme</i>	4,78E-61	81,0%	2
SCCCLR1076B01.g	<i>mitogen-activated protein kinase</i>	1,57E-132	67,8%	5
SCCCLR1022A02.g	<i>1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase</i>	0	85,5%	6
SCJFRZ2014D06.g	<i>nac domain ipr003441</i>	4,96E-95	83,4%	2
SCSBSD1058E09.g	<i>early light-induced protein</i>	8,42E-12	91,9%	1
SCCCLR1C07E01.g	<i>gdp-mannose-dependent alpha-mannosyltransferase-like</i>	0	90,4%	5
SCQSLR1090A05.g	<i>ethylene-responsive transcription factor 4</i>	4,31E+01	69,0%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLB1003G10.g	<i>disease resistance response protein 206</i>	3,68E-70	82,3%	1
SCEZLB1006E12.g	<i>tryptophan aminotransferase-related protein 4-like</i>	1,73E-50	78,6%	3
SCCCCL6005A05.g	<i>zf-hd homeobox protein</i>	1,96E-38	85,3%	5
SCJFLR1074E01.g	<i>cct motif family protein</i>	4,51E-160	75,8%	3
SCEPLR1051A07.g	<i>trehalose-6-phosphate phosphatase</i>	9,69E-138	81,0%	2
SCUTLR2030B11.g	<i>hsf-type dna-binding domain containing expressed</i>	2,02E-132	76,4%	5
SCEPRZ1010D11.g	<i>amino acid expressed</i>	0	86,2%	1
SCUTAM2088C05.g	<i>erd7 protein</i>	7,27E-82	80,6%	1
SCVPLR1028E01.g	<i>cytochrome b6 f complex subunit v</i>	3,83E-19	93,1%	9
SCBGLR1115B08.g	<i>receptor protein kinase 1-like</i>	1,47E-57	78,6%	10
SCVPRZ2042F07.g	<i>f-box domain containing protein</i>	1,60E-07	87,7%	0
SCJFRT1008C09.g	<i>fatty acid elongase</i>	0	91,4%	3
SCAGCL6013C08.g	<i>pathogenesis-related protein 4</i>	1,70E-77	82,8%	9
SCACLR1126B12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g022720 Sorghum bicolor</i>	1,53E-02	93,7%	0
SCEPRZ3129A06.g	<i>ethylene-responsive transcription factor 4</i>	5,00E-18	88,6%	3
SCCCLR1077F09.g	<i>pseudo response regulator</i>	0	60,2%	3
SCRUFL4021D08.g	<i>lachrymatory-factor synthase</i>	6,17E-78	64,1%	0
SCUTAM2009H10.g	<i>jacalin-like lectin domain containing expressed</i>	3,97E-73	70,4%	1
SCCCLR2C01G07.g	<i>cbl-interacting protein kinase 4</i>	0	81,4%	6
SCEZLB1006D01.g	<i>f-box protein skip23</i>	2,18E-03	51,3%	5
SCCCCL4003D01.g	<i>glutathione s-transferase</i>	4,27E-110	81,0%	1
SCQSRT1035D12.g	<i>permatin precursor</i>	6,24E-143	75,3%	1
SCSGHR1066C03.b	<i>chalcone synthase</i>	1,33E-89	97,8%	3
IACSP94-2094 & IACSP97-7065				
SCEQRT2026A06.g	<i>blight-associated protein p12</i>	3,89E-69	79,0%	1
SCCCLR1048D04.g	<i>glutathione transferase</i>	4,51E-133	84,8%	1
SCCCSD1003E06.g	<i>pathogenesis-related protein 5</i>	2,93E-82	82,4%	1
SCMCSD2059H07.g	<i>tropinone reductase 2</i>	4,57E-20	87,05%	4
SCACST3160H08.g	<i>probable mitochondrial chaperone bcs1-b-like</i>	1,50E-01	79,8%	3

Anexo 2 - Identificação dos genes diferencialmente expressos nas análises de microarranjos durante seca severa (quarta coleta) especificando SAS ID, descrição (*GO-terms*), P-Valor, similaridade e número de categorias de GOs associadas a cada gene

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
IACSP94-2094				
SCEPAM2053H08.g	<i>starch branching enzyme 4</i>	0	98,2%	6
SCCCST2002G06.g	<i>protein binding</i>	3,46E-87	82,7%	0
SCACRZ3109D06.g	<i>respiratory burst oxidase homolog protein e-like</i>	0	89,6%	9
SCCCLR1080F11.g	<i>beta-amyrin synthase</i>	0	86,4%	2
SCVPFL1138B04.g	<i>4-coumarate: ligase</i>	3,67E-156	92,2%	3
SCCCLB1024F08.g	<i>4-methyl-5-thiazole monophosphate biosynthesis protein</i>	7,55E-50	69,8%	1
SCBGLR1117C03.g	<i>strictosidine synthase 3 precursor</i>	6,80E-15	79,7%	3
SCACHR1038B08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g043873 [Sorghum bicolor]</i>	3,64E-13	79,5%	0
SCCCRZ1C01F02.g	<i>anion exchanger family protein</i>	0	92,2%	7
SCSBRZ2021A04.g	<i>basic helix-loop-helix domain-containing protein</i>	1,10E-83	83,0%	4
SCVPLR2012C10.g	<i>Protein</i>	3,53E-101	99,3%	6
SCCCCL4015F04.g	<i>3-hydroxy-3-methylglutaryl- reductase</i>	1,30E-141	96,8%	10
SCCCLB1023H08.g	<i>beta-expansin 1a precursor</i>	3,30E-164	90,5%	3
SCCCCL3001H12.g	<i>cytochrome p450</i>	0	86,6%	5
SCVPLR2012F07.g	<i>peptide transporter ptr2-like</i>	0	77,2%	3
SCUTST3086G11.g	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>	3,16E-161	98,0%	3
SCCCLR1022C05.g	<i>dna binding protein</i>	1,17E-150	65,0%	3
SCJFRZ2010E12.g	<i>polyubiquitin 2</i>	1,60E-81	98,2%	11
SCACAD1035G08.g	<i>nuclease harbi1-like</i>	1,16E-73	75,6%	1
SCAGLR1021F10.g	<i>Protein</i>	2,02E-78	78,1%	3
SCVPCL6042D02.g	<i>Protein</i>	5,17E-121	80,0%	3
SCAGRT3048G05.g	<i>uncharacterized protein loc100278663</i>	3,43E-75	94,4%	0
SCEZAD1C05E07.g	<i>magnesium chelatase h subunit</i>	5,47E-107	96,4%	3
SCCCRZ3003E03.g	<i>uncharacterized protein loc100272634</i>	3,67E-55	58,3%	2
SCBGSD1049B03.g	<i>uncharacterized protein</i>	3,21E-79	67,9%	3
SCEZLR1009A03.g	<i>exosome complex component csl4</i>	2,73E-129	86,80%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCCL4005C09.g	<i>light-inducible protein cprf-2</i>	4,07E-133	71,1%	5
SCSGFL4194F09.g	<i>transcription factor hbp-1b</i>	6,52E-175	79,50%	5
SCJLLR2013D11.g	<i>transporter-like protein</i>	2,05E-159	73,90%	3
SCJLRT2052C09.g	<i>chalcone synthase</i>	0	75,80%	2
SCCCCL3120G07.g	<i>heat shock protein 70</i>	0	97,95%	5
SCRLFL1004E03.g	<i>type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase 1-like</i>	0	86,00%	4
SCJFRZ2014D05.g	<i>auxin-induced protein 5ng4-like</i>	0	81,20%	1
SCRLFL4058E02.g	<i>phosphopantothenate--cysteine ligase</i>	1,85E-56	89,85%	1
SCUTSD2025A05.g	<i>tropinone reductase 2</i>	1,87E-25	81,60%	3
SCJFRZ2012A04.g	<i>splicing factor u2af 38 kda subunit</i>	1,63E-105	96,15%	4
SCQGLR1086G07.g	<i>40s ribosomal protein s29</i>	1,67E-55	94,25%	4
SCQSRT1034H03.g	<i>probable monogalactosyldiacylglycerol synthase chloroplastic-like</i>	1,08E-03	97875%	5
SCBGFL5081F09.g	<i>60s ribosomal protein l23a</i>	3,53E-49	98,60%	6
SCACLR1057G07.g	<i>small nuclear ribonucleoprotein sm d1</i>	3,21E-57	98,95%	3
SCEPRZ1009H11.g	<i>amino acid carrier</i>	0	88,35%	1
SCVPCL6041D12.g	<i>udp-glucose pyrophosphorylase 3</i>	3,46E-153	81,60%	3
SCCCCL3002G03.b	<i>Protein</i>	0	91,80%	10
SCJLLR1103A10.g	<i>jasmonate-induced protein</i>	1,26E-157	73,25%	0
SCBFLR1083F02.g	<i>40s ribosomal protein s9</i>	6,18E-121	96,10%	4
SCEZRT2019F10.g	<i>peroxidase 1 precursor</i>	0	87,25%	5
SCCCST1003F01.g	<i>plant adhesion molecule 1</i>	6,19E-62	84,50%	4
SCCCLR2C01C10.g	<i>auxin-induced protein 5ng4-like</i>	0	81,85%	2
SCACHR1035B07.g	<i>o-methyltransferase zrp4</i>	3,57E-102	61,85%	1
SCEQRT2101A04.g	<i>spx domain-containing protein</i>	1,01E-138	69,90%	1
SCQGST3126A12.g	<i>amine oxidase</i>	0	76,40%	2
SCEQAM1036A06.g	<i>sucrose phosphate synthase</i>	0	88,80%	3
SCBFRZ2045D04.g	<i>60s ribosomal protein l9</i>	3,59E-120	95,30%	4
SCCCLR1001E01.g	<i>Protein</i>	0	70,15%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCUTLR2023C02.g	<i>ribosome biogenesis regulatory protein</i>	0	83,75%	2
SCCCCL7C03G05.g	<i>gibberellin 2-oxidase</i>	4,99E-24	84,40%	4
SCCCLR1C07C04.g	<i>desaturase cytochrome b5 protein</i>	0	84,30%	4
SCEZRZ3018F02.g	<i>transcription factor hbp-1b</i>	2,40E-53	66,05%	1
SCCCFL4002D04.g	<i>adp-glucose pyrophosphorylase small subunit</i>	3,20E-137	98,15%	7
SCVPLB1017D07.g	<i>dna-binding protein phosphatase 2c</i>	6,80E-80	90,85%	5
SCQGHR1010E03.g	<i>xyloglucan galactosyltransferase katamari1-like</i>	7,40E-59	85,10%	3
SCCCLB1021B09.g	<i>abc transporter g family member 11-like</i>	1,51E-97	86,15%	5
SCCCCL4006H09.g	<i>beta-expansin 1a precursor</i>	5,79E-165	89,10%	3
SCRFHR1006D06.g	<i>dof-like protein 34</i>	5,72E-49	73,33%	4
SCRUFL3067H08.g	<i>udp glucosyltransferase-1</i>	0	72,05%	2
SCACLR2014F01.g	<i>farnesylated protein 2</i>	5,90E-42	85,80%	2
SCJLRT1016B01.g	<i>uncharacterized protein loc100273482</i>	2,03E-46	71,00%	1
SCSBAD1085B04.g	<i>myb transcription factor</i>	3,62E-63	90,90%	9
SCCCCL5072C04.g	<i>beta-expansin 4 precursor</i>	0	86,05%	2
SCCCST2003C12.g	<i>alcohol dehydrogenase 1</i>	0	98,65%	4
SCEZLR1052F01.g	<i>30s ribosomal protein s16</i>	3,93E-83	88,75%	6
SCQSFL3036F04.g	<i>low quality protein: ankyrin repeat-containing protein at3g12360-like</i>	4,86E-68	71,30%	1
SCQGAM2026E09.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	3,16E-63	88,00%	8
SCVPRZ2040C12.g	<i>dna binding protein</i>	0	65,85%	5
SCAGAD1077C06.g	<i>major facilitator superfamily expressed</i>	8,90E-104	86,30%	3
SCCCLB1001B05.g	<i>domain-containing gpi-anchored protein</i>	0	68,75%	2
SCSGFL4C03C08.g	<i>disease resistance response protein 206</i>	2,08E-77	81,60%	1
SCEQHR1082D05.g	<i>protoporphyrin ix magnesium chelatase-like protein</i>	1,27E-135	96,20%	3
SCVPRT2073A12.g	<i>uncharacterized protein loc100277496</i>	1,42E-12	86,00%	0
SCCCCL4002F03.g	<i>40s ribosomal protein s11</i>	1,47E-95	95,40%	5
SCRFFL1025D09.g	<i>Protein</i>	2,38E-70	69,30%	1
SCSGSB1009B08.b	<i>starch synthase iia</i>	6,57E-31	94,95%	4
SCEPRZ1010H10.g	<i>kinesin light chain</i>	0	82,65%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCMCLR1122E10.g	<i>nadph--cytochrome p450 reductase-like</i>	0	91,10%	4
SCJFSB1010E03.g	<i>methylsterol monooxygenase ddb_g0269788-like</i>	6,91E-104	67,30%	2
SCEQRT2028C04.g	<i>pip1 protein</i>	0	95,70%	4
SCEQRT1027G12.g	<i>nuclease sl</i>	1,55E-121	82,55%	4
SCCCCL3120F01.g	<i>Protein</i>	0	88,60%	10
SCJFRZ2012A12.g	<i>cortical cell-delineating protein precursor</i>	1,02E-44	80,45%	2
SCSFRT2068D10.g	<i>leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 2</i>	5,52E-121	88,20%	7
SCEQRT2093D08.g	<i>iaa12 - auxin-responsive aux iaa family member</i>	1,34E-67	72,70%	5
SCVPRT2073F03.g	<i>uncharacterized protein</i>	6,40E-61	88,60%	2
SCRLLR1038H01.g	<i>zeaxanthin epoxidase</i>	1,45E-166	88,35%	8
SCCCST1002F06.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 4</i>	4,95E-150	92,25%	4
SCEPLB1044D10.g	<i>zinc finger</i>	1,50E-156	75,90%	2
SCJFAD1011C01.g	<i>acyl-protein thioesterase 2-like</i>	2,67E-52	82,15%	1
SCACCL6010C02.g	<i>aspartate kinase-homoserine dehydrogenase</i>	1,44E-08	84,45%	13
SCJFAD1013H02.g	<i>sex-linked protein 9</i>	3,03E-65	93,75%	3
SCMCST1053F09.g	<i>calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like</i>	0	87,70%	6
SCPIRT3021H05.g	<i>udp-glycosyltransferase 76f1-like</i>	3,71E-47	82,00%	3
SCCCRZ1004G12.g	<i>nac domain ipr003441</i>	8,27E-122	87,20%	2
SCJFRT2057H02.g	<i>short-chain dehydrogenase reductase family protein</i>	1,50E-88	81,70%	3
SCRLFL1010G05.g	<i>soluble starch synthase i</i>	1,18E-154	94,20%	5
SCCCRZ1003H05.g	<i>ternary complex factor mip1-like protein</i>	0	66,80%	0
SCQGRT1044E02.g	<i>protein kinase-like protein</i>	7,63E-32	80,90%	5
SCEZRZ1017F11.g	<i>seed specific protein bn15d14a</i>	0	76,95%	1
SCJLRZ1024A12.g	<i>enoyl- hydratase</i>	0	86,50%	4
SCCCLR1001H01.g	<i>40s ribosomal protein s18</i>	6,43E-87	97,60%	4
SCJFST1018C03.g	<i>lysm domain containing protein</i>	0	61,55%	1
SCJFAM1067F03.g	<i>boron transporter</i>	3,17E-160	91,95%	5
SCEZLB1009D04.g	<i>AF061282_9hypothetical protein [Sorghum bicolor]</i>	1,19E-03	77,00%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJLRZ3076A04.b	<i>transmembrane expressed</i>	5,20E-151	87,90%	6
SCEZAM1079G04.g	<i>protein kinase</i>	1,39E-158	89,70%	4
SCBGLR1113F02.g	<i>uncharacterized protein loc100193881</i>	2,40E-107	61,70%	0
SCAGLR1043F02.g	<i>heat shock cognate 70 kda</i>	0	96,15%	5
SCCCLR1001D03.g	<i>40s ribosomal protein sa</i>	2,31E-144	97,15%	3
SCCCCL4004E02.g	<i>60s ribosomal protein l13a</i>	3,88E-123	97,35%	3
SCMCRT2088G10.g	<i>protein kinase domain-containing protein</i>	0	79,85%	3
SCRFS2021B06.g	<i>anthocyanidin reductase-like</i>	1,14E-133	80,20%	4
SCQGLR1019A10.g	<i>gtp-binding nuclear protein ran-3-like</i>	3,29E-136	97,00%	6
SCRULR1020E05.g	<i>uncharacterized protein loc100275437</i>	5,92E-50	66,05%	1
SCEQRT1029G10.g	<i>protein kinase</i>	2,39E-144	82,50%	7
SCBFRZ2017C12.g	<i>zeaxanthin epoxidase</i>	1,10E-27	87,25%	9
SCBFLR1083G03.g	<i>Protein</i>	0	80,45%	1
SCAGLR1043H02.g	<i>squalene expressed</i>	0	90,25%	6
SCMCSD1059G09.g	<i>alcohol dehydrogenase</i>	3,00E-141	85,65%	3
SCCCRZ2C03A12.g	<i>atp-dependent protease la domain-containing protein</i>	6,48E-153	62,60%	3
SCCCLR1022A02.g	<i>l-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase</i>	0	85,50%	6
SCQSAD1055C01.g	<i>probable ubiquitin-conjugating enzyme e2 25-like</i>	0	68,80%	4
SCJFRZ2014D06.g	<i>nac domain ipr003441</i>	4,96E-95	83,45%	2
SCQSLB1052B07.g	<i>acid phosphatase vanadium-dependent haloperoxidase related</i>	2,56E-61	89,30%	2
SCUTLR2008F03.g	<i>glycerol-3-phosphate acyltransferase 1</i>	9,89E-150	72,55%	3
SCEPAM1051D06.g	<i>Protein</i>	1,27E-148	89,95%	3
SCCCLR1C07E01.g	<i>gdp-mannose-dependent alpha-mannosyltransferase-like</i>	0	90,35%	5
SCCCCL4003F07.g	<i>fh protein nfh2</i>	0	72,85%	3
SCRLAM1008F10.g	<i>oligopeptide transporter 7-like</i>	0	92,55%	2
SCCCLR1072G12.g	<i>60s ribosomal protein l32</i>	6,71E-81	97,80%	5
SCJFRZ2007A03.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>	0	80,90%	4
SCJFRZ2007C05.g	<i>dna-binding protein</i>	8,80E-113	82,50%	6
SCCCST2002A02.g	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	0	88,25%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCUTRZ2024B01.g	<i>uncharacterized protein ddb_g0273453 ddb_g0273565-like</i>	0	85,45%	0
SCEPAM1021C03.g	<i>Protein</i>	4,94E-144	70,20%	1
SCEZHR1087F06.g	<i>cytochrome p450 84a1-like</i>	3,21E-125	87,85%	5
SCSBAM1087G05.g	<i>uncharacterized protein loc100193259</i>	4,36E-158	66,85%	0
SCQSLR1040E10.g	<i>transcription factor iiii</i>	1,34E-169	81,25%	3
SCEQSB1C06D05.g	<i>cinnamoyl- reductase</i>	4,53E-33	84,55%	4
SCEQLR1029D12.g	<i>glycosyl group 1 family protein</i>	4,17E-87	92,55%	2
SCEPRZ1010G06.g	<i>6-phosphogluconolactonase</i>	0	89,35%	3
SCSFRT2067F07.g	<i>monosaccharide-sensing protein 2</i>	0	84,50%	9
SCRFLR1034F12.g	<i>glycine-rich rna-binding</i>	3,20E-144	77,95%	2
SCAGLR1064B05.g	<i>cytochrome p450 family expressed</i>	0	73,85%	5
SCQSHR1023D08.g	<i>Protein</i>	1,64E-98	72,20%	3
SCEZFL5092B03.g	<i>nucleolar protein 10</i>	3,91E-46	77,80%	2
SCVPLR2005E09.g	<i>40s ribosomal protein s7</i>	1,24E-122	95,75%	3
SCRFSB1023H01.g	<i>like protein</i>	2,56E-36	92,95%	3
SCCCCL4012A05.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,97E-81	61,85%	1
SCEQLR1092B09.g	<i>heat shock protein</i>	4,06E-56	91,20%	1
SCCCRZ1001H04.g	<i>Histone</i>	1,65E-40	98,60%	4
SCCCLB1C06D11.g	<i>fk506-binding protein</i>	1,16E-92	73,75%	2
SCCCLR1066F03.g	<i>purple acid phosphatase</i>	6,28E-158	92,60%	6
SCBGRT1050B11.g	<i>calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like</i>	0	92,95%	6
SCCCLR2001C04.g	<i>kda class ii heat shock protein</i>	9,87E-49	73,75%	3
SCSGLR1045A10.g	<i>polyphenol oxidase</i>	0	57,00%	4
SCEPRZ1008G07.g	<i>far upstream element-binding protein</i>	6,07E-173	75,85%	2
SCCCLR2C02C11.g	<i>60s ribosomal protein l38</i>	3,86E-36	98,00%	4
SCQGAM1045C11.g	<i>60s ribosomal protein l22-2</i>	3,89E-41	96,70%	5
SCQSRT2032D06.g	<i>uncharacterized protein loc100835929</i>	4,31E-56	79,85%	4
SCCCRT2002G08.g	<i>uncharacterized protein loc100192602</i>	1,61E-128	90,40%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCST3005E08.g	<i>class iii peroxidase</i>	6,04E-158	80,15%	6
SCCCRZ1001A02.g	<i>uncharacterized protein loc100193383</i>	6,28E-72	66,65%	1
SCRUFL1023B06.g	<i>uncharacterized protein loc100192571</i>	8,82E-22	59,50%	0
SCJFLR1073E07.g	<i>photosystem ii 10 kda polypeptide</i>	5,90E-60	85,50%	3
SCJFRZ2012G04.g	<i>xenotropic and polytropic murine leukemia virus receptor ids-</i>	1,31E-148	78,45%	1
SCRLLR1109E12.g	<i>nuclear transcription factor y subunit a-10</i>	8,14E-52	60,50%	3
SCJFLR1073E05.g	<i>casein kinase i isoform delta-like isoform 1</i>	0	80,40%	9
SCVPRT2081D11.g	<i>minor allergen alt a 7</i>	3,10E-121	92,40%	5
SCSGFL1078H06.g	<i>cyclic nucleotide-gated ion channel 4</i>	1,17E-105	94,80%	5
SCCCLR1C03C08.g	<i>nucleolar gtp-binding protein 1-like</i>	9,05E-170	81,40%	2
SCRFST1044C08.g	<i>aldose 1-epimerase-like</i>	0	82,40%	4
SCCCRZ2002C01.g	<i>60s ribosomal protein l37a</i>	2,47E-55	98,80%	5
SCCCLR1C07F11.g	<i>60s ribosomal protein l32</i>	3,91E-76	96,40%	5
SCEPAM2014E06.g	<i>Protein</i>	0	64,60%	2
SCCCCL3120E03.g	<i>uncharacterized protein</i>	8,45E-78	87,35%	2
SCCCLB1024D12.g	<i>uncharacterized protein loc100276754</i>	3,04E-97	83,40%	1
SCJLRT1017F06.g	<i>atfp4-like protein</i>	4,80E-28	77,15%	0
SCCCLR1C03E12.g	<i>viral a-type inclusion protein</i>	0	52,15%	12
SCRURT3063D02.g	<i>alpha beta-hydrolase-like protein</i>	6,82E-73	86,75%	2
SCSGAM2105D04.g	<i>udp-glycosyltransferase-like protein</i>	0	79,95%	3
SCEPLR1051C06.g	<i>duf246 domain-containing protein at1g04910-like</i>	0	93,10%	1
SCCCCL3001C02.b	<i>oleosin 16 kda</i>	4,76E-26	71,25%	2
SCCCRZ2C03D05.g	<i>glutamate decarboxylase</i>	0	89,15%	4
SCJFRT2053D10.g	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at4g26540-like</i>	1,24E-98	83,55%	10
SCEZLR1031G02.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 6a</i>	3,72E-166	92,55%	8
SCQSHR1022H06.g	<i>sulfate transporter</i>	2,19E-172	87,50%	4
SCEPAM2056G08.g	<i>auxin efflux carrier-like protein</i>	2,29E-104	85,90%	6
SCACLR1130E09.g	<i>uncharacterized protein</i>	5,52E-59	76,35%	1
SCJLRT1014G05.g	<i>tyrosine specific protein phosphatase family protein</i>	4,24E-130	87,10%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCQGFL4071E04.g	<i>plastidic glutamine synthetase</i>	5,49E-102	96,35%	6
SCCCCL4009B01.g	<i>Protein</i>	0	83,35%	4
SCCCLB1004E03.g	<i>proline-rich family expressed</i>	0	82,15%	0
SCCCRZ2C03H05.g	<i>uncharacterized protein loc100383567</i>	9,42E-145	79,15%	0
SCEQRT2095G03.g	<i>glycerophosphodiester phosphodiesterase 2</i>	0	87,40%	4
SCUTAM2009H10.g	<i>jacalin-like lectin domain containing expressed</i>	3,97E-73	70,40%	1
SCCCLR1024E01.g	<i>pi21 protein</i>	7,56E-24	81,55%	0
SCCCCL4015C03.g	<i>leafy hull sterile 1</i>	1,30E-160	92,20%	4
SCEZRZ1012E04.g	<i>protein kinase</i>	0	78,30%	4
SCUTAM2089E05.g	<i>beta-amylase</i>	0	91,55%	4
SCQGST1034C05.g	<i>l-ascorbate oxidase homolog</i>	0	76,60%	5
SCBFAD1067C08.g	<i>uncharacterized protein loc100275041</i>	5,95E-09	58,50%	0
SCSGAM1094F07.g	<i>uncharacterized protein loc100833391</i>	0	67,40%	0
SCACLR2007H02.g	<i>lipid binding protein</i>	2,04E-63	78,75%	3
SCJLRT1013H05.g	<i>phosphatase phospho1</i>	3,02E-167	81,20%	2
SCSFFL4082E10.g	<i>nnja4_maize ame: full=ninja-family protein 4</i>	5,84E-99	80,60%	1
SCJLST1022G06.g	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>	0	90,35%	9
SCEQRT2027A10.g	<i>expansin os-expa2</i>	2,07E-50	94,85%	4
SCBGLR1023B11.g	<i>probable polyamine oxidase 4-like</i>	0	87,15%	3
SCUTLR1058D05.g	<i>thioredoxin-like 1- chloroplastic-like</i>	3,53E-139	77,35%	4
SCQGLR1019F12.g	<i>plastidic atp adp transporter</i>	3,95E-80	84,10%	5
SCJLLR2006B06.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	2,08E-03	79,00%	0
SCMCCL6053F01.g	<i>zinc finger (c3hc4-type ring finger) family protein</i>	2,84E-53	81875%	9
SCCCLR1024A12.g	<i>serine carboxypeptidase ii-2</i>	0	83,40%	4
SCCCFL1097H04.g	<i>wd40-like beta propeller repeat family expressed</i>	2,33E-58	80,85%	0
SCEQRT1027E02.g	<i>calcium-dependent protein kinase</i>	0	83,30%	6
SCUTRZ2008H07.g	<i>disease resistance protein rga4-like</i>	5,66E-26	68,60%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
IACSP97-7065				
SCBGLR1097B08.g	<i>erg28 like protein</i>	2,22E-67	69,25%	2
SCJLLR1101D08.g	<i>Protein</i>	1,03E-38	64,13%	1
SCVPLR1049E07.g	<i>sulfite exporter family protein</i>	1,28E-144	83,00%	3
SCVPLR1028C10.g	<i>ornithine carbamoyltransferase</i>	0	94,85%	5
SCBGST3104D07.g	<i>blue copper protein precursor</i>	7,52E-65	78,85%	3
SCEQRT1029D09.g	<i>glucose-6-phosphate isomerase</i>	0	94,30%	8
SCJFRZ2009E12.g	<i>subtilisin-like protease-like</i>	0	73,20%	6
SCVPRZ3028E05.g	<i>serine threonine-protein kinase receptor precursor</i>	7,61E-116	90,70%	8
SCSFLL4085D03.g	<i>g-box binding factor 1</i>	1,01E-55	74,30%	5
SCACSD1017D08.g	<i>nitrate transporter -like</i>	1,26E-160	88,25%	3
SCMCST1051A03.g	<i>uro-adherence factor a</i>	1,00E-92	63,53%	0
SCEPSD1007C11.g	<i>pathogenesis-related protein class i</i>	5,09E-75	96,00%	1
SCBFRT1064C08.g	<i>iron ascorbate-dependent oxidoreductase</i>	2,45E-169	68,25%	2
SCEQRT1030C03.g	<i>potassium transporter</i>	0	81,25%	3
SCEPRZ3046G08.g	<i>saur12 - auxin-responsive saur family member</i>	9,65E-41	77,50%	3
SCRLSB1041A05.g	<i>Protein</i>	5,09E-82	81,65%	2
SCQSAM2047G01.g	<i>atp-dependent clp protease proteolytic subunit</i>	0	83,45%	7
SCJFAD1C12A04.b	<i>root abundant factor</i>	3,25E-19	75,22%	4
SCCCRZ2001G05.g	<i>metallothionein-like protein type 2</i>	6,46E-03	92,50%	1
SCAGCL6016H08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g024550 [Sorghum bicolor]</i>	1,78E-140	68,85%	1
SCJLLR1106H06.g	<i>cellulose synthase</i>	2,81E-121	95,45%	12
SCCCLR1072A12.g	<i>nad-malate dehydrogenase</i>	0	90,95%	8
SCCCFL1001H12.g	<i>at-hook protein 1</i>	3,58E-21	71,35%	2
SCCCRT1002B01.g	<i>homocysteine s-methyltransferase</i>	0	89,10%	3
SCRLLR1059G12.g	<i>myb transcription factor</i>	2,12E-152	70,80%	3
SCJFRT1062E02.b	<i>amino acid</i>	1,80E-12	84,70%	2
SCRURT3065E10.g	<i>lycogenin glucosyltransferase -like protein</i>	8,22E-97	76,15%	1
SCEQAM2039A10.g	<i>gras family transcription factor</i>	0	71,20%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCVPLR2027H04.g	<i>60s ribosomal protein l2</i>	2,94E-172	97,95%	3
SCJLRT1023E06.g	<i>beta glucanase</i>	0	93,25%	3
SCCCLR2003E11.g	<i>aba-induced protein</i>	1,26E-112	82,50%	1
SCRLAM2049E07.g	<i>embryogenesis transmembrane</i>	4,93E-110	76,15%	2
SCVPLR2019F01.g	<i>60s ribosomal protein l11-1</i>	2,48E-106	98,75%	3
SCAGLR2033C03.g	<i>rna polymerase alpha subunit</i>	0	97,80%	5
SCAGLR1043F05.g	<i>calcineurin b-like protein 4</i>	1,38E-29	89,65%	1
SCJLLR1054A10.g	<i>vamp protein sec22</i>	3,11E-119	78,50%	3
SCCCCL3080C03.g	<i>atp sulfurylase</i>	0	90,95%	3
SCEZLR1031F05.g	<i>Protein</i>	1,20E-147	52,70%	1
SCJLRT2051G07.g	<i>zeamatin-like protein</i>	6,61E-112	84,30%	1
SCSFRT2067G11.g	<i>elicitor-inducible cytochrome p450</i>	0	88,25%	5
SCCCRT1002B11.g	<i>jasmonate-induced protein</i>	1,98E-15	58,35%	4
SCEQLB1067F01.g	<i>bark storage protein a-like</i>	0	81,35%	3
SCEZLB1008A12.g	<i>male sterility 5 family protein</i>	0	85,55%	1
SCRFHR1006G03.g	<i>chemocyanin precursor</i>	1,50E-66	84,60%	3
SCRUSB1063C07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g003015 [Sorghum bicolor]</i>	7,92E-05	80,00%	0
SCBGLR1082G01.g	<i>protein binding protein</i>	1,90E-120	87,85%	3
SCCCSD1003E06.g	<i>pathogenesis-related protein 5</i>	2,93E-82	82,35%	1
SCSGHR1068D08.g	<i>auxin:hydrogen symporter transporter</i>	4,55E-17	98,40%	14
SCEQRT1024G12.g	<i>mcb2 protein</i>	1,44E-114	72,25%	3
SCSGHR1067G05.g	<i>protein binding</i>	5,40E-32	53,25%	0
SCJFHR1C03E12.b	<i>beta-glucosidase precursor</i>	1,27E-120	78,50%	6
SCRFAM2132A04.g	<i>far1-related protein</i>	1,64E-89	61,50%	2
SCBGHR1061H07.g	<i>heavy metal-associated domain containing protein</i>	1,66E-52	88,35%	2
SCEZRZ3016G06.g	<i>polyol transporter protein 4</i>	0	84,70%	3
SCCCCL4005E12.g	<i>rubisco subunit binding-protein alpha subunit</i>	0	92,45%	5
SCBFRZ2046E02.g	<i>Protein</i>	7,73E-120	69,60%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJFRZ1005G10.g	<i>kinesin heavy chain</i>	0	84,70%	5
SCCCCL5004D07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g017440 [Sorghum bicolor]</i>	8,89E-17	85,50%	0
SCSBAD1054F08.g	<i>4-hydroxyphenylacetaldehyde oxime monooxygenase-like</i>	0	70,10%	5
SCSBFL1040B02.g	<i>ramosa 2</i>	1,03E-115	85,60%	1
SCVPLB1020D03.g	<i>peroxidase atp4a</i>	1,63E-133	78,90%	8
SCMCST1052H06.g	<i>cytochrome family subfamily polypeptide 1</i>	1,08E-82	67,00%	5
SCRLAM1008E06.g	<i>kinesin heavy chain-like protein</i>	0	69,40%	3
SCCCRT3001A02.g	<i>Chitinase</i>	1,03E-43	91,65%	5
SCQGLR1088C06.g	<i>monocopper oxidase-like protein sku5</i>	5,23E-128	85,05%	8
SCEQRT2091D12.g	<i>pathogenesis-related protein 4</i>	1,77E-77	82,35%	9
SCEZLB1014G11.g	<i>pollen-specific protein c13 precursor</i>	2,66E-71	76,60%	4
SCCCCL4004G06.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxykinase</i>	0	97,90%	5
SCCCLR2003C05.g	<i>cytochrome p450 87a3-like</i>	4,46E-66	76,00%	5
SCEPRT2048B03.g	<i>65-kda microtubule-associated protein 8-like</i>	0	78,65%	3
SCUTRZ2024A08.b	<i>glyco protein</i>	1,71E-16	75,56%	1
SCBFAD1094D08.g	<i>glycine-rich cell wall structural protein precursor</i>	3,89E-06	82,43%	1
SCRLRZ3112F10.g	<i>tie-dyed 1</i>	8,31E-40	68,22%	1
SCEZLB1005F06.g	<i>respiratory burst oxidase homolog protein b-like</i>	0	87,00%	8
SCSGAD1008G12.g	<i>mrp-like abc transporter</i>	1,01E-75	88,55%	9
SCJFAD1011G09.g	<i>Protein</i>	2,68E-147	74,70%	4
SCVPFL3046C06.b	<i>probable protein phosphatase 2c 8-like</i>	9,27E-90	87,85%	4
SCSBFL4063A12.g	<i>glycosyl transferase family 8 expressed</i>	3,91E-151	94,50%	1
SCSFLL4084H06.g	<i>pho1-like protein</i>	1,53E-41	91,00%	4
SCMCAM1101F03.g	<i>zinc ion binding protein</i>	2,45E-40	60,70%	1
SCCCLR2004H12.g	<i>protein argonaute 1-like</i>	0	91,55%	1
SCJLRT1020A06.g	<i>t-complex protein 11</i>	0	78,75%	0
SCEZRZ3019F06.g	<i>gamma-glutamyltranspeptidase 1-like</i>	0	76,00%	5
SCBFRZ2017F11.g	<i>Protein</i>	2,93E-62	83,25%	7
SCCCLR1048B09.g	<i>alpha-expansin 5</i>	8,27E-91	89,60%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCST1008B02.g	<i>peptide transporter ptr2-b</i>	0	81,50%	4
SCEQLB1068F07.g	<i>beta3-glucuronyltransferase</i>	6,77E-65	81,45%	3
SCJFLR1073D07.g	<i>annexin d3-like</i>	0	78,05%	3
SCUTLR2023A03.g	<i>gds1 esterase lipase at5g45910-like</i>	0	80,90%	4
SCSGFL5C06F02.g	<i>adenine phosphoribosyltransferase 2</i>	7,06E-129	92,55%	4
SCJLRZ1024E12.g	<i>myb-like hth transcriptional regulator family protein</i>	2,60E-70	72,15%	3
SCCCRZ1004C02.g	<i>uncharacterized protein LOC100277442 [Zea mays]</i>	1,27E-29	81,00%	0
SCJFRZ2007A10.g	<i>mannan endo- -beta-mannosidase 7</i>	0	80,25%	4
SCCCFL5096D07.g	<i>mutant cinnata</i>	1,85E-34	70,80%	1
SCACSD2018D12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g043110 [Sorghum bicolor]</i>	3,70E-01	91,00%	5
SCJLRZ1027G11.g	<i>in2-1 protein</i>	7,28E-151	86,05%	3
SCEPAM2014D11.g	<i>unknow protein</i>	8,67E-77	64,90%	1
SCVPRT2081C10.g	<i>Protein</i>	9,87E-129	76,60%	2
SCEPRZ3132A06.g	<i>ubiquitin-protein ligase</i>	3,40E-06	86,00%	4
SCCCCL3001D02.g	<i>nac domain containing protein 87</i>	0	74,00%	3
SCEQRT3C03F04.g	<i>Protein</i>	8,08E-27	66,00%	0
SCEPLR1008A10.g	<i>Protein</i>	6,09E-93	64,00%	4
SCUTLR2030G03.g	<i>immediate-early protein rsp40</i>	2,96E-04	87,83%	0
SCEZRT2024A08.g	<i>glutathione s-transferase</i>	1,98E-136	83,95%	2
SCBGLR1114G12.g	<i>auxin response factor expressed</i>	3,55E-89	80,60%	5
SCJFRT1012G04.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g003670 [Sorghum bicolor]</i>	5,76E-52	91,00%	3
SCEPRT2048D07.g	<i>nad h-dependent oxidoreductase</i>	0	84,65%	3
SCCCST1006H04.g	<i>dopa dioxygenase extradiol</i>	1,24E-161	82,15%	5
SCEQLR1092F11.g	<i>membrane protein</i>	7,83E-43	84,00%	3
SCCCCL4011D01.g	<i>3-deoxy-d-arabino heptulosonate-7-phosphate synthase</i>	0	94,10%	5
SCCCLR1C01H06.g	<i>ma3 domain-containing protein</i>	0	83,45%	1
SCACAM1070E07.g	<i>transmembrane proteins 14c</i>	4,15E-19	83,67%	3
SCEZLB1006D09.g	<i>Protein</i>	7,30E-93	85,00%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCAGLR1064B04.g	<i>ethylene-responsive transcription factor-like protein</i>	3,39E-114	83,00%	4
SCEZLB1006F09.g	<i>phospholipid transfer protein 1</i>	7,72E-34	92,45%	2
SCAGST3141G10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g000840 [Sorghum bicolor]</i>	2,41E-32	84,15%	1
SCVPLR2019F02.g	<i>gmp synthase</i>	6,74E-40	80,45%	1
SCJFLR1074E01.g	<i>cct motif family protein</i>	4,51E-160	75,85%	3
SCJFRZ1005F02.g	<i>senescence-associated protein</i>	1,48E-99	55,35%	0
SCJFRZ2015F02.g	<i>myb transcription factor</i>	0	84,90%	3
SCVPRZ3029A08.g	<i>mitogen-activated protein kinase kinase kinase a-like</i>	6,68E-92	59,50%	3
SCJLLR2020B12.g	<i>60s ribosomal protein l44</i>	1,69E-47	98,90%	4
SCEQRT3C03F06.g	<i>hexose carrier</i>	1,26E-19	75,95%	5
SCQGLB1028A07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g012703 [Sorghum bicolor]</i>	1,67E-14	49,69%	5
SCVPRT2073C10.g	<i>win1 precursor</i>	2,78E-77	88,60%	9
SCRURT2009G03.g	<i>serine protease</i>	1,59E-126	82,80%	5
SCJLRT1017D05.g	<i>amino acid permease</i>	0	78,15%	1
SCEPRZ1008H10.g	<i>cytochrome p450 90b1-like</i>	9,70E-45	89,70%	8
SCVPFL1138E03.b	<i>ionotropic glutamate receptor ortholog glr6</i>	7,04E-73	66,65%	8
SCJFRZ2007H01.g	<i>rpm1-interacting protein 4-like</i>	1,26E-26	74,18%	0
SCCCLR1066D07.g	<i>pi21 protein</i>	2,27E-12	79,05%	2
SCEQAM2036G08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g005550 [Sorghum bicolor]</i>	1,98E-127	68,50%	0
SCCCLR1022H04.g	<i>harpin-induced protein</i>	2,15E-158	72,05%	1
SCVPLR2005F03.g	<i>photosystem i subunit b</i>	6,36E-63	99,95%	10
SCBGRT1047C08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g037890 [Sorghum bicolor]</i>	1,37E-19	62,64%	1
SCRFAD1024B11.g	<i>serine threonine-protein kinase ctr1-like</i>	7,22E-158	81,65%	5
SCJFHR1031D08.g	<i>tpr domain containing expressed</i>	0	76,35%	1
SCCCCL6002F05.g	<i>glutathione s-transferase</i>	9,95E-116	78,40%	2
SCACLR2014A10.g	<i>multidrug resistance protein</i>	0	93,10%	9
SCVPLR1028E01.g	<i>cytochrome b6 f complex subunit v</i>	3,83E-19	93,10%	9
SCCCST2004A03.g	<i>shikimate kinase</i>	9,87E-143	87,85%	7
SCRLFL3004C01.b	<i>serine hydroxymethyltransferase</i>	0	91,85%	7

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEZLB1012C07.g	<i>Protein</i>	0	84,25%	5
SCQGLR2017D09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g010100 [Sorghum bicolor]</i>	1,30E-25	74,88%	1
SCAGLR2018C03.g	<i>copper ion binding protein</i>	9,60E-88	73,35%	3
SCCCCL4004E12.g	<i>auxilin-like protein</i>	0	73,60%	2
SCRLSB1041B09.g	<i>nadp-dependent alkenal double bond reductase p1-like</i>	0	83,30%	3
SCQSRT2036C11.g	<i>sarcosine oxidase</i>	3,14E-111	83,85%	2
SCJLAM1063F08.g	<i>epoxide hydrolase 2-like</i>	0	85,55%	2
SCSGFL4196H05.g	<i>lectin protein expressed</i>	7,62E-38	69,50%	5
SCCCLR1024F07.g	<i>histidine decarboxylase</i>	0	93,55%	4
SCCCCL6002E08.g	<i>polyubiquitin 2</i>	3,89E-83	99,10%	11
SCQGRT1044C02.g	<i>AF124045_1unknown [Sorghum bicolor]</i>	2,94E-09	86,00%	0
SCCCRZ1C01E09.g	<i>steroid sulfotransferase</i>	3,20E-155	68,00%	1
SCJFLR1073H12.g	<i>delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>	0	88,75%	5
SCQSRT1034A12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g022290 [Sorghum bicolor]</i>	1,22E-135	81,20%	3
SCCCLR2C02F01.g	<i>40s ribosomal protein s30</i>	3,84E-21	98,20%	5
SCUTRZ2022E05.g	<i>collagen-binding protein</i>	6,34E+01	47,00%	3
SCJLLR1011D09.g	<i>prephenate dehydratase</i>	2,30E-112	97,75%	3
SCRFS2023E07.g	<i>pathogenesis-related protein class i</i>	5,08E-73	96,45%	1
SCEPCL6019G04.g	<i>condensin complex subunit 1</i>	1,40E-137	73,05%	4
SCCCLR2C02H01.g	<i>cellulose synthase</i>	0	95,40%	6
SCJLHR1027A10.g	<i>psbp domain-containing protein chloroplastic-like</i>	1,32E-104	63,50%	6
SCCCCL4003D01.g	<i>glutathione s-transferase</i>	4,27E-110	81,00%	1
SCCCCL3004D04.b	<i>random slug protein</i>	0	77,40%	3
SCMCRT2107F12.g	<i>protein kinase domain containing protein</i>	3,54E-20	78,00%	3
SCEZRZ1016C02.g	<i>tubby-like f-box protein 5-like</i>	0	86,55%	1
SCEQLR1091A10.g	<i>60s ribosomal protein l23a</i>	5,10E-51	98,40%	6
SCVPRZ3030G09.g	<i>pir7b protein</i>	9,37E-166	69,35%	0
SCJFRZ2026G09.g	<i>thioredoxin h2</i>	3,94E-08	62,00%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJLLR2013F11.g	<i>heme oxygenase 2</i>	2,41E-98	85,95%	4
SCCCST1002H06.g	<i>flavonol synthase</i>	7,22E-148	70,85%	3
SCQGLB1037H06.g	<i>f-box protein</i>	2,13E-08	89,00%	0
SCEZLB1007D12.g	<i>ralf precursor</i>	5,03E-35	88,25%	1
SCCCCL2001H12.b	<i>Os03g0296200 [Oryza sativa Japonica Group]</i>	2,37E-08	78,50%	0
SCEQRT1029A08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g031300 [Sorghum bicolor]</i>	1,21E-41	73,50%	1
SCEPRZ1008A06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g022510 [Sorghum bicolor]</i>	0	87,20%	2
SCCCLR1024E02.g	<i>nucleic acid binding</i>	7,16E-128	71,65%	2
SCSBFL1101G01.g	<i>receptor protein kinase perk1</i>	9,98E-56	81,95%	6
IACSP94-2094 & IACSP97-7065				
SCQGLB1027H02.g	<i>f-box domain containing protein</i>	1,79E-17	43,95%	1
SCRUAD1134G06.g	<i>aldose 1-epimerase-like</i>	0	84,25%	4
SCCCLR1C03A11.g	<i>60s ribosomal protein l23a</i>	4,35E-51	98,40%	6
SCJFRT1060F02.g	<i>histone h3</i>	3,77E-84	98,75%	4
SCCCRZ1001C08.g	<i>60s ribosomal protein l4</i>	2,78E-165	94,15%	3
SCEZHR1048H09.g	<i>chloride channel protein clc-a</i>	0	87,95%	8
SCUTAM2086B11.g	<i>jacalin-like lectin domain containing expressed</i>	4,18E-93	70,85%	1
SCCCRZ2C03C04.g	<i>histone h2a</i>	3,79E-47	98,45%	4
SCMCCL6055F11.g	<i>Protein</i>	1,84E-52	87,40%	6
SCEZRZ1016A01.g	<i>probable nucleolar protein 5-2-like</i>	0	85,60%	4
SCEPRT2044A09.g	<i>c2 domain-containing protein</i>	7,28E-51	75,40%	0
SCCCCL2001H04.b	<i>probable -trehalose-phosphate synthase</i>	0	82,45%	3
SCVPHR1094H06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g038810 [Sorghum bicolor]</i>	3,87E-01	97,00%	0
SCUTST3087E03.g	<i>myb family transcription factor</i>	2,99E-60	69,26%	4
SCCCLR1048D04.g	<i>glutathione transferase</i>	4,51E-133	84,80%	1
SCEPRT2048G05.g	<i>transcription factor</i>	2,06E-113	75,40%	2
SCCCST3002H10.g	<i>uncharacterized membrane protein at1g16860-like</i>	0	87,95%	0
SCSBSB1096D03.g	<i>fructose-bisphosphate chloroplast expressed</i>	6,01E-145	93,80%	4
SCSBFL1044C08.g	<i>3-n-debenzoyl-2-deoxytaxol n-benzoyltransferase</i>	1,96E-26	87,35%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJFRZ2009A09.g	<i>uncharacterized protein loc100280168</i>	0	63,75%	0
SCEZLB1007G07.g	<i>wound stress protein precursor</i>	3,63E-38	84,80%	1
SCCCLR1077A09.g	<i>udp-glucose 4-epimerase</i>	0	91,15%	3
SCSBAD1051C09.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	1,54E-27	94,05%	7
SCEQLR1050E05.g	<i>dead-box atp-dependent rna helicase 7-like</i>	0	86,95%	8
SCCCRZ1003B11.g	<i>cyclin-dependent kinase inhibitor 7</i>	2,45E-24	76,30%	4
SCCCRZ3003H07.g	<i>cytokinin dehydrogenase 7</i>	2,24E-14	86,65%	4
SCCCLR1C05B07.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	0	91,60%	7
SCQSRT1034G09.g	<i>sarcosine oxidase</i>	2,42E-95	84,60%	2
SCQSLB1051E02.g	<i>auxin response factor 10</i>	2,08E-48	83,15%	5
SCQGLR1085F11.g	<i>dhn9</i>	1,94E-16	63,85%	1
SCBGLR1096A03.g	<i>uncharacterized gpi-anchored protein at4g28100-like</i>	5,41E-54	78,85%	2
SCEZRZ3019H07.g	<i>mate efflux family protein 9-like</i>	5,68E-99	83,25%	4
SCJFRZ2010A05.g	<i>transcription factor qsh-1</i>	2,21E-129	81,75%	4
SCVPRZ2039E01.g	<i>Protein</i>	2,28E-25	74,55%	4
SCEQLB2020F07.g	<i>protein kinase domain containing protein</i>	1,35E-55	79,70%	5
SCEQLR1050H02.g	<i>probable peptide nitrate transporter at1g59740-like</i>	0	81,40%	3
SCEQRT2027A01.g	<i>yellow stripe-like transporter 12</i>	0	89,70%	2
SCJFLR1013D01.g	<i>60s ribosomal protein l18a</i>	3,18E-125	96,50%	3
SCJFRT1007H07.g	<i>lipoxygenase</i>	0	86,00%	7
SCQGLR1041E11.g	<i>transcription factor cbf1</i>	5,17E-62	75,60%	6
SCJLRZ1024A04.g	<i>lipoxygenase-1</i>	0	90,80%	7
SCEPRZ1009G11.g	<i>rna-binding protein</i>	0	63,05%	5
SCMCSD2059H07.g	<i>tropinone reductase 2</i>	4,57E-20	86,95%	4
SCACSB1117A12.g	<i>alpha-glucan phosphorylase l chloroplastic amyloplastic-like</i>	9,67E-100	94,55%	6
SCRUAD1131A12.g	<i>wak53a - receptor-like protein kinase precursor</i>	1,02E-89	79,35%	8
SCSGAD1007F02.g	<i>uncharacterized protein loc100856932</i>	1,57E-27	57,60%	3
SCVPRZ2041G12.g	<i>indole-3-acetic acid-amido synthetase</i>	0	88,60%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCBFSD2035E11.g	<i>flowering locus t</i>	1,55E-96	92,35%	0
SCCCLB1C06G11.g	<i>o-methyltransferase zrp4</i>	1,20E-86	66,60%	2
SCRFLB2060E04.g	<i>probable nucleoredoxin 2-like</i>	0	75,45%	4
SCJLLR1107D06.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	8,04E-06	75,00%	0
SCQGST3153F06.g	<i>sugar transport protein 5</i>	0	83,90%	4
SCJFRZ2031G06.g	<i>myosin heavy chain-related protein</i>	0	70,40%	1
SCSGFL4C08B10.g	<i>probable peptide nitrate transporter at3g53960-like</i>	0	69,60%	3
SCCCRT1004H04.g	<i>uncharacterized protein loc100276641</i>	5,54E-13	66,40%	1
SCSBST3093E07.g	<i>aux1-like permease</i>	6,47E-55	92,05%	5
SCUTLR2015A04.g	<i>heat shock protein binding</i>	1,92E-59	87,20%	3
SCAGRT3047G04.g	<i>uncharacterized protein loc100843264</i>	6,42E-21	80,50%	2
SCRLLB2032D09.g	<i>flower-specific gamma-thionin precursor</i>	1,19E-24	83,05%	4
SCCCLR2002A03.g	<i>60s ribosomal protein l35</i>	9,47E-48	96,25%	5
SCSFSD1066G06.g	<i>ubiquitin-protein ligase cip8</i>	5,24E-29	66,85%	6
SCSBSB1057D05.g	<i>plastidic alpha -glucan phosphorylase</i>	2,38E-118	97,05%	4
SCCCHR1004H09.g	<i>ctp:phosphorylcholine cytidyltransferase</i>	0	89,05%	2
SCCCLR2C03G12.g	<i>40s ribosomal protein s23</i>	6,05E-93	97,90%	3
SCCCCL3002F05.b	<i>tetratricopeptide repeat domain-containing protein</i>	2,59E-86	78,05%	2
SCQSAM2101E11.g	<i>chaperone protein dnaj</i>	1,32E-69	89,05%	3
SCJLFL3014G04.g	<i>beta-galactosidase 1-like</i>	2,23E-71	79,45%	7
SCCCST3006E12.g	<i>dopamine beta-</i>	0	73,65%	2
SCCCCL6024F07.g	<i>cinnamoyl reductase</i>	0	88,35%	3
SCEQLB1065D02.g	<i>d111 g-patch domain-containing protein</i>	0	70,45%	2
SCVPRZ2043H11.g	<i>rna binding protein</i>	2,76E-132	86,90%	3
SCACSB1035E05.g	<i>ribosomal protein l2</i>	5,14E-99	93,85%	6
SCQGLR1019E02.g	<i>hva22-like protein a</i>	1,00E-130	86,70%	2
SCAGLR2018E06.g	<i>gata transcription factor 16-like</i>	2,99E-52	71,90%	5
SCCCLR1C04E09.g	<i>60s ribosomal protein l15</i>	3,23E-125	98,00%	5
SCCCLR2004D07.g	<i>40s ribosomal protein s15a</i>	2,69E-82	98,50%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEPLR1030C10.g	<i>fasciclin-like arabinogalactan protein 16-like</i>	0	89,70%	1
SCBGLR1082G04.g	<i>40s ribosomal protein s27</i>	3,79E-44	96,15%	6
SCJFRT1059B02.g	<i>glutathione transferase</i>	4,18E-84	90,55%	1
SCCCLR1068F12.g	<i>histone h3</i>	5,95E-67	99,20%	5
SCEPAM1015F07.g	<i>alpha- glucan phosphorylase l chloroplastic amyloplastic-like</i>	7,95E-120	87,05%	5
SCRUFL1021G03.b	<i>hesb-like domain-containing protein 2</i>	2,91E-48	95,75%	4
SCCCLR2004B09.g	<i>transcription factor bhlh96-like</i>	6,61E-35	83,80%	4
SCRURT2008D11.g	<i>glycosyl hydrolase family 3 n terminal domain containing</i>	4,79E-35	92,50%	3
SCEZRZ1014E09.g	<i>kda class i heat shock protein 1</i>	4,20E-72	75,05%	1
SCBGLR1002E05.g	<i>tify transcription factor</i>	2,25E-86	58,35%	0
SCCCLR1069H11.g	<i>aphid transmission factor</i>	1,34E-78	99,65%	0
SCEPLB1043F06.g	<i>aspartic proteinase nepenthesin-2-like</i>	7,13E-87	81,75%	2
SCEZLB1013D07.g	<i>glucan endo- -beta-glucosidase 3-like</i>	5,80E-83	86,35%	4
SCJLRT1013G05.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	73,65%	1
SCEZLB1006E12.g	<i>tryptophan aminotransferase-related protein 4-like</i>	1,73E-50	78,55%	3
SCVPFL1132C05.g	<i>uncharacterized protein ycf45-like</i>	1,85E-166	78,90%	6
SCCCCL5003D05.g	<i>Protein</i>	5,39E-61	96,30%	4
SCUTLR2030B11.g	<i>hsf-type dna-binding domain containing expressed</i>	2,02E-132	76,40%	5
SCEPLR1030E06.g	<i>receptor-like protein kinase hsl1-like</i>	0	78,85%	9
SCRFAM2128A12.g	<i>mads-box transcription factor 12</i>	5,59E-37	86,45%	5
SCBFSD1034C06.g	<i>polyphenol oxidase</i>	4,28E-98	81,15%	3
SCBGRT1048A09.g	<i>plasma membrane atpase 1-like</i>	7,13E-25	88,50%	7
SCMCRT2086H06.g	<i>negatively light-regulated expressed</i>	1,29E-47	82,45%	0
SCQSLR1018D02.g	<i>fructose-bisphosphate chloroplast expressed</i>	1,54E-59	95,55%	4
SCEQAD1018D12.g	<i>root phototropism protein</i>	8,52E-121	76,10%	5
SCEPRZ1009C02.g	<i>60s ribosomal protein l18</i>	2,23E-115	95,15%	3
SCJFRT1059C11.g	<i>plasma membrane intrinsic protein</i>	0	93,70%	4
SCCCLR2C01F01.g	<i>60s ribosomal protein l21</i>	2,97E-110	96,65%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLB1001D05.g	<i>atp binding</i>	0	69,70%	1
SCACLR1126B12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g022720 [Sorghum bicolor]</i>	1,53E-02	93,67%	0
SCQGHR1011A04.g	<i>o-acyltransferase wsd1-like</i>	3,59E-139	82,80%	0
SCJFST1048C08.g	<i>tetracycline transporter protein</i>	1,62E-47	77,10%	6
SCAGAM2125E03.g	<i>uncharacterized protein loc100837813</i>	1,87E-36	85,80%	1
SCCCLR1077F09.g	<i>pseudo response regulator</i>	0	60,20%	3
SCCCLR2C01G07.g	<i>cbl-interacting protein kinase 4</i>	0	81,45%	6
SCCCLR2003G02.g	<i>ribosomal protein l3</i>	0	97,45%	3
SCBFLR1046A09.g	<i>vacuolar cation proton exchanger</i>	5,85E-148	83,70%	4
SCCCCL3001E05.b	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit beta-1</i>	1,36E-131	87,10%	4
SCCCRZ2C04H07.g	<i>histone h1</i>	3,42E-29	88,90%	5
SCSBAM1085B06.g	<i>fatty acid desaturase</i>	1,69E-125	91,85%	5
SCRUFL4021H01.g	<i>nadh-dependent glutamate synthase</i>	1,38E-99	91,40%	11
SCACLR1036A01.g	<i>h aca ribonucleoprotein complex subunit 2</i>	1,67E-96	93,85%	2
SCCCCL4012B09.g	<i>armadillo repeat containing protein</i>	1,03E-37	94,20%	5
SCEZAM2035A03.g	<i>transcription factor bhlh96-like</i>	3,24E-106	66,70%	3
SCEZLB1007A11.g	<i>uncharacterized protein loc100382795</i>	2,65E-88	82,30%	1
SCAGAD1073C08.g	<i>myb transcription factor</i>	2,52E-61	85,30%	3
SCRFAM1025F12.g	<i>kelch motif family protein</i>	2,25E-172	74,65%	2
SCSGHR1066C03.b	<i>chalcone synthase</i>	1,33E-89	97,85%	3

Anexo 3 - Identificação dos genes diferencialmente expressos passíveis de anotação para análises de RNAseq durante máximo estresse (terceira coleta) especificando SAS ID, descrição (*GO-terms*), P-Valor, similaridade e número de categorias de GOs associadas a cada gene

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
IACSP94-2094				
SCACLR1128D05.g	<i>metal ion binding protein</i>	3,14E-10	80,20%	2
SCACLR1129A11.g	<i>photosystem i reaction center subunit n</i>	2,46E-41	95,30%	4
SCACLR1130E09.g	<i>uncharacterized protein</i>	8,47E-25	74,05%	1
SCACLR2007D01.g	<i>acting on ester</i>	0	90,85%	7
SCACLR2007G05.g	<i>remorin family protein</i>	6,02E-54	82,60%	5
SCACRZ3035B05.g	<i>nitrate transporter</i>	1,73E-82	87,55%	3
SCACSB1039A11.g	<i>photosystem i reaction center subunit iii</i>	2,60E-12	91,05%	5
SCACSB1117A12.g	<i>starch phosphorylase</i>	5,22E-87	94,55%	6
SCACSB1123C03.g	<i>receptor-like protein kinase</i>	2,56E-75	73,85%	7
SCACSD2018A05.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	4,88E-15	64,00%	0
SCAGAD1075B02.g	<i>dcn1-like protein 2</i>	2,67E-46	64,00%	3
SCAGAM2123H11.g	<i>adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>	1,90E-103	84,00%	7
SCAGCL6013G02.g	<i>protein</i>	9,31E-48	75,90%	2
SCAGCL6013G05.g	<i>serine-rich repeat protein</i>	6,68E-157	52,22%	0
SCAGCL6016E01.g	<i>phosphatidic acid phosphohydrolase 2</i>	0	50,38%	6
SCAGFL3020B04.g	<i>ribosomal protein l17-like protein</i>	1,21E-91	88,75%	5
SCAGFL8006D04.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g046600 [Sorghum bicolor]</i>	1,45E-13	95,25%	0
SCAGLR1021B11.g	<i>receptor-like serine threonine kinase</i>	0	82,95%	7
SCAGLR1021E11.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	4,17E-11	81,00%	0
SCAGLR1021G03.g	<i>kh domain-containing protein</i>	0	69,05%	1
SCAGLR1021G07.g	<i>protein phosphatase 2c 49</i>	0	77,55%	4
SCAGLR1043A06.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 8</i>	5,23E-06	100,00%	4
SCAGLR1043B12.g	<i>nucleic acid-binding protein</i>	1,13E-82	93,15%	4
SCAGLR1043F04.g	<i>metal tolerance protein</i>	1,34E-180	92,50%	10
SCAGLR1043F11.g	<i>protein</i>	4,36E-92	76,60%	7

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCAGLR1043G05.g	<i>ids4-like protein</i>	6,94E-18	71,56%	2
SCAGLR1043H01.g	<i>porphobilinogen deaminase</i>	0	93,40%	4
SCAGLR1064D04.g	<i>protein</i>	0	68,55%	1
SCAGLR1064F07.g	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase 5</i>	1,06E-84	69,40%	2
SCAGLR1064G08.g	<i>transmembrane expressed</i>	0	86,55%	6
SCAGLR2011H07.g	<i>thioredoxin h</i>	9,66E-60	78,75%	1
SCAGLR2018C04.g	<i>senescence-associated protein</i>	2,52E-135	81,70%	2
SCAGLR2026D06.g	<i>magnesium-protoporphyrin ix monomethyl ester</i>	1,84E-94	97,00%	11
SCAGLV1040C01.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,83E-34	87,65%	1
SCAGRT3048G05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g007360 [Sorghum bicolor]</i>	3,31E-51	94,40%	0
SCBFAM2023E05.g	<i>rad21 rec8-like protein</i>	1,66E-95	73,20%	1
SCBFLB2091E01.g	<i>callose synthase</i>	4,76E-100	83,60%	3
SCBFLR1005A06.g	<i>altered response to gravity</i>	8,28E-45	92,65%	3
SCBFLR1046A04.g	<i>ran bp2 nzf zinc finger-like protein</i>	4,81E-40	85,60%	2
SCBFLR1046A09.g	<i>ca2+ antiporter cation exchanger</i>	1,44E-77	89,30%	4
SCBFLR1046D02.g	<i>f-box domain containing protein</i>	8,16E-38	82,33%	1
SCBFLR1046F07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g009600 [Sorghum bicolor]</i>	3,19E-04	56,00%	7
SCBFLR1046G09.g	<i>protein</i>	4,97E-127	86,35%	3
SCBFLR1060F03.g	<i>protein</i>	1,83E-100	77,40%	8
SCBFLR1060H07.g	<i>derlin-</i>	1,07E-100	95,00%	4
SCBFLR1083D02.g	<i>protein binding protein</i>	0	89,00%	4
SCBFRT1064C07.g	<i>calcium ion binding</i>	4,38E-152	85,30%	4
SCBFRT1064C08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g005170 [Sorghum bicolor]</i>	7,91E-13	92,00%	2
SCBFRT1069B12.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	5,93E-159	69,95%	7
SCBFRT1071E02.g	<i>lysine ketoglutarate reductase trans-splicing related 1</i>	3,72E-155	79,85%	1
SCBFRZ2016B08.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	3,15E-29	84,00%	0
SCBFRZ2016F05.g	<i>scl1 protein</i>	4,67E-151	88,90%	1
SCBFRZ2017H08.g	<i>50s ribosomal protein l13</i>	2,66E-108	92,20%	5
SCBFRZ2018G02.g	<i>myb family transcription expressed</i>	2,39E-130	82,05%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCBFRZ2048D04.g	<i>cbl-interacting protein kinase</i>	2,15E-103	81,50%	5
SCBGFL4054H05.g	<i>cyclic nucleotide-gated ion channel 4</i>	1,13E-114	84,15%	5
SCBGFL4057D12.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	4,22E-51	56,15%	1
SCBGFL5081H10.g	<i>protein</i>	2,25E-100	67,40%	5
SCBGHR1060F06.g	<i>glycerophosphoryl diester phosphodistase</i>	2,81E-129	85,55%	4
SCBGHR1061C01.g	<i>nucleoside diphosphate kinase 4</i>	2,98E-99	96,85%	8
SCBGLR1002A09.g	<i>dre binding factor 2</i>	1,96E-73	76,55%	3
SCBGLR1002F10.g	<i>glutathione transferase 10</i>	4,41E-142	78,75%	3
SCBGLR1023B03.g	<i>retrotransposon ty3-gypsy subclass</i>	8,84E-136	82,80%	1
SCBGLR1023B04.g	<i>udp-sulfoquinovose synthase</i>	0	91,20%	8
SCBGLR1023B11.g	<i>lysine-specific histone demethylase 1</i>	0	85,35%	6
SCBGLR1047D07.g	<i>shikimate kinase</i>	0	87,00%	7
SCBGLR1096D08.g	<i>protein kinase domain containing expressed</i>	1,84E-117	89,85%	7
SCBGLR1096F04.g	<i>acyl- -binding protein</i>	1,29E-24	92,85%	2
SCBGLR1099G12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_0016s002650 [Sorghum bicolor]</i>	2,79E-17	82,67%	0
SCBGLR1113F10.g	<i>copper chaperone</i>	4,54E-50	88,70%	10
SCBGLR1113F12.g	<i>glycine-rich rna binding protein</i>	1,17E-17	98,35%	2
SCBGLR1114B06.g	<i>plastocyanin precursor</i>	1,99E-23	91,80%	5
SCBGLR1114D06.g	<i>hypothetical protein LOC100275145 [Zea mays]</i>	9,16E-20	72,00%	0
SCBGLR1114G09.g	<i>oxygen-evolving enhancer protein 3-1</i>	4,29E-13	90,36%	5
SCBGLR1116H12.g	<i>2og-fe oxygenase family protein</i>	4,95E-158	71,80%	3
SCBGLR1120B07.g	<i>one helix protein</i>	3,35E-32	90,75%	4
SCBGLR1120H01.g	<i>60s ribosomal protein l33-b</i>	2,19E-46	96,20%	4
SCBGRT1057F05.g	<i>amino acid</i>	8,75E-30	90,65%	2
SCBGRT3014F08.g	<i>triosephosphate isomerase</i>	1,74E-78	94,60%	3
SCCCAD1003B05.g	<i>protein hapless 8</i>	5,93E-84	68,21%	1
SCCCAM1C09G11.g	<i>protein</i>	2,06E-170	81,30%	4
SCCCAM2003F01.g	<i>ethylene-responsive transcription factor 3</i>	1,95E-31	68,38%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCCL1001F05.b	<i>retrotransposon unclassified</i>	0	88,10%	2
SCCCCL1001F06.g	<i>retrotransposon ty1-copia subclass</i>	0	83,95%	4
SCCCCL1001G04.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g019411 [Sorghum bicolor]</i>	1,70E-04	68,00%	0
SCCCCL3001B02.g	<i>s-adenosylmethionine decarboxylase</i>	2,21E-89	94,75%	4
SCCCCL3001D02.g	<i>nac domain containing protein 87</i>	0	73,40%	3
SCCCCL3001E04.b	<i>nadp-dependent malic enzyme</i>	0	93,15%	6
SCCCCL3001E09.b	<i>40s ribosomal protein s5</i>	1,13E-31	98,55%	4
SCCCCL3002A03.b	<i>4-coumarate coenzyme a ligase</i>	6,92E-22	98,67%	2
SCCCCL3002B12.b	<i>dek domain-containing chromatin associated protein</i>	0	63,00%	1
SCCCCL3002D01.b	<i>endonuclease-reverse transcriptase</i>	0	62,30%	2
SCCCCL3002G02.b	<i>40s ribosomal protein s6</i>	3,63E-122	97,15%	3
SCCCCL3003A12.b	<i>protein phosphatase 2a regulatory subunit isoform b delta</i>	3,02E-132	94,35%	4
SCCCCL3004C10.b	<i>transaminase transferring nitrogenous groups</i>	0	84,50%	3
SCCCCL3004G09.b	<i>unknown protein [Oryza sativa Japonica Group]</i>	9,00E-11	66,00%	1
SCCCCL3080E02.g	<i>e3 sumo-protein ligase siz1</i>	0	68,90%	10
SCCCCL3080E03.g	<i>nbs-rr type resistance protein</i>	3,44E-79	78,35%	5
SCCCCL3080G10.b	<i>alternative oxidase</i>	1,30E-24	94,90%	10
SCCCCL3120D11.b	<i>hypothetical protein LOC100383843 [Zea mays]</i>	4,57E-09	84,00%	0
SCCCCL4001E05.g	<i>glycogen synthase kinase-3 -3</i>	0	94,95%	7
SCCCCL4002E10.g	<i>citrate transporter family protein</i>	7,84E-53	92,85%	6
SCCCCL4002G01.g	<i>ctp synthase</i>	0	87,00%	4
SCCCCL4004E12.g	<i>protein</i>	0	75,80%	2
SCCCCL4004F08.g	<i>arginine decarboxylase</i>	1,06E-43	89,40%	4
SCCCCL4004G06.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxykinase</i>	9,36E-127	96,50%	5
SCCCCL4005B08.g	<i>lysocardiolipin and lysophospholipid acyltransferase</i>	1,74E-165	85,75%	5
SCCCCL4005C09.g	<i>light-inducible protein cprf-2</i>	6,73E-141	69,75%	5
SCCCCL4005E12.g	<i>rubisco subunit binding-protein alpha subunit</i>	0	92,40%	5
SCCCCL4008D12.g	<i>methyl-binding domain protein mbd111</i>	9,23E-18	78,00%	3
SCCCCL4010D05.g	<i>pollen-specific c2 domain containing protein</i>	6,28E-89	82,35%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCCL4011C02.g	<i>elongation factor 2</i>	0	96,00%	8
SCCCCL4013H06.g	<i>coproporphyrinogen iii oxidase</i>	0	91,40%	7
SCCCCL4014A01.g	<i>sulfite exporter family protein</i>	8,17E-113	86,75%	3
SCCCCL4014A03.g	<i>heavy chain</i>	2,27E-132	98,50%	8
SCCCCL5071F05.g	<i>growth-on protein gro10</i>	3,40E-81	82,40%	3
SCCCCL5071F09.g	<i>btb and taz domain protein 2</i>	1,16E-40	67,25%	12
SCCCCL6002C11.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	1,00E-174	58,65%	1
SCCCCL6005E10.g	<i>bah and tfiis domain-containing protein</i>	3,48E-72	66,69%	5
SCCCCL7001H09.g	<i>alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>	9,58E-16	90,36%	3
SCCCCL7002B06.g	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>	3,32E-166	86,95%	3
SCCCCL7037G07.g	<i>10 kda secreted protein</i>	3,31E-22	87,00%	0
SCCCCL7C01H10.g	<i>retrotransposon ty1-copia subclass</i>	1,10E-147	85,40%	3
SCCCFL5001D01.g	<i>rna-directed dna polymerase (reverse transcriptase)</i>	5,58E-30	60,00%	4
SCCCFL5003D06.g	<i>histone h3</i>	1,58E-45	99,50%	4
SCCCLB1002D12.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	1,54E-07	82,53%	5
SCCCLB1003E11.g	<i>serine threonine-protein kinase</i>	8,25E-168	94,95%	5
SCCCLB1C02A10.g	<i>thioesterase family protein</i>	0	86,30%	4
SCCCLB2003F12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g007570 [Sorghum bicolor]</i>	2,08E-09	50,90%	5
SCCCLR1001C01.g	<i>40s ribosomal protein s19</i>	8,61E-51	95,15%	3
SCCCLR1001F08.g	<i>photosystem i reaction center subunit iii</i>	3,20E-16	95,40%	5
SCCCLR1001F09.g	<i>calmodulin</i>	1,02E-107	86,05%	5
SCCCLR1001G12.g	<i>gdp dissociation inhibitor</i>	6,67E-156	96,90%	3
SCCCLR1022E11.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	1,96E-23	58,50%	0
SCCCLR1024B08.g	<i>threonine endopeptidase</i>	5,32E-78	91,15%	3
SCCCLR1024E01.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	4,95E-04	100,00%	0
SCCCLR1024E07.g	<i>Os02g0682700 [Oryza sativa Japonica Group]</i>	2,07E-05	89,00%	0
SCCCLR1048A07.g	<i>heat shock protein 101</i>	1,04E-60	96,40%	6
SCCCLR1048E03.g	<i>glucan water dikinase</i>	0	87,75%	11

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR1048A06.g	<i>manganese superoxide dismutase</i>	6,46E-95	94,75%	6
SCCCLR1048F12.g	<i>14-3-3-like protein</i>	1,22E-61	91,25%	7
SCCCLR1048H12.g	<i>40s ribosomal protein s19</i>	1,69E-94	94,20%	3
SCCCLR1065E06.g	<i>aquaporin</i>	0	94,65%	4
SCCCLR1065F04.g	<i>homeodomain leucine zipper protein cphb-5</i>	4,30E-17	92,50%	4
SCCCLR1065F10.g	<i>ubiquitin-conjugating enzyme spm2</i>	1,50E-89	96,10%	6
SCCCLR1065G03.g	<i>regulatory particle triple-a 1a</i>	0	98,70%	8
SCCCLR1066A06.g	<i>small gtp-binding protein ac3</i>	2,61E-119	95,50%	4
SCCCLR1066F02.g	<i>na+ h+ antiporter</i>	2,26E-171	92,60%	5
SCCCLR1068H10.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	0	57,85%	2
SCCCLR1069A12.g	<i>60s ribosomal protein l9</i>	3,12E-31	97,25%	4
SCCCLR1069D01.g	<i>gtp-binding protein yptm2</i>	1,93E-125	96,85%	9
SCCCLR1070D02.g	<i>oxygen-evolving enhancer protein 1</i>	0	91,65%	5
SCCCLR1070H10.g	<i>sin3 histone deacetylase complex</i>	0	76,90%	2
SCCCLR1072B06.g	<i>regulatory subunit</i>	0	84,60%	1
SCCCLR1072C08.g	<i>uncharacterized protein</i>	5,68E-108	88,90%	3
SCCCLR1072C12.g	<i>atp binding protein</i>	1,13E-133	88,95%	3
SCCCLR1072E04.g	<i>usp family protein</i>	5,01E-76	86,80%	5
SCCCLR1072G11.g	<i>ndh dependent flow 6 protein</i>	1,63E-34	65,50%	2
SCCCLR1075E07.g	<i>ac093568_15 non-ltr retroelement reverse transcriptase</i>	5,62E-09	48,83%	1
SCCCLR1076F09.g	<i>serine-threonine kinase</i>	0	87,00%	5
SCCCLR1077F04.g	<i>elongation factor tu</i>	1,86E-77	95,85%	5
SCCCLR1078B11.g	<i>protein</i>	0	77,15%	9
SCCCLR1078C12.g	<i>nac domain ipr003441</i>	7,98E-53	84,70%	4
SCCCLR1078H07.g	<i>cytosolic acetyl- carboxylase</i>	8,78E-104	75,95%	6
SCCCLR1080B10.g	<i>short-chain dehydrogenase reductase sdr</i>	1,39E-104	78,35%	5
SCCCLR1C03A02.g	<i>40s ribosomal protein s14</i>	6,56E-83	99,55%	3
SCCCLR1C03A11.g	<i>60s ribosomal protein l23a</i>	2,19E-45	97,75%	6
SCCCLR1C01G03.g	<i>adp-ribosylation factor</i>	9,14E-92	99,65%	8

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR1C02A02.g	<i>eukaryotic translation initiation factor 5a</i>	2,09E-59	94,25%	8
SCCCLR1C03B07.g	<i>oxygen-evolving enhancer protein chloroplast</i>	1,94E-150	83,40%	7
SCCCLR1C03C11.g	<i>glycerol 3-phosphate permease</i>	0	85,60%	6
SCCCLR1C03D11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g004370 [Sorghum bicolor]</i>	1,20E-13	98,00%	0
SCCCLR1C03E12.g	<i>viral a-type inclusion protein</i>	0	50,55%	12
SCCCLR1C03H03.g	<i>protein</i>	9,84E-127	75,26%	2
SCCCLR1C04A11.g	<i>protein binding</i>	0	59,60%	0
SCCCLR1C04B10.g	<i>protein</i>	5,20E-177	70,80%	2
SCCCLR1C04H01.g	<i>nac domain ipr003441</i>	2,69E-35	62,75%	2
SCCCLR1C04H03.g	<i>myosin family protein with dil domain</i>	0	87,30%	16
SCCCLR1C05C06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g021360 [Sorghum bicolor]</i>	2,70E-17	70,08%	0
SCCCLR1C05C12.g	<i>protein</i>	3,17E-110	76,20%	6
SCCCLR1C05F12.g	<i>brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 precursor</i>	8,16E-20	79,67%	5
SCCCLR1C05G07.g	<i>s-adenosylmethionine decarboxylase</i>	0	87,95%	4
SCCCLR1C07B03.g	<i>protein nap1</i>	0	81,70%	6
SCCCLR1C07E01.g	<i>sulfolipid synthase</i>	0	88,10%	5
SCCCLR1C08G10.g	<i>lhy protein</i>	7,65E-95	79,50%	2
SCCCLR1C08H04.g	<i>plastocyanin precursor</i>	1,16E-62	89,90%	5
SCCCLR2001F07.g	<i>40s ribosomal protein s20</i>	6,12E-82	94,05%	4
SCCCLR2001G09.g	<i>translationally-controlled tumor protein</i>	9,13E-51	90,60%	1
SCCCLR2001H02.g	<i>protein</i>	0	84,05%	0
SCCCLR2001H07.g	<i>chaperonin 20</i>	4,94E-126	88,55%	11
SCCCLR2002B09.g	<i>harpin inducing protein</i>	3,66E-89	68,25%	2
SCCCLR2002G06.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,62E-37	87,35%	1
SCCCLR2004D07.g	<i>40s ribosomal protein s15a</i>	2,40E-87	98,50%	6
SCCCLR2C03C01.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,12E-70	87,20%	1
SCCCLR2C03G12.g	<i>40s ribosomal protein s23</i>	6,71E-80	97,90%	3
SCCCRT1001D02.g	<i>pathogenesis-related protein 10</i>	2,36E-87	86,25%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR2C01H04.g	<i>wound stress protein</i>	1,38E-41	82,20%	1
SCCCLR2C02C11.g	<i>60s ribosomal protein l38</i>	3,44E-41	97,95%	4
SCCCRT1002B08.g	<i>vacuolar atp synthase 16 kda proteolipid subunit</i>	2,37E-73	99,00%	6
SCCCRT1002C02.g	<i>ethylene insensitive 2</i>	2,72E-114	66,89%	4
SCCCRT1002F07.g	<i>autoinhibited h+ atpase</i>	0	95,95%	8
SCCCRT1003A03.g	<i>lon protease</i>	2,88E-99	88,65%	10
SCCCRT1003D09.g	<i>benzoyl coenzyme a: benzyl alcohol benzoyl transferase</i>	3,35E-50	80,94%	1
SCCCRT1003E06.g	<i>transcription factor ilr3</i>	2,28E-141	66,70%	3
SCCCRT1004H04.g	<i>hypothetical protein LOC100276641 [Zea mays]</i>	1,99E-17	68,17%	0
SCCCRT1004H11.g	<i>calmodulin-like protein 6</i>	2,94E-54	66,10%	2
SCCCRT1C05F07.g	<i>u-box domain containing expressed</i>	1,66E-114	69,95%	7
SCCCRT2001A03.g	<i>associated with hox family expressed</i>	9,96E-90	74,75%	4
SCCCRT2004A03.g	<i>beta- -glucanase precursor</i>	6,58E-06	92,33%	16
SCCCRT3007C11.g	<i>adipocyte plasma membrane-associated</i>	1,17E-98	72,20%	4
SCCCRZ1001H04.g	<i>histone</i>	3,28E-19	98,70%	4
SCCCRZ1002F05.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	1,29E-39	90,00%	0
SCCCRZ1002F11.g	<i>beta-tubulin 3</i>	3,95E-20	98,80%	6
SCCCRZ1002H03.g	<i>tubulin alpha-6 chain</i>	0	97,20%	15
SCCCRZ1003B05.g	<i>f-box family protein</i>	0	72,90%	1
SCCCRZ1004B12.g	<i>light-induced protein 1-like</i>	3,63E-04	75,00%	0
SCCCRZ1004C04.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	49,60%	6
SCCCRZ1C01D11.g	<i>cytochrome c</i>	9,94E-76	96,05%	6
SCCCRZ1C02H05.g	<i>metacaspase 1</i>	0	72,45%	5
SCCCRZ2001C01.g	<i>thioredoxin h-type</i>	2,30E-54	92,30%	20
SCCCRZ2001D03.g	<i>cysteine proteinase</i>	6,08E-163	92,10%	4
SCCCRZ2002B03.g	<i>60 ribosomal protein l14</i>	1,89E-81	98,30%	3
SCCCRZ2002C12.g	<i>40s ribosomal protein s18</i>	6,37E-93	97,30%	4
SCCCRZ2002H02.g	<i>histone h1</i>	3,12E-27	92,25%	4
SCCCRZ2002H03.g	<i>histone h2a</i>	1,97E-05	99,90%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCRZ2001F03.g	<i>fructose-bisphosphate aldolase</i>	0	94,55%	3
SCCCRZ2001H05.g	<i>auxin-independent growth promoter-like protein</i>	8,29E-08	82,70%	2
SCCCRZ2002A05.g	<i>histone h3</i>	5,55E-57	99,30%	4
SCCCRZ2003B05.g	<i>enzyme of the cupin superfamily</i>	1,37E-17	79,10%	1
SCCCRZ2003D01.g	<i>ring u-box domain-containing protein</i>	6,64E-78	63,65%	4
SCCCRZ2003H09.g	<i>2-oxoisovalerate dehydrogenase e1 alpha subunit</i>	0	91,45%	3
SCCCRZ2004A06.g	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	0	97,60%	4
SCCCRZ2C01A11.g	<i>60s ribosomal protein l34</i>	1,73E-65	97,45%	4
SCCCRZ2C01F01.g	<i>phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase</i>	1,09E-106	98,20%	5
SCCCRZ2C03B12.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	1,27E-08	63,00%	0
SCCCRZ2C03E10.g	<i>vip1 protein</i>	1,14E-70	64,94%	0
SCCCSB1001C02.g	<i>transposon mariner sub-class</i>	5,37E-86	75,45%	0
SCCCSD1001H06.g	<i>serine-threonine kinase</i>	1,33E-111	85,45%	5
SCCCSD1094G08.g	<i>protein</i>	1,37E-56	74,80%	1
SCCCSD1095A07.g	<i>ribosomal protein s9</i>	2,11E-50	92,85%	9
SCCCST1001G09.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	5,16E-75	63,25%	6
SCCCST1002F06.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 4</i>	1,47E-67	94,60%	4
SCCCST1003H12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g034770 [Sorghum bicolor]</i>	1,85E-103	59,24%	0
SCCCST1006B07.g	<i>bgal2_orysj ame: full=beta-galactosidase 2 (lactase)</i>	0	82,60%	10
SCCCST1008B08.g	<i>ribonucleoprotein a</i>	9,66E-135	81,40%	11
SCCCST1C06G09.g	<i>glyoxylate reductase</i>	1,55E-12	94,86%	3
SCCCST2002A02.g	<i>spx domain-containing membrane protein</i>	0	88,25%	2
SCCCST2002A09.g	<i>bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase</i>	9,54E-144	90,55%	5
SCCCST2002F04.g	<i>glycerol 3-phosphate permease</i>	0	87,00%	3
SCCCST3083G10.g	<i>leucine-rich-repeat protein</i>	5,26E-66	86,95%	3
SCCCST3C03A11.g	<i>uncharacterized protein</i>	4,00E-62	74,80%	1
SCEPAM1016G11.g	<i>mss1(mitochondrial sorting of proteins) protein</i>	0	76,55%	4
SCEPAM1023D12.g	<i>protein</i>	2,15E-107	73,05%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCST2002G11.g	<i>potassium transporter 10</i>	0	84,05%	4
SCCCST2004A03.g	<i>shikimate kinase</i>	5,62E-132	86,45%	7
SCCCST3001H11.g	<i>16kda membrane protein</i>	7,06E-77	91,50%	3
SCEPAM1024G02.g	<i>elongation factor family protein</i>	2,57E-122	90,50%	4
SCEPAM1024H02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g020120 [Sorghum bicolor]</i>	7,78E-11	95,20%	1
SCEPAM1051D06.g	<i>protein</i>	1,97E-154	88,55%	3
SCEPAM1051D11.g	<i>acyl binding expressed</i>	2,17E-69	74,50%	6
SCEPAM1054C05.g	<i>paired amphipathic helix protein sin3-like 2</i>	4,96E-157	70,05%	2
SCEPAM2015H07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g001620 [Sorghum bicolor]</i>	1,38E-08	73,00%	2
SCEPCL6023H01.g	<i>dna-binding protein</i>	1,41E-06	77,33%	0
SCEPLB1044D11.g	<i>plant-specific domain tigr01615 family protein</i>	1,18E-04	94,00%	0
SCEPLR1008G04.g	<i>ubiquitin-associated protein</i>	0	70,30%	2
SCEPLR1030E06.g	<i>leucine-rich receptor-like protein kinase</i>	0	78,20%	10
SCEPLR1030H09.g	<i>dynammin like protein 2a</i>	0	82,10%	13
SCEPLR1030H10.g	<i>mitogen-activated protein kinase 20</i>	0	85,60%	6
SCEPLR1051F04.g	<i>50s ribosomal protein l31</i>	1,31E-26	97,83%	4
SCEPRT2043E01.g	<i>clathrin assembly</i>	0	80,30%	7
SCEPRZ1008B01.g	<i>trypsin-like serine and cysteine proteases</i>	0	86,15%	1
SCEPRZ1011E06.g	<i>ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 15</i>	1,78E-166	72,50%	12
SCEPSD1005G10.g	<i>dna-directed rna polymerase iii subunit kda polypeptide</i>	3,81E-22	77,60%	2
SCEPSD2007F02.g	<i>hypothetical protein LOC100276652 [Zea mays]</i>	6,46E-19	63,00%	0
SCEPSD2072C03.g	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase 5</i>	1,08E-10	63,79%	2
SCEQAD1016G08.g	<i>like expressed</i>	1,04E-24	89,60%	2
SCEQAM2036D10.g	<i>pre-mrna processing protein expressed</i>	0	84,15%	3
SCEQLB1063D01.g	<i>progesterone 5-beta-reductase</i>	1,74E-33	78,85%	6
SCEQLB1063E10.g	<i>peroxisomal membrane protein 11d</i>	6,20E-91	90,20%	3
SCEQLB1067C03.g	<i>1-deoxy-d-xylulose 5-phosphate synthase</i>	1,29E-48	93,70%	7
SCEQLB2019B08.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	1,17E-89	91,80%	6
SCEQLR1007A12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g001860 [Sorghum bicolor]</i>	5,60E-04	70,00%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEQAM2038G11.g	<i>endonuclease exonuclease phosphatase</i>	4,45E-57	56,30%	1
SCEQFL5044B07.g	<i>peptidyl-prolyl cis-trans isomerase</i>	1,26E-89	93,15%	7
SCEQFL5050E03.g	<i>methionine aminopeptidase 1b</i>	3,36E-06	97,00%	8
SCEQHR1081B01.g	<i>purple acid phosphatase 1</i>	9,64E-89	87,35%	5
SCEQLR1007G03.g	<i>elongation factor 1-</i>	1,53E-169	99,00%	6
SCEQLR1029H08.g	<i>glycine-rich rna-binding protein 2</i>	2,85E-50	94,85%	3
SCEQLR1050F10.g	<i>protein</i>	1,03E-124	86,94%	2
SCEQLR1091D05.g	<i>60s ribosomal protein l5-1</i>	0	93,35%	4
SCEQLR1092A06.g	<i>protein</i>	1,52E-114	64,67%	1
SCEQLR1092B06.g	<i>rubredoxin-like protein</i>	7,75E-49	88,30%	3
SCEQRT1024D09.g	<i>retrotransposon ty1-copia subclass</i>	2,48E-173	81,75%	3
SCEQRT1024G05.g	<i>nac domain ipr003441</i>	9,25E-157	70,70%	9
SCEQRT1025A12.g	<i>cytochrome p450</i>	2,06E-101	87,80%	5
SCEQRT1028A11.g	<i>eukaryotic translation initiation factor 6</i>	5,60E-147	94,75%	5
SCEQRT1028B07.g	<i>phosphate transporter 4</i>	0	92,00%	4
SCEQRT2025A05.g	<i>calmodulin binding protein</i>	0	83,70%	0
SCEQRT2027G02.g	<i>transaminase transferring nitrogenous groups</i>	1,40E-63	87,25%	3
SCEQRT2090C11.g	<i>sucrose transporter</i>	0	94,70%	5
SCEQRT2095D01.g	<i>phytoene desaturase</i>	2,42E-109	93,25%	5
SCEQRT2095G03.g	<i>glycerophosphodiester phosphodiesterase 2</i>	0	85,95%	4
SCEQRT3C03F04.g	<i>protein</i>	7,21E-32	67,00%	0
SCEQSB1017E06.g	<i>subtilisin-like protease precursor</i>	2,63E-20	83,83%	5
SCEQSB1019A07.g	<i>retrotransposon ty1-copia subclass</i>	1,57E-50	84,05%	8
SCEZAM2058D11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g019700 [Sorghum bicolor]</i>	3,18E-173	83,00%	1
SCEZFL5083E02.g	<i>integral membrane transporter family protein</i>	2,19E-148	75,50%	2
SCEZHR1087F06.g	<i>cytochrome p450 expressed</i>	2,39E-23	85,00%	5
SCEZHR1088E04.g	<i>nucleoid dna-binding protein cnd41</i>	3,03E-40	56,80%	2
SCEZLB1008G01.g	<i>ethylene-dependent gravitropism-deficient and yellow-green-like 2prot</i>	2,36E-29	87,82%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEQSB1019G10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g036890 [Sorghum bicolor]</i>	1,48E-31	89,75%	0
SCEQSD2075C07.g	<i>pgr5-like protein 1a</i>	8,53E-70	88,80%	2
SCEZAD1078F06.g	<i>abc transporter c family member 2</i>	7,54E-98	94,10%	11
SCEZAM1080A09.g	<i>protein</i>	1,21E-106	95,75%	4
SCEZLB1009F11.g	<i>nuclear transcription factor y subunit b-3</i>	5,11E-98	94,25%	3
SCEZLB1010H03.g	<i>plastid ppgpp synthase</i>	6,20E-159	77,60%	9
SCEZLB1011B11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g002640 [Sorghum bicolor]</i>	1,56E-62	63,00%	0
SCEZLB1012F11.g	<i>60s ribosomal protein l24</i>	2,10E-73	97,80%	4
SCEZLB1014E02.g	<i>histone</i>	9,39E-54	99,45%	4
SCEZLR1009G07.g	<i>seed maturation protein expressed</i>	0	80,75%	1
SCEZLR1031G02.g	<i>chlorophyll a b-binding protein precursor</i>	1,20E-16	93,14%	3
SCEZLR1031H06.g	<i>alpha beta fold family protein</i>	2,97E-162	85,75%	1
SCEZLR1052C06.g	<i>histidine kinase</i>	0	83,45%	8
SCEZRZ1014F04.g	<i>mitogen-activated protein kinase 16</i>	0	89,30%	6
SCEZRZ1016C11.g	<i>dna binding like</i>	3,20E-26	76,67%	3
SCEZRZ1017B07.g	<i>hypothetical protein LOC100383529 [Zea mays]</i>	2,51E-06	87,00%	1
SCEZRZ3015B06.g	<i>zinc finger family protein</i>	4,97E-38	91,50%	6
SCEZRZ3015D04.g	<i>proline transporter</i>	5,30E-19	87,60%	3
SCEZRZ3016C08.g	<i>pi21 protein</i>	4,03E-11	83,83%	0
SCEZRZ3019F06.g	<i>protein</i>	3,44E-46	77,75%	15
SCEZRZ3051A09.g	<i>like protein RSG149</i>	0	85,50%	7
SCEZRZ3052A06.g	<i>sialyltransferase-like protein</i>	8,54E-85	78,50%	4
SCJFLR1035G04.g	<i>pro-resilin precursor</i>	5,99E-58	73,43%	0
SCJFLR1073A02.g	<i>protein</i>	1,49E-131	87,50%	2
SCJFLR1073B10.g	<i>callose synthase 1 catalytic subunit</i>	0	93,15%	3
SCJFLR1073D03.g	<i>glutamate-1-semialdehyde- -aminomutase</i>	0	92,05%	8
SCJFLR1073E09.g	<i>ribulose- -biphosphate carboxylase oxygenase large subunit</i>	0	98,05%	7
SCJFLR1074C07.g	<i>hypothetical protein LOC100501161 [Zea mays]</i>	6,46E-04	71,00%	0
SCEZRZ3099A11.g	<i>t-complex protein 11</i>	1,33E-31	85,70%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEZSB1093H03.g	<i>ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 7</i>	6,07E-79	95,65%	6
SCJFAD1010E09.b	<i>eukaryotic translation initiation factor 3</i>	1,19E-97	65,65%	1
SCJFAD1010F01.b	<i>mitochondrial substrate carrier family protein</i>	7,50E-40	85,20%	8
SCJFAD1010G11.g	<i>callose synthase</i>	6,00E-105	81,75%	3
SCJFAD1013H02.g	<i>sex-linked protein 9</i>	4,87E-49	93,25%	3
SCJFLR2035B05.g	<i>photosystem i psah protein</i>	4,95E-13	87,80%	5
SCJFRT1008C05.g	<i>hypersensitive-induced response protein</i>	8,60E-120	96,45%	3
SCJFRT1010A11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g022190 [Sorghum bicolor]</i>	6,90E-40	87,33%	0
SCJFRT1059C11.g	<i>plasma membrane intrinsic protein</i>	0	93,00%	4
SCJFRT1060F02.g	<i>histone h3</i>	3,36E-89	98,75%	4
SCJFRT2054A08.g	<i>protein</i>	1,48E-96	61,50%	2
SCJFRT2054F10.b	<i>fatty acid elongase</i>	2,13E-14	93,45%	3
SCJFRT2054H09.g	<i>outer arm dynein light chain 1 protein</i>	0	71,20%	3
SCJFRT2058E04.g	<i>monogalactosyldiacylglycerol synthase</i>	0	91,35%	18
SCJFRT2060D11.g	<i>hypothetical protein LOC100274204 [Zea mays]</i>	8,17E-08	82,33%	0
SCJFRT2060E01.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,45E-58	76,55%	1
SCJFRT2060H11.g	<i>ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme l3</i>	2,40E-134	85,50%	3
SCJFRZ1005F02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g021730 [Sorghum bicolor]</i>	3,24E-04	76,00%	0
SCJFRZ1005H04.b	<i>protein kinase receptor type precursor</i>	3,50E-79	76,35%	8
SCJFRZ1007D07.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	1,91E-17	59,50%	0
SCJFRZ1007H05.g	<i>dna binding</i>	0	69,65%	1
SCJFRZ2025G02.g	<i>ring-h2 finger protein rhy1a</i>	7,36E-116	71,90%	3
SCJFRZ2032F11.g	<i>catalytic hydrolase</i>	7,79E-55	85,06%	2
SCJFRZ2034A03.g	<i>ring-h2 finger protein</i>	9,61E-38	78,37%	2
SCJFSB1010C08.b	<i>anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>	2,67E-15	78,92%	1
SCJFSB1010E06.b	<i>early endosome</i>	1,87E-103	56,10%	0
SCJFSB1011E04.g	<i>response regulator 9</i>	1,90E-130	60,73%	5
SCJFRZ2009B07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g047250 [Sorghum bicolor]</i>	1,08E-38	87,20%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJFRZ2009F09.g	<i>tata-binding protein</i>	2,98E-125	98,65%	7
SCJFRZ2010D04.g	<i>histone h2a</i>	1,44E-42	98,25%	7
SCJFRZ2011H04.g	<i>ferredoxin family protein</i>	8,08E-24	94,80%	7
SCJFRZ2015B10.g	<i>stress responsive protein</i>	1,62E-55	93,25%	0
SCJFRZ2015G01.g	<i>60s ribosomal protein l18</i>	3,54E-72	93,25%	3
SCJFSB1012F09.b	<i>receptor protein</i>	3,41E-53	71,00%	8
SCJFST1009E06.g	<i>rubisco subunit binding-protein beta subunit-like</i>	9,67E-144	84,40%	3
SCJFST1009E07.b	<i>probable inactive beta-glucosidase 14 os4bglu14 flags: precursor</i>	5,90E-66	73,00%	3
SCJFST1013H06.g	<i>mads box protein</i>	2,88E-120	91,60%	4
SCJFST1014E07.b	<i>carotenoid cleavage dioxygenase</i>	1,30E-41	56,45%	5
SCJLFL3015C10.g	<i>uncharacterized protein</i>	3,65E-19	86,62%	1
SCJLHR1027A10.g	<i>thylakoid lumenal 20 kda protein</i>	6,11E-22	82,81%	6
SCJLLR1011E03.g	<i>heat shock protein 90</i>	0	97,45%	5
SCJLLR1011H07.g	<i>hypothetical protein LOC100381979 [Zea mays]</i>	1,31E-11	54,33%	0
SCJLLR1033F06.g	<i>callose synthase</i>	0	83,50%	3
SCJLLR1033F07.g	<i>2-cys peroxiredoxin bas1</i>	7,30E-108	96,30%	12
SCJLLR1033G05.g	<i>40s ribosomal protein s25-1</i>	9,81E-42	96,70%	1
SCJLLR1054B07.g	<i>ring u-box domain-containing protein</i>	5,46E-53	79,55%	3
SCJLLR1054F03.g	<i>legumain-like protease</i>	0	91,55%	4
SCJLLR1101E03.g	<i>uncharacterized protein</i>	6,78E-22	92,45%	1
SCJLLR1102C07.g	<i>thylakoid lumenal kda chloroplast</i>	7,27E-138	73,15%	6
SCJLLR1102F07.g	<i>protein</i>	1,03E-113	75,50%	2
SCJLRT1006B11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g027260 [Sorghum bicolor]</i>	2,47E-71	67,05%	3
SCJLRT1014C07.g	<i>loricrin-like protein</i>	1,56E-103	59,95%	1
SCJLRT1014H12.g	<i>sit4 phosphatase-associated-like protein</i>	0	75,35%	1
SCJLRT1019G05.g	<i>protein</i>	0	80,40%	1
SCJLRT2052C07.g	<i>sulfate transporter</i>	2,51E-22	93,33%	1
SCJLRZ1018E07.g	<i>pherophorin like protein</i>	4,12E-64	76,33%	3
SCJLRZ1019E08.b	<i>major facilitator superfamily expressed</i>	9,82E-41	91,45%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJLLR1103G03.g	<i>reticulon-like protein b8</i>	8,08E-17	71,71%	1
SCJLLR1104C02.g	<i>ein3-binding f-box protein 1</i>	0	79,55%	1
SCJLLR1106F03.g	<i>chaperonin 20</i>	5,94E-64	90,90%	11
SCJLLR1107B04.g	<i>60s ribosomal protein l31</i>	2,25E-15	94,10%	3
SCJLLR2020G03.g	<i>membrane related protein</i>	8,10E-169	86,00%	2
SCJLLR2020G11.g	<i>transcription factor</i>	4,33E-25	52,40%	1
SCJLRZ1020G02.g	<i>signal transducer</i>	1,86E-152	85,55%	0
SCJLRZ1021F11.g	<i>50s ribosomal protein l18</i>	1,65E-51	92,10%	5
SCJLRZ1024A10.g	<i>protein</i>	0	80,95%	4
SCJLRZ1024H09.g	<i>salt tolerance protein</i>	1,32E-51	90,85%	1
SCJLRZ3074F11.g	<i>clan family ubiquitin hydrolase-like cysteine peptidase</i>	1,75E-114	48,13%	21
SCJLRZ3078F05.g	<i>protein</i>	5,54E-25	87,10%	1
SCJLSB1067C04.g	<i>n-terminal conserved region family expressed</i>	3,37E-88	67,00%	0
SCJLST1020D04.g	<i>non-imprinted in prader-willi angelman syndrome region</i>	0	89,15%	1
SCJLST1022G06.g	<i>chlorophyll a b-binding protein cp29</i>	0	89,65%	9
SCJLST1023C02.g	<i>bhlh transcription factor</i>	5,25E-61	86,35%	3
SCMCCL6049A09.g	<i>protein</i>	5,11E-62	89,95%	4
SCMCCL6052F09.g	<i>homogentisate phytyltransferase vte2-1</i>	4,53E-26	75,50%	3
SCMCCL6052H07.g	<i>patatin-like phospholipase domain-containing protein</i>	2,10E-105	90,25%	4
SCMCCL6053D03.g	<i>ascorbate oxidase promoter-binding protein aobp</i>	5,06E-157	69,95%	3
SCMCCL6053F01.g	<i>zinc finger (c3hc4-type ring finger) family protein</i>	4,56E-59	83,67%	9
SCMCRT2086C02.g	<i>cytosolic acetyl- carboxylase</i>	1,92E-129	91,05%	6
SCMCRT2104E04.g	<i>glycerophosphodiester phosphodiesterase</i>	1,59E-44	83,35%	5
SCMCRT2108G06.g	<i>dihydrolipoamide dehydrogenase</i>	3,99E-131	95,55%	9
SCMCSB1107C04.g	<i>protein</i>	1,26E-37	93,35%	10
SCMCSB1108E09.g	<i>csle6 - cellulose synthase-like family e</i>	2,77E-67	84,20%	5
SCMCSB1108H08.g	<i>bgl32_orysj ame (beta-glucosidase 32) os9bglu32 precursor</i>	1,00E-43	88,75%	4
SCMCLR1053G12.g	<i>callose synthase 1 catalytic subunit</i>	0	89,90%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCMCLR1122E06.g	<i>retinol dehydrogenase 12</i>	1,60E-122	77,10%	3
SCMCLR1123E02.g	<i>potassium transporter</i>	0	86,05%	3
SCMCRT2085D12.g	<i>soluble starch synthase iii-1</i>	3,58E-47	72,29%	3
SCMCRT2085F05.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	2,37E-78	65,85%	2
SCMCRT2085H07.g	<i>hypothetical protein LOC100278993 [Zea mays]</i>	9,14E-32	76,62%	1
SCMCSB1111F06.g	<i>glucose-6-phosphate isomerase</i>	1,77E-41	89,85%	4
SCMCSD1060C08.g	<i>uncharacterized protein</i>	5,18E-09	60,80%	4
SCMCSD1061A04.g	<i>thylakoid membrane phosphoprotein</i>	1,87E-22	89,90%	6
SCMCSD2062E06.g	<i>cadmium tolerant 1</i>	4,88E-17	85,69%	0
SCMCST1049D08.g	<i>lon protease</i>	0	92,60%	10
SCMCST1049H08.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	6,77E-27	76,50%	0
SCMCST1050G05.g	<i>serine threonine-protein kinase</i>	1,34E-22	95,50%	5
SCMCST1051A03.g	<i>uro-adherence factor a</i>	2,95E-99	63,45%	0
SCMCST1054D05.g	<i>water dikinase</i>	2,02E-115	77,50%	7
SCMCST3167H08.g	<i>potassium efflux system protein family</i>	2,47E-13	93,56%	7
SCPILB2024F05.g	<i>multidrug resistance protein abc transporter family</i>	1,37E-103	89,05%	16
SCQGAD1066G05.g	<i>insulin degrading enzyme</i>	0	80,75%	4
SCQGAM2107B09.g	<i>adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>	9,33E-76	95,30%	7
SCQGAM2109F03.g	<i>jumonji domain protein</i>	7,95E-147	69,55%	9
SCQGFL4080C07.g	<i>callose synthase</i>	7,79E-112	87,80%	3
SCQGHR1010A02.g	<i>fyve finger-containing phosphoinositide</i>	1,76E-115	82,05%	7
SCQGHR1012G07.g	<i>pho2 ubc24</i>	1,13E-180	82,55%	7
SCQGHR1013D12.g	<i>protein</i>	2,04E-38	57,65%	3
SCQGLB1028E10.g	<i>lysosomal cystine transporter family expressed</i>	1,02E-137	83,20%	2
SCQGLB2042B09.g	<i>wall-associated kinase 4</i>	1,46E-81	93,60%	8
SCQGLB2044G06.g	<i>uncharacterized protein</i>	3,22E-29	95,60%	3
SCQGLR1019E10.g	<i>reverse transcriptase family member</i>	3,08E-46	70,44%	3
SCQGLR1041E11.g	<i>40s ribosomal protein s26</i>	1,46E-37	100,00%	3
SCQGLR1086B07.g	<i>selenium-binding protein</i>	0	91,90%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCQGLR1086E06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g003270 [Sorghum bicolor]</i>	4,76E-09	70,50%	0
SCQGLR1086G07.g	<i>40s ribosomal protein s29</i>	2,36E-15	88,00%	3
SCQGLR2010A04.g	<i>tubulin alpha-6 chain</i>	3,14E-68	97,80%	15
SCQGLR2017C11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g005170 [Sorghum bicolor]</i>	1,81E-12	57,00%	0
SCQGLR2025A07.g	<i>wrky transcription factor 21</i>	5,18E-142	79,00%	4
SCQGLR2025F01.g	<i>membrane protein</i>	0	89,55%	2
SCQGLR2032C10.g	<i>60s ribosomal protein l37a</i>	2,56E-60	98,95%	5
SCQGRT1042D12.g	<i>protein</i>	0	82,05%	1
SCQGRT3045E08.g	<i>wound-induced serine protease inhibitor</i>	4,58E-43	77,20%	4
SCQGSB1081C12.g	<i>protein</i>	4,50E-40	88,80%	10
SCQGSB1142E06.g	<i>cyclin-like f-box</i>	8,17E-133	88,05%	3
SCQGSB1143G12.g	<i>glutamate-gated kainate-type ion channel receptor subunit 5</i>	3,84E-84	75,15%	9
SCQGSD1048D10.g	<i>inositol transporter 2</i>	4,01E-49	80,70%	10
SCQGSD2047B06.g	<i>plastid-specific ribosomal protein 2 precursor</i>	1,85E-07	94,00%	2
SCQGSD2048C10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g012940 [Sorghum bicolor]</i>	2,50E-13	94,00%	1
SCQGST1034A08.g	<i>14-3-3-like protein</i>	2,09E-54	93,10%	4
SCQSAD1055E08.b	<i>magnesium chelatase h-like protein</i>	2,30E-68	97,70%	6
SCQSAD1055F01.g	<i>protein</i>	2,09E-91	85,20%	4
SCQSAM2099A11.g	<i>mitogen-activated protein kinase 16</i>	2,43E-131	98,85%	6
SCQSAM2099H05.g	<i>protein</i>	1,75E-82	93,25%	4
SCQSHR1023F08.g	<i>cytochrome p450</i>	7,88E-67	91,70%	5
SCQSLB1049D10.g	<i>uncharacterized protein</i>	7,60E-79	81,00%	1
SCQSLB1051E02.g	<i>auxin response factor 10</i>	1,86E-52	81,60%	5
SCQSLB1052B07.g	<i>acid phosphatase vanadium-dependent haloperoxidase-related protein</i>	3,21E-54	88,30%	3
SCQSLB2054C06.g	<i>cellulose synthase-like protein sle1</i>	1,07E-119	86,10%	5
SCQSLR1018D12.g	<i>hypothetical protein LOC100383968 [Zea mays]</i>	6,24E-10	71,50%	0
SCQSLR1040D11.g	<i>-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3</i>	9,10E-119	95,20%	4
SCQSLR1089G09.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	3,08E-09	56,00%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCQSRT1034H03.g	<i>-diacylglycerol 3-beta-galactosyltransferase</i>	8,75E-10	98,14%	15
SCQSRT1035F01.g	<i>cop1 like protein</i>	1,19E-174	64,00%	10
SCQSRT2033C08.g	<i>endonuclease-reverse transcriptase</i>	2,16E-147	70,20%	3
SCQSRZ3037D10.g	<i>nnja1_maize ame: full=ninja-family protein 1</i>	4,35E-66	77,67%	1
SCQSST1036A08.g	<i>regulatory-associated protein of</i>	0	78,10%	5
SCQSST1036H09.g	<i>protein</i>	6,64E-144	76,25%	2
SCQSST1039E07.g	<i>telomere repeat-binding protein 5</i>	3,63E-93	75,05%	2
SCQSST1039H04.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	9,17E-35	48,00%	8
SCQSST3116C05.g	<i>rna-binding protein cabeza</i>	8,63E-70	79,45%	2
SCQSST3116G10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g024620 [Sorghum bicolor]</i>	5,54E-60	76,50%	3
SCRFAM1028H01.g	<i>adp-glucose pyrophosphorylase small subunit</i>	1,11E-50	99,78%	7
SCRFAM2074C07.g	<i>polcalcin</i>	3,27E-30	82,65%	2
SCRFAM2128A12.g	<i>mads-box transcription factor 12</i>	3,15E-13	90,40%	4
SCRFFL1030B01.g	<i>rop guanine nucleotide exchange</i>	2,91E-102	79,35%	1
SCRFFL1030G01.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	1,78E-56	58,95%	6
SCRFFL4007B06.g	<i>one helix protein</i>	4,51E-20	83,55%	4
SCRFHR1007G01.g	<i>p-loop containing nucleoside triphosphate hydrolase-like protein</i>	0	73,55%	3
SCRFLB1053B01.g	<i>ankyrin repeat domain-containing protein 2</i>	3,91E-146	84,15%	0
SCRFLB2059G03.g	<i>atp binding</i>	1,79E-87	68,70%	1
SCRFLR1012A08.g	<i>aquaporin</i>	4,42E-82	94,10%	4
SCRFST1044F08.g	<i>ankyrin rep regulator of chromos. condensation domain-containing protein</i>	5,32E-171	76,50%	2
SCRFST1045D05.g	<i>protein</i>	1,78E-118	85,00%	1
SCRLAD1101D10.g	<i>aquaporin</i>	4,05E-60	85,10%	4
SCRLAD1136C12.g	<i>dof-type zinc finger protein</i>	0	67,40%	3
SCRLAD1138C04.g	<i>glutamyl-trna reductase</i>	2,43E-152	97,25%	6
SCRLAM1009A11.g	<i>39 kda ef-hand containing expressed</i>	1,60E-54	76,70%	1
SCRLAM1014B03.g	<i>mitogen-activated protein kinase expressed</i>	1,38E-161	92,60%	5
SCRFLR1012F12.g	<i>o-methyltransferase</i>	0	95,30%	4
SCRFLR1012G08.g	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>	3,41E-12	88,80%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCRFLR1012D08.g	<i>aldehyde dimeric nadp-preferring</i>	0	85,60%	3
SCRFLR1034H12.g	<i>50s ribosomal protein l6</i>	1,93E-124	88,00%	7
SCRFLR2038A05.g	<i>protein</i>	2,08E-138	69,40%	3
SCRFSB1023C10.b	<i>uncharacterized aarf domain-containing protein kinase</i>	9,39E-25	90,38%	5
SCRFSB2022H05.g	<i>major pollen allergen car b 1 isoforms 1a and 1b</i>	1,74E-73	71,05%	2
SCRFSB1043C02.g	<i>cmv 1a interacting protein 1</i>	3,46E-80	87,85%	3
SCRFLC6031B07.g	<i>acetyl- synthetase</i>	0	87,30%	5
SCRFLC6031H05.g	<i>cytosolic orthophosphate dikinase</i>	5,44E-33	96,10%	7
SCRFLC1004C12.g	<i>aminoacyl-t-rna synthetase</i>	2,81E-109	89,45%	7
SCRFLC1007F09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g007310 [Sorghum bicolor]</i>	7,28E-05	93,00%	3
SCRFLC1008D11.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	2,78E-112	79,40%	7
SCRFLC1010G05.g	<i>soluble starch synthase i</i>	1,05E-159	93,55%	5
SCRFLC3007A08.g	<i>nadh dehydrogenase subunit</i>	4,91E-59	86,32%	6
SCRFLC4004H09.g	<i>cytochrome p450 like_tbp</i>	8,03E-04	66,50%	3
SCRFLC4026C11.g	<i>tpa_inf: dof-type zinc finger protein 2</i>	2,84E-19	79,67%	3
SCRFLC4028D02.g	<i>na+ h+ antiporter</i>	0	95,65%	5
SCRFLC4029A04.g	<i>protein</i>	2,41E-154	78,20%	3
SCRFLC8051E05.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,31E-76	91,45%	1
SCRLLR1016C10.g	<i>lipoxygenase 2</i>	0	87,90%	5
SCRLLR1038C09.g	<i>mitochondrial import inner membrane translocase subunit tim14</i>	2,83E-44	92,15%	2
SCRLLR1059B02.g	<i>protein</i>	5,91E-103	69,60%	4
SCRLLR1059F03.g	<i>ubiquitin-conjugating enzyme e2 28</i>	7,54E-105	96,65%	4
SCRLLR1109E12.g	<i>nuclear transcription factor y subunit a-10</i>	7,28E-57	61,06%	3
SCRLLR1111H01.g	<i>protein</i>	7,05E-17	82,75%	4
SCRLLV1049C01.g	<i>protein</i>	1,11E-54	64,05%	4
SCRRLZ3039A08.g	<i>rna recognition motif-containing protein</i>	3,52E-100	80,60%	6
SCRRLZ3042B03.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	4,06E-17	90,60%	6
SCRUAD1061A09.b	<i>ac023240_27 chloroplast inner envelope protein</i>	4,21E-09	86,29%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCRUAD1064A02.g	<i>sucrose phosphate</i>	4,00E-57	86,85%	3
SCRUAD1064E11.b	<i>retrotransposon unclassified</i>	3,93E-58	83,40%	5
SCRUAD1134A10.g	<i>bacterial blight-resistance protein xa1</i>	2,61E-77	59,50%	3
SCRUFL1017A12.b	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>	3,66E-44	72,59%	3
SCRUFL1114C02.b	<i>beta-tubulin</i>	3,97E-12	94,30%	6
SCRUFL3066D01.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g006530 [Sorghum bicolor]</i>	1,01E-34	77,33%	0
SCRUFL3066G06.b	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_0070s002020 [Sorghum bicolor]</i>	9,42E-05	77,00%	0
SCRULB1057B11.g	<i>leucine-rich repeat protein kinase-like protein</i>	5,18E-68	75,80%	11
SCRULB1060G07.g	<i>protein</i>	1,09E-80	74,20%	2
SCRULB2063E12.g	<i>nb-arc domain containing expressed</i>	4,52E-52	59,75%	1
SCRULB2065C01.b	<i>act domain-containing protein</i>	2,16E-62	79,80%	13
SCRURT2006F10.g	<i>cytidine deaminase</i>	3,33E-117	96,55%	2
SCRURT2012D03.g	<i>protein</i>	2,79E-29	74,75%	5
SCRUSB1078B08.b	<i>integrin-linked protein kinase-like protein</i>	1,03E-42	73,20%	4
SCRUSB1078F07.g	<i>hypothetical protein LOC100277661 [Zea mays]</i>	2,55E-13	76,14%	0
SCSBAD1052D06.g	<i>abscisic stress ripening</i>	5,22E-23	84,50%	1
SCSBAD1053D07.g	<i>ORF137 [Pinus koraiensis]</i>	1,13E-34	70,75%	8
SCSBAD1054C07.g	<i>plant-specific domain tigr01615 family protein</i>	4,93E-68	82,90%	1
SCSBAM1087B07.g	<i>ankyrin regulator of chromosome condensation domain-containing protein</i>	6,95E-105	69,45%	2
SCSBAM1088A06.g	<i>vacuolar protein sorting</i>	0	81,15%	5
SCSBFL1044G04.g	<i>protein</i>	6,19E-31	98,40%	4
SCSBFL1101G02.b	<i>70 kda heat shock protein</i>	3,89E-34	81,15%	8
SCSBFL1104F01.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	2,11E-27	78,75%	1
SCSBFL4061H07.g	<i>atp binding protein</i>	0	91,95%	5
SCSBFL4069F03.g	<i>protein</i>	3,48E-98	85,20%	3
SCSBHR1050D04.g	<i>plastoquinol-plastocyanin reductase</i>	9,50E-06	87,67%	3
SCSBHR1051G06.g	<i>myosin 1</i>	0	87,50%	23
SCSBHR1056H09.g	<i>myb family transcription expressed</i>	5,81E-116	79,75%	3
SCSBSB1053C11.g	<i>cytosolic acetyl- carboxylase</i>	1,04E-129	94,25%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCSFAD1106A10.g	<i>short chain dehydrogenase reductase family expressed</i>	1,62E-28	86,45%	3
SCSFAD1111G01.g	<i>erd1 protein</i>	0	89,10%	6
SCSFAM1074G09.g	<i>auxin response factor expressed</i>	2,28E-153	72,90%	5
SCSFAM1077B12.g	<i>protein</i>	1,52E-119	63,55%	6
SCSFAM1077H03.g	<i>retrotransposon ty1-copia subclass</i>	7,38E-69	86,35%	6
SCSFCL6068D03.g	<i>sigma-70 region 3 family expressed</i>	1,00E-44	84,95%	6
SCSFFL3090D03.g	<i>histone</i>	6,50E-42	100,00%	4
SCSFFL3090G10.b	<i>unknown [Zea mays]</i>	4,73E-07	59,00%	5
SCSFFL4085F01.g	<i>beta-amyrin synthase</i>	2,24E-35	88,70%	2
SCSFFL8044G09.g	<i>arf transcription factor</i>	1,30E-67	58,50%	1
SCSFHR1045C03.g	<i>protein</i>	1,89E-45	72,90%	3
SCSFHR1045D05.g	<i>protein kinase chloroplast expressed</i>	3,88E-112	83,15%	5
SCSFRL2016B10.g	<i>carotenoid cleavage dioxygenase 8</i>	1,54E-68	69,05%	9
SCSFRT2070B09.g	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>	2,08E-37	84,90%	5
SCSFSB1069E12.g	<i>u-box domain containing expressed</i>	2,17E-26	56,45%	3
SCSFSB1106D06.g	<i>nadp-dependent oxidoreductase expressed</i>	7,67E-61	82,50%	4
SCSFSD2066G04.g	<i>protein kinase xa21</i>	3,61E-96	79,05%	7
SCSFSD2068C08.g	<i>unknown [Glycine max]</i>	4,26E-13	69,25%	0
SCSFST3077H01.g	<i>lhca2 protein</i>	1,54E-161	90,80%	9
SCSFST3081B11.g	<i>nad-malate dehydrogenase</i>	1,55E-80	80,90%	12
SCSGAD1006B06.g	<i>retinal degeneration b</i>	0	72,35%	10
SCSGAD1143H09.g	<i>glycerophosphodiester phosphodiesterase</i>	8,02E-47	85,30%	5
SCSGAM1095C10.g	<i>26s proteasome subunit 4</i>	3,85E-161	99,40%	18
SCSGAM2078E10.b	<i>cellulose synthase-like protein h1</i>	1,43E-15	70,20%	4
SCSGAM2079D02.g	<i>uncharacterized protein</i>	6,55E-68	68,30%	2
SCSGAM2079G03.g	<i>uncharacterized protein</i>	7,53E-30	86,25%	2
SCSGFL1078H06.g	<i>cyclic nucleotide-gated ion channel 4</i>	1,84E-111	94,50%	5
SCSGFL1080H04.g	<i>uncharacterized protein</i>	5,11E-150	86,80%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCSGFL1081C01.g	<i>shaker-like potassium channel</i>	4,40E-33	86,65%	8
SCSGFL1083H09.g	<i>leucine rich repeat family expressed</i>	5,49E-17	88,63%	0
SCSGFL4C07B01.g	<i>nadp-dependant malate dehydrogenase</i>	2,97E-155	98,40%	8
SCSGHR1066E06.g	<i>protein</i>	0	80,95%	2
SCSGHR1071G10.b	<i>adenylate kinase</i>	1,18E-10	84,89%	4
SCSGLR1025G06.g	<i>sensitive to freezing 6 protein</i>	0	85,40%	1
SCSGLR1045E09.g	<i>ctp synthase</i>	5,99E-102	97,50%	5
SCSGLR1084D09.g	<i>ubiquitin ligase protein</i>	0	88,30%	16
SCSGLV1005G04.b	<i>protein</i>	1,37E-43	67,50%	0
SCSGLV1009E12.b	<i>fad nad -binding oxidoreductase family protein</i>	3,30E-57	74,50%	4
SCSGRT2061C02.g	<i>reverse transcriptase</i>	2,99E-174	82,80%	3
SCSGRT2066D03.b	<i>cbl-interacting protein kinase 4</i>	9,64E-76	72,25%	6
SCSGRZ3060C10.g	<i>protein</i>	1,68E-27	79,33%	3
SCSGSB1006C01.g	<i>protein</i>	4,44E-117	75,85%	0
SCSGSB1008E01.g	<i>fructan exohydrolase</i>	0	88,60%	3
SCSGST3119C04.g	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	2,59E-23	89,10%	3
SCSGST3121C06.g	<i>o-fucosyltransferase family protein</i>	0	86,15%	1
SCUTAD1032C06.g	<i>protein phosphatase 2c 52</i>	1,59E-172	85,00%	2
SCUTAM2009B05.g	<i>nadp-dependent malic enzyme</i>	3,47E-83	91,50%	6
SCUTAM2115C06.g	<i>phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase 9</i>	2,28E-83	64,25%	7
SCUTFL1055A08.g	<i>ubiquitin ligase protein</i>	2,05E-85	62,60%	4
SCUTFL3076A03.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g023210 [Sorghum bicolor]</i>	1,33E-14	92,00%	4
SCUTLR1037D09.g	<i>60s ribosomal protein l24</i>	1,22E-58	97,30%	4
SCUTLR1037E04.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	0	93,15%	6
SCUTLR1058D06.g	<i>chl-cpn10</i>	5,56E-42	92,25%	3
SCUTLR1058H10.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,24E-14	78,50%	2
SCUTLR2008C10.g	<i>nifu-like n-terminal domain-containing protein</i>	9,99E-90	95,60%	5
SCUTLR2008G11.g	<i>erd4 protein</i>	6,93E-139	81,15%	4
SCUTLR2030G02.g	<i>membrane-anchored endo- -beta-glucanase</i>	0	92,15%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCUTLR2030G03.g	<i>immediate-early protein rsp40</i>	2,64E-09	89,60%	0
SCUTRZ2024B01.g	<i>2pgk 2-phosphoglycerate kinase</i>	0	84,20%	1
SCUTSB1075H05.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	1,90E-44	70,25%	3
SCUTSB1076D12.g	<i>protein</i>	6,06E-17	94,40%	2
SCUTSD2024A12.b	<i>hypothetical protein LOC100382981 [Zea mays]</i>	1,00E-06	59,00%	0
SCUTSD2027H09.g	<i>cellulose synthase-like protein sle1</i>	2,44E-62	78,45%	5
SCUTST3128D05.g	<i>potassium transporter</i>	2,17E-51	87,65%	4
SCVPAM2066A10.g	<i>nbs-1rr disease resistance protein homologue</i>	9,73E-62	70,15%	3
SCVPCL6039B12.g	<i>f-box domain containing protein</i>	0	88,30%	0
SCVPCL6041B08.g	<i>protein</i>	6,41E-26	67,70%	2
SCVPCL6042B12.g	<i>protein</i>	0	75,30%	4
SCVPCL6043B10.g	<i>aaa-type atpase family expressed</i>	0	74,60%	4
SCVPCL6061A06.g	<i>plastid adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>	9,57E-58	93,35%	4
SCVPCL6062C06.g	<i>protein</i>	6,17E-78	95,55%	2
SCVPFL1065E04.g	<i>trehalose-6-phosphate synthase</i>	1,10E-128	91,75%	7
SCVPFL1074B04.g	<i>digalactosyldiacylglycerol synthase expressed</i>	4,75E-134	94,70%	5
SCVPFL1133G06.b	<i>mate efflux family expressed</i>	3,87E-43	89,00%	6
SCVPHR1089G02.g	<i>anther ethylene-upregulated protein expressed</i>	7,49E-121	58,55%	4
SCVPHR1094B09.g	<i>chlorophyll a b-binding protein type ii</i>	5,59E-60	90,60%	8
SCVPLB1017C02.g	<i>inhibitor of apoptosis-like protein</i>	6,04E-16	65,20%	1
SCVPLB1018G11.g	<i>bzip transcription factor abi5</i>	6,17E-95	64,55%	5
SCVPLR1028C12.g	<i>60s ribosomal protein l7a</i>	1,15E-129	97,80%	6
SCVPLR1049C09.g	<i>protein</i>	0	97,70%	8
SCVPLR1049D12.g	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase 5</i>	3,61E-147	59,80%	0
SCVPLR1049E07.g	<i>protein</i>	6,15E-111	80,95%	3
SCVPLR2012D11.g	<i>sucrase-like protein</i>	1,67E-133	81,50%	1
SCVPLR2019A02.g	<i>histone h2a</i>	2,19E-16	98,60%	7
SCVPRT2075A12.g	<i>calcium-dependent protein kinase 30</i>	0	89,75%	7

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCVPRT3089E04.g	<i>soluble acid invertase</i>	3,09E-11	93,55%	2
SCVPRZ2036E01.g	<i>protein</i>	8,82E-20	87,05%	3
SCVPRZ2039D09.g	<i>serine threonine phosphatase</i>	0	82,55%	5
SCVPRZ2043E04.g	<i>squamosa promoter binding 1</i>	0	61,85%	2
SCVPRZ2043H04.g	<i>2pgk 2-phosphoglycerate kinase</i>	1,00E-58	72,10%	1
SCVPRZ3026B07.g	<i>membrane protein</i>	3,13E-52	89,85%	1
SCVPRZ3028A01.g	<i>soluble starch synthase i</i>	1,38E-121	90,75%	7
SCVPRZ3029A08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g027270 [Sorghum bicolor]</i>	8,37E-12	86,00%	3
SCVPRZ3029B10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g004040 [Sorghum bicolor]</i>	5,40E-24	75,80%	6
SCVPRZ3030F12.g	<i>gdp-l-galactose phosphorylase</i>	3,93E-151	54,30%	0
SCVPST1063C05.g	<i>protein binding</i>	1,46E-80	71,65%	2
IACSP97-7065				
SCACAM2041D01.g	<i>post-illumination chlorophyll fluorescence increase protein</i>	7,57E-35	82,65%	3
SCACLR1014D06.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,38E-93	72,62%	1
SCACLR1036G10.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	2,78E-120	72,15%	2
SCACLR1057H07.g	<i>magnesium chelatase subunit i precursor</i>	8,86E-86	96,95%	7
SCACLR1127F05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g042680 [Sorghum bicolor]</i>	9,57E-09	91,00%	2
SCACLR1132D10.g	<i>calcium sensing receptor</i>	2,72E-116	84,15%	4
SCACLR2022H05.g	<i>acyl carrier protein 3</i>	1,18E-78	84,75%	5
SCACSB1125C08.g	<i>k+ efflux antiporter 3</i>	1,35E-121	84,70%	8
SCACSD1014H04.g	<i>protein</i>	1,14E-103	78,30%	5
SCAGAM2018H09.g	<i>protein</i>	1,75E-125	87,40%	2
SCAGAM2122D10.g	<i>protein</i>	1,04E-48	87,95%	5
SCAGFL3024G12.g	<i>sulfate transporter</i>	4,27E-133	91,60%	4
SCAGFL8004A08.g	<i>ethylene-forming enzyme</i>	4,49E-29	74,27%	2
SCAGFL8006G08.g	<i>soluble starch synthase ii-2</i>	2,82E-51	89,95%	4
SCAGFL8009B07.g	<i>betaine proline transporter</i>	1,65E-13	87,00%	1
SCAGLB1069D08.g	<i>very-long-chain fatty acid condensing enzyme cut1</i>	2,37E-29	78,95%	5
SCAGLB1071C03.g	<i>sterol carrier protein 2-like</i>	6,22E-28	87,45%	8

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCAGLB2047F07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g011430 [Sorghum bicolor]</i>	7,08E-90	61,57%	1
SCAGLR1021E02.g	<i>protein</i>	1,91E-143	87,30%	2
SCAGLR2011C09.g	<i>transcription factor</i>	1,07E-99	73,40%	5
SCAGLR2011F01.g	<i>photosystem ii protein m</i>	1,97E-26	93,05%	6
SCAGLR2018E01.g	<i>hypothetical protein LOC100275307 [Zea mays]</i>	2,47E-23	72,30%	1
SCAGLR2026E10.g	<i>50s ribosomal protein l27</i>	5,60E-94	82,55%	4
SCAGLR2026G11.g	<i>c3h2c3 ring-finger protein</i>	7,74E-139	78,85%	2
SCAGRT2039A09.g	<i>sphingosine-1-phosphate lyase</i>	0	87,00%	6
SCAGSD2042D08.g	<i>constans-like protein co6</i>	5,50E-20	60,21%	5
SCBFFL5068B06.g	<i>rhomboid-related intramembrane serine protease-like protein</i>	1,97E-97	72,15%	2
SCBFLR1026E02.g	<i>14-3-3-like protein</i>	1,03E-171	96,05%	1
SCBFRZ2016G05.g	<i>stem-specific protein</i>	2,51E-58	90,90%	2
SCBFRZ2019C02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g028290 [Sorghum bicolor]</i>	1,09E-11	92,00%	0
SCBFRZ2048H03.g	<i>ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda</i>	4,05E-95	95,20%	3
SCBFSB1047C06.g	<i>guanosine-3 -bis 3 -</i>	1,49E-19	92,08%	4
SCBFSD2035B02.g	<i>zinc c3hc4 type family protein</i>	1,38E-37	80,90%	3
SCBFST3133G05.b	<i>protein</i>	2,72E-130	78,55%	4
SCBFST3133G05.g	<i>ndh-dependent cyclic electron flow 1</i>	6,23E-15	89,33%	5
SCBFST3135D12.g	<i>ribosomal protein s1</i>	0	86,55%	7
SCBGFL3096H09.g	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>	2,43E-82	86,65%	2
SCBGHR1058H11.g	<i>acid phosphatase vanadium-dependent haloperoxidase related</i>	1,89E-86	86,90%	4
SCBGLR1023F03.g	<i>histone h3</i>	2,92E-57	98,85%	4
SCBGLR1023H03.g	<i>erebp transcription factor</i>	1,69E-132	76,35%	4
SCBGLR1096E09.g	<i>protein</i>	2,90E-104	81,00%	2
SCBGLR1099C04.g	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	4,54E-179	88,50%	16
SCBGLR1115H04.g	<i>sedoheptulose- -bisphosphatase</i>	1,49E-43	86,25%	12
SCBGLR1116G07.g	<i>glycerol 3-phosphate permease</i>	1,64E-102	93,20%	3
SCBGLR1117G09.g	<i>serine threonine-protein kinase nak</i>	0	90,20%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCBGLR1118B02.g	<i>response regulator 7</i>	3,04E-51	73,85%	4
SCBGLR1119G10.g	<i>metal ion binding protein</i>	9,41E-43	60,10%	2
SCBGLR1120G02.g	<i>condensation domain-containing protein</i>	4,17E-22	80,85%	1
SCBGLR1120G04.g	<i>50s ribosomal protein l19</i>	4,80E-40	91,35%	7
SCBGRT3075D08.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g000350 [Sorghum bicolor]</i>	4,09E-12	70,25%	0
SCBGST3104F06.g	<i>carbonic anhydrase precursor</i>	1,82E-15	84,20%	3
SCBGST3105A06.g	<i>sedoheptulose- -bisphosphatase</i>	6,40E-42	96,20%	12
SCCCAM1073A10.g	<i>protein</i>	2,30E-148	82,25%	5
SCCCAM1C01F03.g	<i>flavonoid 7-o-methyltransferase</i>	1,19E-38	75,20%	1
SCCCAM2001F04.g	<i>auxin-repressed kda protein</i>	2,86E-05	75,75%	0
SCCCAM2C04C07.g	<i>uncharacterized protein</i>	9,52E-48	78,45%	2
SCCCAM2C06A10.g	<i>protein</i>	0	83,10%	5
SCCCCL2001E12.b	<i>protein</i>	1,10E-72	86,45%	2
SCCCCL3001F10.b	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase</i>	0	94,20%	7
SCCCCL3001G02.b	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	0	96,15%	5
SCCCCL3003B02.b	<i>tpa: class iii peroxidase 60 precursor</i>	0	70,55%	5
SCCCCL3080A11.b	<i>polyubiquitin</i>	2,99E-149	99,50%	8
SCCCCL3080A11.g	<i>polyubiquitin 10</i>	0	99,80%	9
SCCCCL3080B11.g	<i>50s ribosomal protein chloroplast</i>	2,02E-34	96,05%	5
SCCCCL3080D06.g	<i>thioredoxin-related protein</i>	9,43E-153	74,00%	3
SCCCCL3120D06.g	<i>galactose kinase</i>	0	89,30%	7
SCCCCL3120G07.g	<i>heat shock protein 70</i>	2,73E-12	96,75%	5
SCCCCL4007D12.g	<i>nac transcription factor</i>	0	83,80%	2
SCCCCL4010D09.g	<i>uncharacterized protein</i>	9,71E-162	76,90%	3
SCCCCL4011A06.g	<i>aldehyde oxidase</i>	0	91,15%	6
SCCCCL4011F03.g	<i>24-sterol c-methyltransferase</i>	0	93,65%	3
SCCCCL4011H03.g	<i>ribulose-phosphate 3-epimerase</i>	6,03E-166	94,90%	11
SCCCCL4017A06.g	<i>bgl31=beta-glucosidase 31 short=os9bglu31 flags: precursor</i>	0	81,35%	4
SCCCCL5004A02.g	<i>amelogenin precursor like protein</i>	6,08E-144	62,75%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR1075B06.g	<i>chloroplast photosystem ii 10 kda protein</i>	4,13E-70	82,10%	3
SCCCCL5004D10.g	<i>cytochrome p450</i>	1,26E-96	90,95%	8
SCCCFL5055E12.g	<i>disease resistance</i>	8,89E-137	76,20%	0
SCCCLB1001A10.g	<i>auxin-repressed kda protein</i>	2,04E-21	83,42%	0
SCCCLB1023A12.g	<i>proline iminopeptidase</i>	5,24E-169	87,15%	5
SCCCLR1001B11.g	<i>pyridoxine biosynthesis protein</i>	0	94,10%	14
SCCCLR1001D02.g	<i>amino acid transporter-like</i>	2,00E-50	71,14%	1
SCCCLR1022D02.g	<i>vacuolar atpase subunit h protein</i>	0	91,20%	8
SCCCLR1024B04.g	<i>vesicle-associated membrane protein 727</i>	3,06E-87	87,95%	7
SCCCLR1065B09.g	<i>atp-dependent clp protease proteolytic subunit 3</i>	0	83,20%	5
SCCCLR1066F05.g	<i>protein</i>	3,63E-102	81,55%	6
SCCCLR1066F06.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 2</i>	0	94,15%	8
SCCCLR1066H08.g	<i>thioredoxin h-type</i>	1,43E-58	81,60%	1
SCCCLR1068A07.g	<i>tonoplast dicarboxylate transporter</i>	1,01E-79	85,25%	13
SCCCLR1069D05.g	<i>actin</i>	0	99,05%	15
SCCCLR1072C02.g	<i>universal stress protein family protein</i>	1,36E-65	85,95%	2
SCCCLR1075G12.g	<i>serine threonine protein kinase stpk-v</i>	1,92E-99	80,30%	7
SCCCLR1076B01.g	<i>mitogen-activated protein kinase</i>	1,46E-113	66,65%	5
SCCCLR1078A10.g	<i>protein</i>	2,03E-121	75,70%	4
SCCCLR1079D10.g	<i>monodehydroascorbate reductase</i>	0	91,75%	4
SCCCLR1079G09.g	<i>protein translation factor sui1</i>	8,94E-45	94,85%	3
SCCCLR1C02B02.g	<i>aconitate hydratase</i>	2,65E-141	87,85%	5
SCCCLR1C05B07.g	<i>cipk-like protein expressed</i>	0	91,30%	7
SCCCLR1C05G02.g	<i>3-ketoacyl- thiolase</i>	0	90,60%	10
SCCCLR1C07A05.g	<i>choline ethanolamine kinase</i>	0	89,10%	2
SCCCLR1C07C04.g	<i>sphingolipid delta-8 desaturase</i>	4,38E-161	87,35%	4
SCCCLR2001C02.g	<i>regulator of chromosome condensation family protein</i>	7,20E-164	86,90%	3
SCCCLR2001F01.g	<i>splicing arginine serine-rich 4</i>	7,61E-75	81,70%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCRZ1003A12.g	<i>ferritin 1a</i>	3,12E-85	95,60%	6
SCCCLR2002A02.g	<i>microtubule-associated protein 6</i>	0	82,00%	7
SCCCLR2C01B03.g	<i>actin-depolymerizing factor 6</i>	3,66E-97	89,95%	2
SCCCLR2C02D02.g	<i>macrophage migration inhibitory factor</i>	5,72E-74	95,40%	5
SCCCLR2C02E05.g	<i>hypothetical protein LOC100278028 [Zea mays]</i>	5,45E-56	76,55%	1
SCCCLR2C02G11.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	62,05%	3
SCCCLR2C03E02.g	<i>protein</i>	2,12E-30	74,95%	5
SCCCLR2C03E03.g	<i>integral membrane protein duf6 containing protein</i>	0	81,85%	3
SCCCRT1004E02.g	<i>btb poz domain-containing protein</i>	4,30E-93	73,95%	2
SCCCRT3003H11.g	<i>lanthionine synthetase c-like expressed</i>	1,10E-77	91,10%	4
SCCCRZ1001A08.g	<i>protein translation factor sui1</i>	9,32E-63	96,10%	3
SCCCRZ1002B07.g	<i>serine threonine kinase protein</i>	9,14E-114	71,90%	7
SCCCRZ1002B09.g	<i>myogen like protein</i>	0	93,05%	8
SCCCRZ1002C06.g	<i>uridylate kinase</i>	5,04E-132	94,80%	9
SCCCRZ1002G01.g	<i>heat shock protein 70</i>	3,63E-111	99,00%	5
SCCCRZ1003A11.g	<i>glutamine synthetase</i>	7,29E-139	96,00%	5
SCCCRZ1004G05.g	<i>isco large subunit-binding protein subunit beta</i>	0	94,80%	16
SCCCRZ2002G02.g	<i>ornithine aminotransferase</i>	0	90,50%	8
SCCCRZ2004G04.g	<i>hypothetical protein LOC100278028 [Zea mays]</i>	1,40E-32	76,05%	1
SCCCRZ2C01A04.g	<i>cinnamoyl- reductase</i>	0	92,95%	4
SCCCRZ2C01G01.g	<i>aluminum-induced protein</i>	1,64E-152	87,75%	2
SCCCRZ2C01H04.g	<i>ferritin 1a</i>	1,44E-87	96,10%	6
SCCCRZ2C03C06.g	<i>early response to dehydration 15-like protein</i>	7,47E-68	56,45%	0
SCCCRZ2C04B10.g	<i>protein</i>	4,64E-39	72,11%	1
SCCCRZ2C04H07.g	<i>histone h1</i>	2,79E-35	88,40%	5
SCCCRZ3001D04.g	<i>triose phosphate phosphate translocator</i>	1,73E-81	96,15%	4
SCCCRZ3003E03.g	<i>hypothetical protein LOC100272634 [Zea mays]</i>	3,12E-50	58,11%	2
SCCCSD1089G04.g	<i>ferredoxin-1</i>	2,85E-47	89,90%	7
SCCCSD1092G10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g023160 [Sorghum bicolor]</i>	1,22E-79	58,55%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEPRZ3129G09.g	<i>eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-1</i>	5,10E-93	95,90%	3
SCCCST1001B11.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 1</i>	2,61E-42	97,90%	8
SCCCST1001E02.g	<i>digalactosyldiacylglycerol synthase 1</i>	0	91,70%	5
SCCCST1005A12.g	<i>myristoyl-acyl carrier protein thioesterase</i>	0	85,05%	1
SCCCST1006A11.g	<i>glycine dehydrogenase</i>	0	94,70%	11
SCEPAM1108G04.g	<i>ndh-dependent cyclic electron flow 1</i>	3,87E-16	92,17%	4
SCEPCL6020C02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g038395 [Sorghum bicolor]</i>	1,35E-05	97,00%	6
SCEPCL6023H02.g	<i>aconitate hydratase</i>	5,05E-74	81,70%	9
SCEPLR1030D04.g	<i>protein</i>	1,90E-74	78,95%	1
SCEPLR1051C09.g	<i>cysteine proteinase inhibitor</i>	3,17E-52	83,27%	1
SCEPRT2046F04.g	<i>cinnamoyl- reductase</i>	1,42E-121	81,25%	5
SCEPRT2047A07.g	<i>auxin-responsive protein iaa18 i(ndoleacetic acid-induced protein 18)</i>	1,32E-89	61,67%	5
SCEPRT2048G05.g	<i>transcription factor</i>	1,54E-117	75,05%	2
SCEPRZ1011A11.g	<i>protein phosphatase 2c containing expressed</i>	0	79,60%	2
SCEPRZ1011G09.g	<i>sugar transporter</i>	6,12E-93	87,60%	6
SCEPSB1128F10.g	<i>transcription regulator zinc ion binding protein</i>	7,25E-84	76,62%	4
SCEPSB1135A04.g	<i>cinnamoyl- reductase</i>	5,40E-86	74,25%	3
SCEQAM1042H09.g	<i>pfkfb-like carbohydrate kinase family protein</i>	1,83E-126	81,00%	5
SCEQLB1063H05.g	<i>protein</i>	6,85E-108	78,25%	2
SCEQLR1050C03.g	<i>actin-depolymerizing factor 6</i>	3,96E-97	90,75%	2
SCEQLR1050H09.g	<i>drepp4 protein</i>	2,06E-63	75,45%	1
SCEQLR1092B07.g	<i>protein translation factor sui1</i>	1,08E-59	94,60%	3
SCEQLR1093H01.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g003250 [Sorghum bicolor]</i>	1,01E-56	72,80%	0
SCEQLR1094C07.g	<i>protein</i>	8,01E-136	90,85%	5
SCEQRT1024D06.g	<i>cell division protein aaa atpase family</i>	0	85,45%	5
SCEQRT1031B10.g	<i>phosphate phosphoenolpyruvate translocator precursor</i>	1,52E-73	85,35%	4
SCEQRT2026D03.g	<i>tropinone reductase 2</i>	6,86E-20	78,75%	3
SCEQRT2030E03.g	<i>hypothetical protein LOC100279846 [Zea mays]</i>	1,24E-11	62,00%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEZRZ3088E05.g	<i>zinc-binding dehydrogenase family expressed</i>	3,55E-150	81,05%	3
SCEQRT2090A10.g	<i>rna recognition motif family expressed</i>	1,23E-58	89,20%	4
SCEQRT2090B01.g	<i>af466646_7 polyprotein</i>	3,37E-43	60,85%	4
SCEQRT2092D05.g	<i>pyruvate decarboxylase</i>	0	93,30%	4
SCEQRT2092H02.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,27E-113	80,65%	3
SCEQRT2096D09.g	<i>type-a response regulator</i>	1,65E-89	87,45%	5
SCEQRT2099E04.g	<i>glucosyl transferase</i>	1,61E-44	75,26%	2
SCEQRT2101D09.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	1,40E-43	77,00%	0
SCEZLB1006F11.g	<i>phosphoglycerate kinase</i>	0	94,75%	14
SCEZLB1008A12.g	<i>male sterility ms5 family protein</i>	2,50E-170	84,85%	1
SCEZLR1052B11.g	<i>alpha beta fold family protein</i>	0	80,55%	3
SCEZLR1052E03.g	<i>thioredoxin f-type</i>	1,03E-06	87,13%	4
SCEZRT2019B08.g	<i>phosphoinositide phosphatase family protein</i>	3,63E-138	88,80%	1
SCEZRZ1013H09.g	<i>cytidyltransferase family expressed</i>	2,09E-137	82,10%	3
SCEZRZ3015E11.g	<i>class i chitinase</i>	3,46E-170	81,90%	5
SCEZSD2079D01.g	<i>hydrolase-like protein</i>	6,97E-38	88,10%	2
SCJFAD1013A04.g	<i>sulfate transporter</i>	3,97E-119	87,00%	4
SCJFAM1067G04.b	<i>u5 small nuclear ribonucleoprotein helicase</i>	8,42E-12	86,25%	5
SCJFFL3C07G04.g	<i>uridylate kinase</i>	1,05E-83	85,90%	6
SCJFHR1C01A10.g	<i>protein</i>	1,30E-66	95,05%	6
SCJFHR1C01B11.g	<i>30s ribosomal protein s5</i>	1,75E-30	83,70%	10
SCJFHR1C03C09.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,44E-34	90,75%	2
SCJFHR1C08B01.b	<i>peptidyl-trna hydrolase</i>	1,24E-11	66,29%	3
SCJFLR1035G06.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,19E-171	84,45%	2
SCJFLR1073B02.g	<i>protein cdc2 kinase</i>	0	90,05%	11
SCJFLR1073E07.g	<i>photosystem ii 10 kda polypeptide</i>	2,27E-66	85,60%	3
SCJFLR1074C10.g	<i>catalytic hydrolase</i>	6,35E-163	81,45%	3
SCJFLR2036D10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g017980 [Sorghum bicolor]</i>	5,36E-20	87,50%	0
SCJFRT1005A02.g	<i>integral membrane family protein</i>	6,97E-34	74,00%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJFSB1010E03.g	<i>protein</i>	1,27E-100	66,90%	3
SCJFRT1010C10.g	<i>atp synthase gamma chain</i>	0	90,25%	8
SCJFRT1059E09.g	<i>uracil phosphoribosyltransferase</i>	5,20E-178	86,65%	7
SCJFRT2053D08.g	<i>integral membrane family protein</i>	2,53E-79	71,95%	1
SCJFRZ2005B01.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	5,12E-04	53,00%	0
SCJFRZ2006H12.g	<i>sec-independent periplasmic protein translocase</i>	7,98E-79	95,35%	8
SCJFRZ2007A03.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>	9,70E-51	81,70%	4
SCJFRZ2007D12.g	<i>5 -adenylylsulfate reductase 2</i>	5,05E-51	92,00%	9
SCJFRZ2010H05.g	<i>hypothetical protein LOC100275307 [Zea mays]</i>	2,52E-23	71,70%	1
SCJFRZ2014D05.g	<i>nodulin 21 family expressed</i>	0	80,40%	1
SCJFRZ2014D06.g	<i>nac domain ipr003441</i>	1,65E-57	75,75%	2
SCJFRZ2026G07.g	<i>uncharacterized protein</i>	6,12E-165	74,60%	2
SCJFRZ3C01D11.g	<i>histidine-containing phosphotransfer protein</i>	3,10E-48	89,00%	3
SCJFRZ3C08E05.g	<i>protein</i>	1,36E-54	85,55%	2
SCJFSB1014F03.b	<i>chlorophyll a-b binding protein cp24</i>	7,81E-61	96,35%	6
SCJFST1009C02.g	<i>glutaredoxin s17</i>	1,06E-94	90,85%	3
SCJFST1010H07.g	<i>rna polymerase sigma factor</i>	9,17E-135	72,50%	9
SCJFST1012A02.g	<i>two-pore calcium channel</i>	0	84,35%	12
SCJFST1047F03.g	<i>protein</i>	2,28E-53	73,35%	0
SCJLAM1064D11.g	<i>nadp-dependent malic enzyme</i>	1,09E-127	86,75%	7
SCJLHR1028E06.g	<i>benzoate carboxyl methyltransferase</i>	0	77,35%	1
SCJLLR1011C06.g	<i>fad binding domain containing expressed</i>	0	81,65%	2
SCJLLR1103F02.g	<i>protein phosphatase 2c 34</i>	5,13E-56	70,65%	2
SCJLLR1106B06.g	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>	0	76,50%	3
SCJLLR1107A08.g	<i>cer1 protein</i>	0	83,50%	9
SCJLRT1006A01.g	<i>wd-40 repeat family protein</i>	1,53E-153	88,50%	2
SCJLRT1014H06.g	<i>integral membrane single c2 domain protein</i>	0	75,45%	2
SCJLRT1017C01.g	<i>protein</i>	0	77,85%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCMCRT2107G06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g029890 [Sorghum bicolor]</i>	6,81E-05	68,00%	7
SCJLRT1017C02.g	<i>btb poz domain containing protein</i>	2,69E-26	88,20%	1
SCJLRT1021B04.g	<i>nudix hydrolase 4</i>	6,06E-29	80,25%	2
SCJLRT1022B08.g	<i>gun4-like family expressed</i>	1,26E-11	76,20%	1
SCJLRT2049D05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g002090 [Sorghum bicolor]</i>	2,61E-06	96,00%	0
SCJLRT2052B09.g	<i>aba-induced protein</i>	3,35E-90	82,45%	1
SCJLRZ1026F03.g	<i>protein</i>	1,22E-45	88,25%	5
SCJLRZ3075D01.g	<i>plant synaptotagmin</i>	9,89E-159	83,75%	1
SCJLST1025D02.g	<i>phosphoglycerate kinase</i>	1,56E-58	94,20%	6
SCJLST1027H09.g	<i>rr1 - corn type-a response regulator</i>	9,14E-07	90,80%	3
SCMCAM2080D01.b	<i>chalcone--flavonone isomerase</i>	5,68E-89	81,60%	2
SCMCAM2084B09.g	<i>flavonoid 3 -hydroxylase</i>	2,04E-142	91,20%	4
SCMCLR1123E05.g	<i>indeterminate-related protein 1</i>	1,23E-21	77,20%	2
SCMCRT2086F08.g	<i>ribonuclease 2 precursor</i>	0	77,00%	3
SCMCRZ3067A10.g	<i>Os01g0699100 [Oryza sativa Japonica Group]</i>	5,48E-19	61,25%	5
SCMCRZ3067D09.b	<i>protein</i>	7,12E-48	74,25%	3
SCMCSB1110F03.g	<i>major facilitator superfamily expressed</i>	2,28E-30	79,15%	1
SCMCSD2060C05.g	<i>sorbitol transporter</i>	1,76E-77	85,35%	3
SCMCST1051D07.g	<i>phosphoethanolamine cytidyltransferase</i>	8,09E-180	82,60%	3
SCQGAM2108C06.g	<i>2-oxoisovalerate dehydrogenase e2(dihydrolipoyl transacylase)</i>	6,69E-116	88,75%	9
SCQGAM2111G08.g	<i>domain protein</i>	4,99E-28	95,75%	6
SCQGFL4080D02.g	<i>uncharacterized protein</i>	5,51E-25	87,35%	1
SCQGLR1062B11.g	<i>sulfate transporter</i>	2,29E-92	81,45%	4
SCQGLR2025A05.g	<i>adenylate kinase</i>	2,89E-98	83,80%	4
SCQGLR2025G12.g	<i>nitrate-induced noi protein</i>	4,45E-52	83,35%	0
SCQGLV1016A04.g	<i>bifunctional nuclease</i>	7,12E-74	69,85%	4
SCQGRT1040E09.g	<i>tropinone reductase 2</i>	5,20E-07	88,44%	3
SCQGRT1044C02.g	<i>AF124045_1unknown [Sorghum bicolor]</i>	1,44E-15	86,50%	0
SCQGSB1083A03.g	<i>serine threonine protein kinase sapk4</i>	1,95E-40	97,65%	5

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCQGSB1137C06.g	<i>brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 expressed</i>	2,06E-60	71,40%	7
SCQGSB1137D07.g	<i>protein</i>	1,17E-56	93,45%	2
SCQGSD1044F02.g	<i>hypothetical protein LOC100278663 [Zea mays]</i>	2,53E-96	93,85%	0
SCQGSD1045G04.g	<i>lysine histidine transporter</i>	6,79E-34	91,95%	2
SCQGSD2048D08.g	<i>pyruvate dehydrogenase kinase</i>	2,45E-70	87,80%	7
SCQGST3156H10.g	<i>grx_a2 - glutaredoxin subgroup iii</i>	2,04E-35	75,75%	3
SCQSFL3035H09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g022600 [Sorghum bicolor]</i>	2,63E-07	91,86%	4
SCQSHR1023D08.g	<i>myb-like transcription factor-like protein</i>	4,38E-70	82,80%	3
SCQSHR1024F03.g	<i>uracil phosphoribosyltransferase</i>	7,23E-81	94,35%	7
SCQSLB1052A10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g024070 [Sorghum bicolor]</i>	5,68E-18	60,67%	2
SCQSRT1034H05.g	<i>delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>	3,63E-83	95,25%	6
SCQSRT2031A01.g	<i>retrotransposon unclassified</i>	3,88E-55	75,90%	0
SCQSRT2031F03.g	<i>monodehydroascorbate reductase</i>	8,04E-119	90,70%	12
SCQSRT2033A08.g	<i>wrky-type transcription factor 45-1</i>	7,99E-05	85,00%	0
SCQSRT2034G08.g	<i>alpha-galactosidase preproprotein</i>	0	86,90%	3
SCQSRT2036A12.g	<i>monodehydroascorbate reductase</i>	0	92,65%	4
SCQSRZ3037D06.g	<i>ferredoxin-nadp oxidoreductase</i>	2,56E-145	95,60%	9
SCQSSB1058B12.g	<i>myb-cc type transfactor</i>	1,04E-100	71,70%	5
SCQSST3115D10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g007280 [Sorghum bicolor]</i>	1,45E-08	66,00%	0
SCRFAD1120G12.g	<i>indole-3-acetic acid inducible 17</i>	2,16E-59	50,35%	6
SCRFAM2073D03.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,52E-40	80,60%	3
SCRFFL5043A12.g	<i>protein</i>	9,74E-35	87,80%	1
SCRFLB1054D09.g	<i>s6 ribosomal protein kinase</i>	3,57E-81	85,30%	5
SCRFLB1056E01.g	<i>eukaryotic translation initiation factor 3</i>	2,89E-100	68,00%	2
SCRFLR1012D12.g	<i>nitrilase 1</i>	0	91,95%	3
SCRFLR1012H03.g	<i>ferritin 1a</i>	2,97E-109	94,00%	6
SCRFLR1034A10.g	<i>potassium transporter</i>	0	85,05%	3
SCRFLR1034C02.g	<i>nadh-plastoquinone oxidoreductase subunit 3</i>	2,35E-30	96,00%	7

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCRLRZ3039E01.g	<i>asf sf2-like pre-mrna splicing factor srp31</i>	1,99E-79	91,65%	3
SCRFLR1055F04.g	<i>cycloartenol synthase</i>	0	92,45%	2
SCRFLR2021G01.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g034740 [Sorghum bicolor]</i>	1,03E-06	89,00%	2
SCRFLR2034E11.g	<i>bromodomain containing protein</i>	1,76E-29	64,15%	0
SCRFRZ3059H03.g	<i>hypothetical protein OsI_17461 [Oryza sativa Indica Group]</i>	5,69E-09	78,75%	5
SCRFRZ3055B03.g	<i>circumsporozoite protein precursor</i>	1,12E-09	95,00%	2
SCRFS3145G08.g	<i>aluminum-induced protein</i>	1,29E-40	91,10%	2
SCRLAD1040H12.g	<i>zinc finger protein</i>	3,58E-22	85,00%	2
SCRLAM1007H07.g	<i>protein</i>	1,10E-103	81,55%	6
SCRLFL1005G12.g	<i>hydroxymethylglutaryl- synthase</i>	0	90,05%	3
SCRLFL4102G02.g	<i>hypothetical protein LOC100382231 [Zea mays]</i>	6,93E-36	65,67%	0
SCRLLR1059C02.g	<i>dioxygenase-like protein</i>	0	86,70%	1
SCRLLR1131G03.g	<i>photosystem i light harvesting complex protein 5</i>	7,73E-66	82,45%	5
SCRLRZ3112B01.g	<i>serine esterase family protein</i>	0	81,80%	2
SCRLSB1040B12.g	<i>serine threonine protein kinase sapk4</i>	1,66E-46	94,45%	5
SCRUSD2011E04.g	<i>malate dehydrogenase</i>	3,96E-73	95,10%	7
SCRUFL3065A06.g	<i>protein</i>	1,42E-131	85,40%	5
SCRUFL3065E09.g	<i>peptidylprolyl isomerase</i>	1,13E-82	87,40%	4
SCRUFL4020G01.g	<i>l-galactose-1-phosphate phosphatase</i>	3,15E-43	88,00%	2
SCRULB1060G01.g	<i>protein</i>	1,56E-175	88,20%	1
SCRULR1063G07.g	<i>calmodulin-binding protein</i>	0	74,40%	0
SCRURT2005A12.g	<i>cellular retinaldehyde-binding triple c-terminal</i>	1,57E-62	86,45%	3
SCRURT2010D04.g	<i>protein</i>	0	90,05%	5
SCRURT2012B06.g	<i>lysine-ketoglutarate reductase saccharopine dehydrogenase</i>	0	81,60%	5
SCRURT2013B06.g	<i>30s ribosomal protein s13</i>	3,56E-87	88,35%	5
SCRURZ3081G06.b	<i>rer1a protein</i>	1,90E-05	96,21%	5
SCRURZ3082G03.g	<i>auxin-repressed kda protein</i>	7,62E-23	79,44%	0
SCSBAD1083D11.g	<i>s-adenosylmethionine-dependent methyltransferase</i>	2,43E-106	76,05%	4
SCSBAD1083H01.g	<i>zinc c3hc4 type family protein</i>	1,72E-92	69,73%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCSFSD1066A01.g	<i>ec metallothionein(class ii)</i>	1,07E-08	61,50%	2
SCSBFL1038G09.g	<i>short-chain dehydrogenase reductase sdr</i>	7,98E-75	79,55%	5
SCSBFL4013F04.g	<i>yellow stripe-like transporter 14a</i>	0	91,95%	2
SCSBLB2040G11.g	<i>dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase</i>	3,91E-18	70,76%	6
SCSBSB1051H05.g	<i>nicotianamine aminotransferase</i>	0	84,25%	8
SCSBSD1057H03.g	<i>cytochrome p450</i>	1,48E-79	84,10%	5
SCSBSD2029D04.g	<i>protein</i>	1,59E-60	81,75%	1
SCSBSD2029H02.g	<i>ferredoxin</i>	1,95E-11	94,32%	7
SCSBST3096E08.g	<i>chlorophyll a-b binding protein of lhci type iii</i>	1,82E-23	93,50%	8
SCSFAD1070A03.g	<i>cytokinin-o-glucosyltransferase 2</i>	2,27E-153	84,25%	2
SCSFFL3091C01.b	<i>methionine s-methyltransferase</i>	2,13E-44	66,80%	4
SCSFRT2068F11.g	<i>filamentation temperature-sensitive h 2b</i>	8,92E-102	86,75%	15
SCSGAD1009D03.g	<i>serine threonine kinase protein</i>	1,89E-120	78,80%	6
SCSGFL4C01G10.g	<i>non-imprinted in prader-willi angelman syndrome region</i>	8,23E-74	87,55%	2
SCSGFL4C06G01.g	<i>at5g37260-like protein</i>	6,83E-54	68,50%	2
SCSGHR1066C01.g	<i>sorbitol transporter</i>	8,50E-34	86,95%	5
SCSGLR1025C12.g	<i>calcium binding protein</i>	5,35E-77	63,05%	0
SCSGRT2065E10.g	<i>nuclease i</i>	4,00E-117	84,40%	4
SCSGSB1006H03.g	<i>lipin-like protein</i>	1,28E-179	74,80%	3
SCSGSB1009B08.b	<i>starch synthase iia</i>	5,85E-36	94,85%	4
SCSGST1070A12.g	<i>lethal leaf-spot 1</i>	0	87,30%	17
SCSGST3117C11.g	<i>protein</i>	4,65E-130	83,20%	2
SCSGST3117F02.b	<i>protein</i>	6,00E-15	78,25%	2
SCUTAD1033G05.g	<i>helix-loop-helix dna-binding domain containing expressed</i>	2,26E-95	59,95%	4
SCUTAD1034F10.g	<i>proline transporter 2</i>	4,19E-36	69,94%	1
SCUTAM2007G01.g	<i>50s ribosomal protein l34</i>	3,04E-55	81,00%	6
SCUTLR1015G06.g	<i>ethanolamine-phosphate cytidyltransferase</i>	5,00E-11	90,00%	4
SCUTLR1037G12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g043430 [Sorghum bicolor]</i>	6,34E-37	66,14%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCVPLB2087D06.g	<i>udp-glucose -dehydratase</i>	9,11E-48	70,30%	11
SCUTLR2023D11.g	<i>aldehyde dehydrogenase family 7 member a1</i>	0	93,35%	7
SCUTLR2030B11.g	<i>hsf-type dna-binding domain containing expressed</i>	6,49E-110	74,75%	5
SCUTRZ2022B12.g	<i>fatty acid desaturase</i>	1,06E-31	68,36%	5
SCUTRZ2024D11.g	<i>s-adenosyl-methyltransferase</i>	5,60E-54	69,05%	3
SCUTRZ3071B08.g	<i>protein</i>	5,04E-44	85,45%	1
SCUTSD1084H10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g035830 [Sorghum bicolor]</i>	1,01E-24	72,60%	1
SCVPCL6046A02.g	<i>protein</i>	1,01E-129	90,40%	7
SCVPFL1067B11.g	<i>protein</i>	5,16E-54	64,65%	6
SCVPFL1132C05.g	<i>atpase-like protein</i>	7,26E-142	76,80%	6
SCVPFL3046D02.b	<i>rossmann-fold nad -binding domain-containing protein</i>	2,25E-97	78,70%	7
SCVPFL3047F02.b	<i>acid phosphatase</i>	4,77E-52	90,05%	8
SCVPLB2087H03.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g001710 [Sorghum bicolor]</i>	4,04E-110	58,00%	1
SCVPLR1028E11.g	<i>f-box family expressed</i>	0	82,50%	0
SCVPLR2005F03.g	<i>photosystem i subunit b</i>	1,59E-26	99,95%	10
SCVPRT2073F05.g	<i>protein</i>	0	88,30%	8
SCVPRT2078H03.g	<i>chalcone synthase</i>	2,00E-29	98,10%	3
SCVPRT2080A07.g	<i>sulfate bicarbonate oxalate exchanger and transporter sat-1</i>	5,61E-100	78,60%	4
SCVPRT2084A03.g	<i>hypothetical protein LOC100272853 [Zea mays]</i>	1,01E-05	55,00%	0
SCVPRT3088H11.g	<i>two-component response regulator protein</i>	7,35E-06	41,71%	9
SCVPRZ2038A03.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	73,65%	2
SCVPRZ3029D10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g007730 [Sorghum bicolor]</i>	1,34E-21	77,50%	0
IACSP94-2094 & IACSP97-7065				
SCACAD1037B06.g	<i>aconitate hydratase</i>	0	88,95%	6
SCACAM2044B11.g	<i>phytoene synthase</i>	8,99E-98	84,45%	3
SCACCL6006A12.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	77,90%	1
SCACCL6008H06.g	<i>hydrophobic protein lti6a</i>	2,47E-13	81,00%	1
SCACCL6011G12.g	<i>early light-induced protein</i>	2,74E-65	64,67%	0
SCACHR1037A09.g	<i>dna binding protein</i>	6,48E-71	69,13%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCAGAD1075D12.g	<i>lysine ketoglutarate reductase trans-splicing related 1-like</i>	4,22E-32	77,57%	0
SCACLB1048E11.g	<i>serine esterase family protein</i>	4,12E-72	68,65%	1
SCACLR1057G07.g	<i>small nuclear ribonucleoprotein sm d1</i>	2,61E-48	98,70%	4
SCACLR1126B12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g022720 [Sorghum bicolor]</i>	1,81E-08	93,67%	0
SCACLR1126E11.g	<i>mannose-binding lectin-like protein</i>	9,66E-79	74,05%	1
SCACLR1127G07.g	<i>gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase precursor</i>	3,85E-82	78,45%	1
SCACLR1128F10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g024240 [Sorghum bicolor]</i>	1,11E-26	73,33%	0
SCACLR2007B12.g	<i>protein</i>	2,52E-143	87,25%	6
SCACLR2007G12.g	<i>cellular retinaldehyde-binding triple c-terminal</i>	2,10E-81	85,75%	3
SCACLR2014F01.g	<i>farnesylated protein 2</i>	5,39E-47	84,85%	2
SCACLR2029A03.g	<i>ctp synthase</i>	2,25E-92	63,20%	2
SCAGAM2122A09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g029200 [Sorghum bicolor]</i>	2,95E-45	74,00%	3
SCAGCL6013C12.g	<i>nadp-dependent malic enzyme</i>	2,64E-83	90,10%	6
SCAGCL6015C04.g	<i>soluble starch synthase iii-1</i>	0	93,95%	3
SCAGCL6017F04.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,31E-133	86,10%	4
SCAGFL1086E09.g	<i>photosystem ii protein</i>	7,49E-25	95,36%	4
SCAGHR1015D09.g	<i>pollen ankyrin-like protein</i>	2,17E-139	90,10%	4
SCAGLR1021A10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g030080 [Sorghum bicolor]</i>	6,13E-06	97,00%	0
SCAGLR1021D01.g	<i>thioredoxin h</i>	1,13E-11	59,15%	15
SCAGLR1043C02.g	<i>ascorbate peroxidase</i>	3,17E-149	94,65%	4
SCAGLR1043E06.g	<i>phospholipase d</i>	0	94,25%	10
SCAGLR1043F02.g	<i>heat shock</i>	1,30E-94	97,90%	5
SCAGLR1043F06.g	<i>protein</i>	3,86E-137	82,70%	1
SCAGLR1043G12.g	<i>cbs domain-containing protein</i>	2,90E-129	90,50%	6
SCAGLR1064B03.g	<i>dentin sialophospho protein</i>	2,17E-77	69,70%	3
SCAGLR1064B05.g	<i>cytochrome p450 family expressed</i>	3,20E-112	69,89%	5
SCAGLR1064C02.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	9,61E-14	70,67%	0
SCAGLR1064C04.g	<i>dna-binding protein mnb1b</i>	2,08E-14	92,40%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCAGSD1039F12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g021480 [Sorghum bicolor]</i>	1,09E-65	68,25%	0
SCAGLR1064E02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g044190 [Sorghum bicolor]</i>	7,90E-10	74,00%	0
SCAGLR2018B05.g	<i>60s ribosomal protein l29</i>	3,22E-25	97,00%	4
SCAGLR2018F12.g	<i>peptide methionine sulfoxide reductase</i>	1,61E-35	83,55%	6
SCAGLR2018G06.g	<i>40s ribosomal protein s24</i>	1,57E-82	96,15%	8
SCAGLR2026C06.g	<i>4-methyl-5(b-hydroxyethyl)-thiazol monophosphate biosynthesis enzyme</i>	0	86,45%	2
SCAGLR2033D09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g038245 [Sorghum bicolor]</i>	2,39E-43	63,50%	0
SCAGLR2033E03.g	<i>aquaporin</i>	2,03E-89	98,55%	4
SCAGLR2033G02.g	<i>cold acclimation protein cor413-pm1</i>	1,82E-111	84,45%	1
SCAGLV1043D04.g	<i>dna-binding protein mnb1b</i>	4,28E-23	91,10%	6
SCAGRT2039A11.g	<i>protein phosphatase 2c</i>	9,05E-37	72,78%	5
SCAGSD1041H08.g	<i>pre-mrna cleavage factor 25kd</i>	9,22E-46	80,65%	1
SCAGSD1043F08.g	<i>hessian fly response gene 1 protein</i>	2,18E-26	57,15%	4
SCAGSD2040D05.g	<i>hypothetical protein LOC100216773 [Zea mays]</i>	1,37E-04	78,00%	2
SCAGSD2043H04.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g046290 [Sorghum bicolor]</i>	5,87E-09	93,00%	3
SCBFAD1088H04.g	<i>chitinase iii</i>	1,91E-11	39,55%	18
SCBFAD1090H12.b	<i>aux iaa protein</i>	7,55E-75	76,65%	5
SCBFLR1026G03.g	<i>aldo keto reductase family protein</i>	2,74E-23	84,65%	5
SCBFLR1039F09.g	<i>actin depolymerizing factor 4</i>	6,03E-94	93,50%	4
SCBFLR1046F11.g	<i>60s ribosomal protein l18</i>	3,52E-129	95,10%	3
SCBFLR1083C11.g	<i>epoxide hydrolase</i>	6,16E-155	75,05%	2
SCBFRT1070E05.g	<i>serine threonine-protein kinase wnk1</i>	1,94E-36	69,56%	5
SCBFRZ2017C12.g	<i>zeaxanthin epoxidase</i>	1,00E-32	86,40%	9
SCBFRZ2018D11.g	<i>gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase precursor</i>	6,06E-69	79,75%	1
SCBFRZ2018G09.g	<i>mcb1 protein</i>	4,14E-59	75,63%	2
SCBFRZ2019D01.g	<i>chloroplast protease</i>	0	94,00%	17
SCBFRZ2046G04.g	<i>fructose-6-phosphate 2-kinase fructose- -bisphosphatase</i>	4,18E-100	95,20%	7
SCBFRZ2049F06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g026470 [Sorghum bicolor]</i>	1,87E-68	65,40%	0
SCBFRZ2050H12.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	67,95%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCBGLR1023C10.g	<i>haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein</i>	3,82E-60	77,90%	7
SCBFRZ3008D06.g	<i>9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase</i>	1,01E-63	82,55%	6
SCBFSD1037F06.g	<i>rieske</i>	2,09E-139	84,05%	5
SCBFSD1037F12.g	<i>early light-induced protein</i>	6,49E-29	85,47%	1
SCBGAD1028A02.g	<i>pyruvate dehydrogenase kinase 1</i>	1,10E-95	84,45%	5
SCBGAM1090B04.g	<i>metal ion binding protein</i>	4,79E-10	92,00%	2
SCBGFL4052E08.g	<i>l-aspartate oxidase</i>	0	85,20%	5
SCBGFL4056D12.g	<i>soluble acid invertase</i>	2,60E-31	95,00%	5
SCBGFL5079C06.g	<i>at1g68530 t26j14_10</i>	3,04E-31	93,30%	10
SCBGLR1023B02.g	<i>g-box binding factor 1</i>	1,03E-62	73,35%	5
SCBGLR1023G05.g	<i>transcription factor myb48</i>	1,13E-24	93,25%	10
SCBGLR1027B09.g	<i>isco large subunit-binding protein subunit beta</i>	7,96E-105	83,25%	16
SCBGLR1044D06.g	<i>ribulose biphosphate carboxylase oxygenase chloroplast expressed</i>	1,07E-103	94,35%	3
SCBGLR1082G04.g	<i>40s ribosomal protein s27</i>	3,46E-48	95,95%	6
SCBGLR1082H03.g	<i>vacuolar atp synthase subunit g</i>	5,18E-37	90,85%	6
SCBGLR1112F08.g	<i>xanthine uracil permease family expressed</i>	7,17E-44	73,95%	3
SCBGLR1113A11.g	<i>zinc finger protein</i>	4,62E-76	63,05%	2
SCBGLR1114F09.g	<i>zinc finger and c2 domain</i>	3,31E-116	75,80%	0
SCBGLR1115A11.g	<i>3-hydroxyisobutyryl-coenzyme a expressed</i>	3,95E-98	90,60%	2
SCBGLR1117A10.g	<i>atp-dependent clp protease atp-binding subunit clpa expressed</i>	0	94,90%	16
SCBGLR1117F01.g	<i>late embryogenesis abundant protein</i>	6,41E-13	76,00%	1
SCBGSB1027H10.g	<i>soul heme-binding family protein</i>	1,22E-16	83,17%	0
SCBGSD1049A12.g	<i>aminotransferase 2</i>	3,78E-74	94,00%	3
SCBGSD2049G08.g	<i>hexose transporter</i>	2,51E-42	93,35%	7
SCBGSD2051G12.g	<i>carbonic anhydrase</i>	2,63E-20	90,05%	4
SCCCAD1004H06.g	<i>inositol-3-phosphate synthase</i>	7,55E-17	99,85%	9
SCCCAM1001F05.g	<i>fatty acyl coa reductase</i>	1,50E-156	84,45%	3
SCCCCL1001C10.b	<i>vacuolar atpase b subunit</i>	0	97,65%	5

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCCL3003C03.b	<i>vq motif family protein</i>	1,21E-55	56,33%	0
SCCCCL2001B07.b	<i>kelch repeat-containing f-box-like</i>	1,62E-19	83,17%	1
SCCCCL2001H12.b	<i>Os03g0296200 [Oryza sativa Japonica Group]</i>	2,16E-13	82,00%	0
SCCCCL3001C02.b	<i>oleosin 16 kda</i>	1,37E-32	71,00%	2
SCCCCL3001C09.g	<i>kda class ii heat shock protein</i>	3,62E-40	77,25%	2
SCCCCL3001H01.g	<i>aldehyde oxidase</i>	1,78E-133	89,00%	6
SCCCCL3001H07.g	<i>protein</i>	0	84,70%	3
SCCCCL3002C11.b	<i>carbon catabolite repressor</i>	0	89,50%	4
SCCCCL3002D03.b	<i>succinate semialdehyde dehydrogenase</i>	0	90,25%	13
SCCCCL3003B09.b	<i>protein</i>	1,54E-23	89,53%	2
SCCCCL3003C11.b	<i>hypothetical protein LOC100501131 [Zea mays]</i>	7,14E-29	66,40%	0
SCCCCL3003E08.b	<i>slt1 protein</i>	5,37E-17	89,80%	0
SCCCCL3005D01.b	<i>protein phosphatase 2c</i>	0	71,60%	5
SCCCCL3080A01.g	<i>metallothionein-like protein type 2</i>	4,48E-19	78,35%	4
SCCCCL3080C06.g	<i>serine acetyltransferase</i>	1,36E-20	84,53%	3
SCCCCL3080D09.g	<i>proteophosphoglycan ppg1</i>	2,56E-161	56,05%	5
SCCCCL3120B05.g	<i>r3h domain containing</i>	0	76,90%	2
SCCCCL3120B08.g	<i>s-adenosylmethionine decarboxylase</i>	0	90,50%	4
SCCCCL3120F01.g	<i>protein</i>	0	88,05%	10
SCCCCL3120F04.b	<i>glossy1 protein</i>	2,80E-44	94,85%	6
SCCCCL3120F04.g	<i>gl1 protein</i>	4,93E-79	94,55%	6
SCCCCL4001D08.g	<i>tubby cyclin-like f-box</i>	1,31E-114	81,45%	3
SCCCCL4005A01.g	<i>pyruvate orthophosphate dikinase</i>	7,56E-177	89,45%	11
SCCCCL4005F02.g	<i>protein</i>	0	89,35%	4
SCCCCL4006B06.g	<i>late embryogenesis abundant protein</i>	3,97E-16	74,05%	1
SCCCCL4006D01.g	<i>ring-h2 finger protein</i>	4,50E-17	84,64%	2
SCCCCL4006E08.g	<i>chorismate mutase</i>	1,36E-175	85,05%	4
SCCCCL4006H08.g	<i>alcohol dehydrogenase family-2</i>	5,42E-93	97,35%	4
SCCCCL4007B06.g	<i>heat shock protein 70</i>	1,33E-127	94,90%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCCL6002B06.g	<i>major facilitator superfamily expressed</i>	3,56E-13	94,20%	3
SCCCCL4007H11.g	<i>udp-d-glucose udp-d-galactose 4-epimerase 2</i>	0	91,80%	8
SCCCCL4013A11.g	<i>slt1 protein</i>	0	82,00%	0
SCCCCL4014A04.g	<i>nac transcription factor</i>	2,07E-173	76,25%	2
SCCCCL4014D09.g	<i>early light-induced protein</i>	6,21E-04	61,00%	0
SCCCCL4014H05.g	<i>peroxisomal membrane</i>	1,53E-142	91,20%	3
SCCCCL5002D01.g	<i>ornithine aminotransferase</i>	7,69E-67	85,30%	8
SCCCCL5002D02.g	<i>atypical receptor-like kinase mark</i>	1,09E-176	84,75%	10
SCCCCL5004D02.g	<i>hypothetical protein LOC100383968 [Zea mays]</i>	1,17E-12	54,50%	0
SCCCCL6002E08.g	<i>polyubiquitin 2</i>	7,18E-39	98,95%	11
SCCCFL1097H04.g	<i>wd40-like beta propeller repeat family expressed</i>	6,12E-33	83,27%	0
SCCCFL1100B07.g	<i>tyrosine-specific transport</i>	2,46E-44	73,80%	2
SCCCFL4002D04.g	<i>adp-glucose pyrophosphorylase small subunit</i>	2,93E-141	98,15%	7
SCCCFL4003H11.g	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>	2,21E-86	73,50%	3
SCCCFL4094E01.g	<i>potassium expressed</i>	8,78E-29	78,00%	8
SCCCFL5003E01.g	<i>tpr domain containing expressed</i>	8,01E-26	71,50%	3
SCCCFL6001E06.g	<i>early light-induced protein</i>	7,82E-31	71,80%	1
SCCCHR1004D03.g	<i>receptor protein</i>	2,77E-111	84,80%	13
SCCCLB1002E09.g	<i>chalcone synthase</i>	6,00E-77	84,00%	2
SCCCLB1021E06.g	<i>granule-bound starch synthase ii</i>	0	91,90%	6
SCCCLB1021F07.g	<i>alpha beta-hydrolase domain-containing protein</i>	0	86,70%	2
SCCCLB1024F04.g	<i>protein</i>	3,05E-91	69,65%	3
SCCCLB1025B04.g	<i>vacuolar atp synthase subunit</i>	1,08E-142	92,20%	3
SCCCLB1C06G11.g	<i>o-methyltransferase zrp4</i>	2,40E-69	64,50%	2
SCCCLB2004C08.g	<i>polyubiquitin</i>	1,11E-61	98,75%	9
SCCCLR1001B01.g	<i>aspartic-type endopeptidase pepsin a</i>	7,09E-73	67,55%	3
SCCCLR1001D01.g	<i>myb transcription factor</i>	4,95E-43	75,00%	2
SCCCLR1001F11.g	<i>domain containing expressed</i>	3,11E-167	72,06%	8

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR1024B02.g	<i>galactinol synthase 3</i>	3,38E-83	95,35%	2
SCCCLR1001G04.g	<i>zinc finger a20 and an1 domains-containing protein</i>	2,71E-121	86,90%	2
SCCCLR1001G06.g	<i>s-adenosylmethionine synthetase</i>	0	98,20%	6
SCCCLR1022B07.g	<i>abscisic stress ripening</i>	2,95E-08	96,30%	1
SCCCLR1022B09.g	<i>elongation factor 1-alpha</i>	0	98,35%	6
SCCCLR1022D05.g	<i>14-3-3 protein</i>	1,25E-179	96,45%	5
SCCCLR1022D09.g	<i>cold induced</i>	2,74E-95	70,00%	0
SCCCLR1022F09.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	7,58E-21	71,00%	0
SCCCLR1022F12.g	<i>auxin response factor expressed</i>	0	74,75%	5
SCCCLR1024D04.g	<i>dcl1-like protein 2</i>	1,16E-176	91,30%	3
SCCCLR1024E09.g	<i>stem-specific protein</i>	1,03E-60	89,25%	3
SCCCLR1024F07.g	<i>serine decarboxylase</i>	0	93,65%	4
SCCCLR1048B08.g	<i>triosephosphate isomerase</i>	2,87E-151	94,90%	3
SCCCLR1048D10.g	<i>f-box protein</i>	0	85,25%	1
SCCCLR1048F11.g	<i>40s ribosomal protein s8</i>	1,76E-121	93,85%	5
SCCCLR1048H03.g	<i>9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase</i>	2,72E-161	89,30%	7
SCCCLR1065D09.g	<i>protein</i>	0	85,25%	8
SCCCLR1065E11.g	<i>uncharacterized protein</i>	7,71E-53	68,45%	5
SCCCLR1066A09.g	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>	0	79,40%	3
SCCCLR1067A05.g	<i>major facilitator superfamily expressed</i>	3,89E-158	81,60%	3
SCCCLR1069G05.g	<i>thioredoxin h</i>	7,92E-08	54,30%	22
SCCCLR1070B06.g	<i>phosphosulfolactate synthase-related protein</i>	0	82,95%	3
SCCCLR1070C08.g	<i>nacl transcription factor</i>	4,63E-34	76,40%	2
SCCCLR1070E10.g	<i>trehalose-6-phosphate synthase</i>	3,76E-178	84,65%	4
SCCCLR1070F09.g	<i>carbonyl reductase 3</i>	1,33E-148	81,30%	3
SCCCLR1072A12.g	<i>nad-malate dehydrogenase</i>	0	90,50%	13
SCCCLR1072B04.g	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	4,50E-89	96,65%	5
SCCCLR1072D05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g021000 [Sorghum bicolor]</i>	3,25E-08	98,00%	1
SCCCLR1072E02.g	<i>acylamino-acid-releasing enzyme</i>	0	78,35%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR1078G03.g	<i>transposon mutator sub-class</i>	1,16E-42	61,85%	3
SCCCLR1075F07.g	<i>cytosolic acetyl- carboxylase</i>	0	89,10%	6
SCCCLR1076C10.g	<i>nudix hydrolase 4</i>	1,61E-50	79,27%	2
SCCCLR1076D05.g	<i>type 1 non specific lipid transfer protein precursor</i>	1,22E-56	85,05%	3
SCCCLR1076E05.g	<i>fyve finger-containing phosphoinositide</i>	0	60,10%	5
SCCCLR1076F07.g	<i>dna binding</i>	3,95E-47	89,53%	5
SCCCLR1077F09.g	<i>pseudo response regulator</i>	0	60,95%	3
SCCCLR1078D02.g	<i>starch branching enzyme 4</i>	8,36E-172	93,55%	7
SCCCLR1078G04.g	<i>atp binding</i>	0	55,60%	3
SCCCLR1079B06.g	<i>phosphoglycerate kinase</i>	2,31E-180	94,60%	7
SCCCLR1079D09.g	<i>heat shock cognate 70 kda protein 2</i>	4,59E-90	96,40%	5
SCCCLR1079F09.g	<i>myristoyl-acyl carrier protein thioesterase</i>	0	85,00%	1
SCCCLR1079F10.g	<i>attic110 tic110</i>	0	80,70%	4
SCCCLR1080F11.g	<i>beta-amyrin synthase</i>	0	83,45%	2
SCCCLR1C01G07.g	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	4,45E-66	96,40%	5
SCCCLR1C01H02.g	<i>peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp20-2</i>	5,76E-123	93,55%	7
SCCCLR1C01H06.g	<i>ma3 domain-containing protein</i>	0	82,75%	2
SCCCLR1C02F03.g	<i>60s ribosomal protein l23</i>	2,60E-20	99,40%	6
SCCCLR1C02F07.g	<i>inositol-3-phosphate synthase</i>	0	97,00%	9
SCCCLR1C03B06.g	<i>farnesylated protein 1</i>	5,54E-106	86,00%	5
SCCCLR1C03B12.g	<i>uncharacterized protein</i>	8,95E-113	82,75%	2
SCCCLR1C03C05.g	<i>bzip transcription factor abi5</i>	9,38E-110	71,50%	5
SCCCLR1C03C10.g	<i>polyubiquitin 10</i>	6,39E-163	99,95%	9
SCCCLR1C03D07.g	<i>salt gene product</i>	5,77E-25	58,20%	4
SCCCLR1C04A09.g	<i>copper chaperone</i>	7,39E-40	80,35%	3
SCCCLR1C04D07.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	5,35E-15	56,33%	0
SCCCLR1C04E02.g	<i>ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1</i>	4,93E-109	83,25%	2
SCCCLR1C04E03.g	<i>ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda</i>	1,27E-77	99,90%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCLR1C07F04.g	<i>vacuolar invertase b 3</i>	1,03E-18	88,44%	3
SCCCLR1C04E09.g	<i>60s ribosomal protein l15</i>	2,96E-130	97,70%	5
SCCCLR1C04G09.g	<i>nadp-specific isocitrate dehydrogenase</i>	0	95,85%	5
SCCCLR1C04G11.g	<i>mitochondrial import inner membrane translocase subunit tim2,223</i>	1,14E-96	81,35%	5
SCCCLR1C05E04.g	<i>Protein</i>	0	59,25%	1
SCCCLR1C05G04.g	<i>receptor ser thr protein kinase-like</i>	3,06E-109	79,25%	4
SCCCLR1C05H04.g	<i>60s ribosomal protein l36-2</i>	3,31E-69	93,95%	3
SCCCLR1C06A07.g	<i>Protein</i>	1,49E-97	64,14%	5
SCCCLR1C08F03.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g020170 [Sorghum bicolor]</i>	2,35E-20	89,40%	0
SCCCLR2001A08.g	<i>r40c1 protein – rice</i>	0	89,40%	0
SCCCLR2001B06.g	<i>serine threonine protein phosphatase expressed</i>	0	93,00%	3
SCCCLR2001E03.g	<i>uncharacterized protein</i>	3,22E-77	73,22%	3
SCCCLR2001E06.g	<i>ac096687_6 glycoprotein</i>	2,22E-49	56,93%	0
SCCCLR2001F05.g	<i>delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>	0	94,20%	5
SCCCLR2001G10.g	<i>auxin response factor 8</i>	4,96E-20	68,60%	5
SCCCLR2002D03.g	<i>stress responsive protein</i>	3,44E-24	93,90%	0
SCCCLR2002E05.g	<i>60s ribosomal protein l7-1</i>	1,08E-34	97,75%	5
SCCCLR2002F08.g	<i>auxin-repressed kda protein</i>	1,92E-21	83,42%	0
SCCCLR2003C11.g	<i>serine threonine protein phosphatase expressed</i>	0	89,50%	4
SCCCLR2003H06.g	<i>sister of ramosa 3</i>	9,47E-12	94,15%	2
SCCCLR2004E02.g	<i>nbs-1rr class disease resistance protein</i>	1,10E-32	82,05%	3
SCCCLR2C01D06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g023170 [Sorghum bicolor]</i>	1,39E-53	70,00%	1
SCCCLR2C01D10.g	<i>6-phosphofructokinase 2</i>	0	92,35%	5
SCCCLR2C01G07.g	<i>cbl-interacting protein kinase 4</i>	1,11E-128	77,55%	7
SCCCLR2C01H02.g	<i>endo- -beta-d-glucanase</i>	3,84E-158	86,00%	1
SCCCLR2C02D12.g	<i>chlorophyll a b-binding apoprotein cp26 precursor</i>	5,18E-106	90,20%	11
SCCCLR2C02E04.g	<i>prenylcysteine methylesterase</i>	6,81E-103	87,00%	4
SCCCLR2C02F05.g	<i>mate efflux family expressed</i>	2,97E-91	90,45%	6
SCCCLR2C03G03.g	<i>farnesylated protein 1</i>	6,32E-07	95,29%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCRT1003F07.g	<i>transparent testa 12 protein</i>	0	87,05%	6
SCCCLR2C03G11.g	<i>homeodomain leucine zipper protein cphb-5</i>	2,40E-22	85,00%	4
SCCCLV1001D01.g	<i>atp-binding cassette</i>	3,01E-156	91,50%	4
SCCCRT1001A12.g	<i>protein binding protein</i>	5,44E-113	74,25%	5
SCCCRT1002B01.g	<i>homocysteine s-methyltransferase</i>	0	88,55%	3
SCCCRT1002C05.g	<i>alanine aminotransferase</i>	0	91,15%	5
SCCCRT1002F09.g	<i>g-box-binding factor 4</i>	5,90E-32	89,40%	5
SCCCRT2001D11.g	<i>Protein</i>	4,21E-19	82,00%	1
SCCCRT2002A12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g021205 [Sorghum bicolor]</i>	2,11E-28	75,40%	1
SCCCRT2002C01.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g028960 [Sorghum bicolor]</i>	4,39E-19	85,33%	0
SCCCRT3008C11.g	<i>zinc finger</i>	2,45E-56	80,45%	3
SCCCRZ1001C01.g	<i>fiber protein fb2</i>	3,63E-91	78,89%	2
SCCCRZ1001G11.g	<i>protein</i>	0	81,15%	3
SCCCRZ1001H06.g	<i>co-chaperone protein sba1</i>	8,72E-62	93,05%	0
SCCCRZ1002C02.g	<i>slt1 protein</i>	0	87,20%	0
SCCCRZ1002C09.g	<i>tryptophan tyrosine permease family expressed</i>	5,78E-16	83,33%	2
SCCCRZ1002E08.g	<i>plasma membrane intrinsic protein</i>	1,29E-69	98,20%	4
SCCCRZ1002F12.g	<i>protein sur2</i>	1,46E-179	86,55%	11
SCCCRZ1002H09.g	<i>nitrilase-associated protein</i>	2,30E-21	86,40%	1
SCCCRZ1003F07.g	<i>protein</i>	3,12E-34	88,90%	4
SCCCRZ1004H12.g	<i>ethylene-insensitive3-like 1 expressed</i>	0	87,75%	2
SCCCRZ1C01F03.g	<i>serine threonine-protein kinase</i>	7,84E-15	73,89%	5
SCCCRZ2001E09.g	<i>protein</i>	3,97E-137	76,65%	3
SCCCRZ2002A09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g001350 [Sorghum bicolor]</i>	1,56E-40	79,17%	0
SCCCRZ2002D07.g	<i>elongation factor 1-delta 1</i>	7,83E-105	84,20%	3
SCCCRZ2002E09.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	88,45%	3
SCCCRZ2002F01.g	<i>dna-binding protein mnb1b</i>	2,88E-19	89,75%	6
SCCCRZ2003C02.g	<i>brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 expressed</i>	0	80,30%	8

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCCCRZ3001H05.g	<i>ninja-family protein 5</i>	3,88E-11	98,00%	1
SCCCRZ2C01F07.g	<i>protein</i>	4,43E-110	69,10%	3
SCCCRZ2C01H09.g	<i>abc transporter</i>	0	92,00%	3
SCCCRZ2C03D05.g	<i>glutamate decarboxylase</i>	0	88,55%	4
SCCCRZ2C04D08.g	<i>gtp-binding nuclear protein ran-a1</i>	2,83E-111	99,05%	6
SCCCRZ2C04E05.g	<i>act domain-containing protein</i>	2,22E-153	77,85%	2
SCCCRZ2C04F04.g	<i>early response to dehydration 15-like protein</i>	2,90E-71	56,30%	0
SCCCRZ3002A09.g	<i>indeterminate-related protein 10</i>	9,98E-88	75,67%	2
SCCCRZ3002B06.g	<i>iron-sulfur cluster assembly protein</i>	4,16E-102	89,40%	8
SCCCRZ3002E05.g	<i>eukaryotic translation initiation factor</i>	3,77E-134	68,35%	1
SCCCRZ3003H07.g	<i>cytokinin oxidase 3</i>	2,05E-19	85,20%	4
SCCCRZ3004D03.g	<i>alpha-galactosidase 1</i>	0	86,30%	6
SCCCSB1002C02.g	<i>iron-inhibited abc transporter</i>	4,76E-140	96,05%	5
SCCCSB1002C05.g	<i>auxin response factor expressed</i>	2,69E-94	88,00%	5
SCCCSB1003B11.g	<i>hypothetical protein LOC100275469 [Zea mays]</i>	2,60E-49	80,25%	0
SCCCSB1004H11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g004410 [Sorghum bicolor]</i>	8,67E-28	58,33%	0
SCCCSD1001D05.g	<i>glutathione s-transferase expressed</i>	1,01E-79	82,35%	2
SCCCSD1089G05.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	8,61E-44	79,00%	0
SCCCSD2001G01.g	<i>peptide transporter ptr2</i>	1,29E-05	100,00%	3
SCCCSD2092A12.g	<i>protein acclimation of photosynthesis to environment</i>	3,72E-26	88,60%	1
SCCCST1004A07.g	<i>serine threonine-protein kinase</i>	0	91,60%	5
SCCCST1C04A09.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g040410 [Sorghum bicolor]</i>	1,40E-14	84,50%	1
SCCCST2001A03.g	<i>r40c1 protein - rice</i>	3,96E-23	94,15%	0
SCCCST2001G02.g	<i>polyubiquitin</i>	1,39E-32	100,00%	2
SCCCST2004E05.g	<i>protein</i>	2,81E-147	85,20%	5
SCCCST3001A06.g	<i>hypothetical protein LOC100272399 [Zea mays]</i>	5,25E-13	83,50%	0
SCCCST3002B01.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	1,44E-04	100,00%	0
SCCCST3006A04.g	<i>soluble acid invertase</i>	2,35E-29	96,32%	3
SCCCST3144G03.g	<i>metal-dependent hydrolase-like protein</i>	4,31E-33	84,05%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEPAM2013C08.g	<i>mannitol dehydrogenase</i>	2,23E-36	90,45%	4
SCEPAM1015F07.g	<i>plastidic alpha -glucan phosphorylase</i>	8,11E-127	84,10%	4
SCEPAM1016C08.g	<i>soluble starch synthase ii-1</i>	0	93,05%	4
SCEPAM1018F04.g	<i>post-illumination chlorophyll fluorescence increase protein</i>	8,79E-46	87,15%	3
SCEPAM1020A03.g	<i>protein kinase</i>	3,62E-158	88,15%	6
SCEPAM2011E07.g	<i>protein</i>	1,70E-30	84,53%	1
SCEPAM2014A10.g	<i>initiator-binding protein 2</i>	0	62,50%	2
SCEPAM2015F01.g	<i>auxin response factor 1</i>	0	81,95%	7
SCEPAM2053H08.g	<i>starch branching enzyme 4</i>	0	97,75%	6
SCEPAM2056G08.g	<i>auxin efflux carrier-like protein</i>	2,09E-109	85,50%	6
SCEPCL6019B10.g	<i>gdp-mannose pyrophosphorylase</i>	0	96,05%	4
SCEPCL6019C02.g	<i>myosin heavy chain</i>	0	57,75%	1
SCEPCL6020F07.g	<i>protein</i>	0	82,30%	1
SCEPCL6023C05.g	<i>abc1 family protein</i>	0	85,05%	2
SCEPCL6023F02.g	<i>sucrose synthase</i>	0	93,90%	3
SCEPFL3088C06.g	<i>cysteine proteinases-like protein</i>	8,99E-28	81,50%	5
SCEPLB1043C10.g	<i>protein</i>	7,50E-137	88,15%	0
SCEPLB1043F06.g	<i>chloroplast nucleoid dna binding</i>	1,15E-28	79,35%	2
SCEPLR1051B12.g	<i>wd-40 repeat family protein</i>	0	87,20%	2
SCEPRT2043H03.g	<i>abscisic stress ripening</i>	2,21E-15	91,35%	1
SCEPRT2047E02.g	<i>lurp-one-related 15 protein</i>	4,80E-30	83,90%	1
SCEPRT2047F02.g	<i>phytoene synthase 2</i>	1,71E-156	96,00%	4
SCEPRT2048A10.g	<i>nodulin-like protein</i>	3,19E-09	98,33%	1
SCEPRT2048G12.g	<i>ctp synthase</i>	0	86,15%	3
SCEPRZ1008A06.g	<i>sulfite exporter family protein</i>	0	87,20%	3
SCEPRZ1008B05.g	<i>stress regulated protein</i>	6,68E-102	92,00%	2
SCEPRZ1010D11.g	<i>amino acid expressed</i>	5,69E-52	85,75%	1
SCEPRZ1010E06.g	<i>protein phosphatase 2c</i>	2,82E-70	76,80%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEPRZ3085A11.g	<i>nucellin-like aspartic protease</i>	0	70,30%	2
SCEPRZ1010F07.g	<i>light-induced protein 1-like</i>	1,65E-04	76,00%	0
SCEPRZ1010F09.g	<i>fyve finger-containing phosphoinositide kinase-like</i>	1,51E-152	91,70%	5
SCEPRZ1011A01.g	<i>stem-specific protein</i>	1,18E-40	70,05%	3
SCEPRZ3044H08.g	<i>atp binding protein</i>	8,61E-47	95,90%	9
SCEPRZ3046F08.g	<i>photoperiod responsive protein</i>	5,96E-14	87,11%	4
SCEPRZ3086D12.g	<i>glycolipid transfer protein family protein</i>	2,52E-98	72,05%	4
SCEPRZ3087C08.g	<i>hydrophobic protein lti6a</i>	4,88E-09	91,00%	1
SCEPRZ3132A06.g	<i>ubiquitin-protein ligase</i>	3,11E-11	86,00%	4
SCEPSB1127H06.g	<i>hypothetical protein LOC100275469 [Zea mays]</i>	2,90E-16	67,20%	0
SCEPSB1135C05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g015410 [Sorghum bicolor]</i>	1,36E-04	98,00%	0
SCEPSD1005E12.g	<i>bowman-birk type trypsin inhibitor</i>	5,00E-51	75,60%	3
SCEPSD1008D01.g	<i>peptidase s41 family protein</i>	2,04E-101	88,60%	4
SCEPSD1072A02.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	2,49E-10	83,00%	0
SCEPSD2005D11.g	<i>protein</i>	2,43E-120	78,25%	6
SCEPSD2006H04.g	<i>protein</i>	2,63E-86	89,10%	6
SCEPSD2007G09.g	<i>protein</i>	8,48E-70	90,10%	2
SCEPSD2008A02.g	<i>protein</i>	3,00E-37	67,60%	1
SCEQAM1036A06.g	<i>sucrose phosphate synthase</i>	0	90,75%	3
SCEQAM1041E07.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g008290 [Sorghum bicolor]</i>	2,27E-31	71,33%	1
SCEQAM2038H04.g	<i>vtc2-like protein</i>	4,74E-83	78,90%	0
SCEQAM2040E08.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	1,75E-14	81,50%	1
SCEQHR1079G09.g	<i>dt-related protein</i>	3,16E-49	95,25%	3
SCEQLB1063G04.g	<i>carbonic anhydrase</i>	1,51E-109	92,60%	4
SCEQLB1067B05.g	<i>wound stress protein</i>	9,07E-16	80,11%	1
SCEQLB1068C05.g	<i>protein</i>	3,22E-172	82,25%	1
SCEQLR1007A06.g	<i>profilin</i>	3,09E-28	97,30%	4
SCEQLR1029C10.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g006930 [Sorghum bicolor]</i>	8,11E-07	89,00%	1
SCEQLR1050D04.g	<i>dwarf8</i>	1,44E-62	95,40%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEQLR1092B09.g	<i>Os03g0267100 [Oryza sativa Japonica Group]</i>	1,03E-60	85,00%	0
SCEQLR1050H05.g	<i>zinc finger protein</i>	3,56E-39	73,44%	3
SCEQLR1091B01.g	<i>copper chaperone</i>	2,37E-44	92,45%	19
SCEQLR1091B08.g	<i>gda2 protein</i>	3,28E-28	95,95%	0
SCEQLR1091F02.g	<i>acid phosphatase</i>	0	89,45%	5
SCEQLR1092E02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g020090 [Sorghum bicolor]</i>	1,21E-11	63,00%	6
SCEQLR1093A05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g003100 [Sorghum bicolor]</i>	2,53E-07	67,00%	1
SCEQLR1093A06.g	<i>transcription factor hy5</i>	8,28E-05	97,00%	6
SCEQLR1093H11.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g026865 [Sorghum bicolor]</i>	4,47E-04	85,00%	0
SCEQRT1025E03.g	<i>cysteine proteinase inhibitor</i>	1,00E-66	89,40%	6
SCEQRT1026B11.g	<i>4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase</i>	0	90,40%	10
SCEQRT1028G10.g	<i>chalcone synthase</i>	3,64E-68	98,05%	3
SCEQRT1029D05.g	<i>filamentation temperature-sensitive h 2b</i>	0	93,85%	10
SCEQRT1029D09.g	<i>glucose-6-phosphate isomerase</i>	0	94,40%	12
SCEQRT1029H05.g	<i>somatic embryogenesis receptor-like kinase 1</i>	0	90,65%	9
SCEQRT1031C12.g	<i>uncharacterized protein</i>	2,53E-101	75,95%	5
SCEQRT1031D05.g	<i>phosphoethanolamine n-methyltransferase</i>	0	91,60%	2
SCEQRT1031H03.g	<i>ferulate 5-hydroxylase</i>	1,15E-69	79,70%	5
SCEQRT1033F06.g	<i>nitrite transporter</i>	2,50E-41	83,00%	3
SCEQRT2025G08.g	<i>rwp-rk domain-containing protein</i>	8,18E-118	79,35%	3
SCEQRT2025H02.g	<i>alpha-galactosidase 2</i>	0	80,80%	7
SCEQRT2028G11.g	<i>glycosyl hydrolases family 17 expressed</i>	5,47E-17	69,80%	3
SCEQRT2030F11.g	<i>transparent testa 12 protein</i>	2,21E-47	85,80%	5
SCEQRT2091A09.g	<i>beta-amylase 7</i>	3,39E-43	89,65%	4
SCEQRT2093F11.g	<i>thylakoid-bound ascorbate peroxidase</i>	1,82E-48	91,25%	5
SCEQRT2094E05.g	<i>af318580_1 transcription factor 1</i>	3,24E-06	56,33%	3
SCEQRT2094G10.g	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 1</i>	7,25E-36	90,85%	7
SCEQRT2096E09.g	<i>cytochrome p450</i>	4,60E-17	83,08%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEQRZ3020C02.g	<i>brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 expressed</i>	4,91E-130	70,95%	7
SCEQRT2098D06.g	<i>protein</i>	1,69E-148	88,50%	5
SCEQRT2099C08.g	<i>protein phosphatase 2c</i>	6,49E-47	63,87%	4
SCEQRT2101A04.g	<i>spx domain-containing protein</i>	1,39E-145	66,37%	2
SCEQRT3C04D05.g	<i>yz1</i>	2,16E-91	76,20%	1
SCEQRZ3023E10.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,01E-64	78,25%	1
SCEQRZ3024B07.g	<i>phosphatidylcholine-sterol o-</i>	0	82,30%	3
SCEQRZ3091E12.g	<i>hexose transporter</i>	1,89E-84	90,80%	7
SCEQSB1C02G10.g	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	1,84E-156	85,55%	2
SCEQSD1074A04.g	<i>cycloartenol synthase</i>	5,35E-50	86,45%	2
SCEZAD1078A06.g	<i>elongation factor ts</i>	4,04E-11	81,58%	4
SCEZAD1080A04.g	<i>hydroxypyruvate reductase</i>	4,80E-51	90,50%	3
SCEZAD1082D09.g	<i>cytokinin oxidase</i>	4,11E-109	88,60%	5
SCEZAD1C04B06.g	<i>auxin response factor 25</i>	3,29E-15	81,18%	5
SCEZAM1080D01.g	<i>methionine s-methyltransferase</i>	0	78,10%	6
SCEZAM2031C06.g	<i>mitogen-activated protein kinase-like</i>	1,35E-76	61,50%	4
SCEZAM2059G02.g	<i>thioredoxin-like 1-1</i>	4,38E-83	85,80%	4
SCEZHR1048C09.g	<i>cysteine protease</i>	8,24E-87	78,70%	4
SCEZHR1048G03.g	<i>gata transcription factor 20</i>	6,39E-20	87,00%	4
SCEZHR1085C03.g	<i>beta-amyrin synthase</i>	1,34E-137	82,95%	2
SCEZHR1085C12.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g003750 [Sorghum bicolor]</i>	6,00E-11	80,00%	1
SCEZLB1006E12.g	<i>alliin lyase</i>	2,68E-37	76,60%	3
SCEZLB1007B12.g	<i>zim motif family protein</i>	1,33E-27	88,42%	1
SCEZLB1007G07.g	<i>wound stress protein</i>	3,32E-43	84,00%	1
SCEZLB1012C10.g	<i>soluble inorganic pyrophosphatase</i>	4,80E-151	92,80%	6
SCEZLB1013D09.g	<i>tetratricopeptide repeat-containing protein</i>	2,48E-148	72,00%	2
SCEZLB1013H04.g	<i>adenine phosphoribosyltransferase 2</i>	2,71E-134	89,25%	4
SCEZLB1014C04.g	<i>protein phosphatase 2c</i>	4,73E-18	69,50%	1
SCEZLB1014H08.g	<i>protein</i>	3,41E-46	78,30%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCEZLR1031A03.g	<i>auxin response factor 2</i>	1,09E-128	84,20%	12
SCEZLB2069D10.g	<i>p2c37_orysj ame: full=probable protein phosphatase 2c 37 short= 2c37</i>	2,82E-10	55,57%	1
SCEZLR1009A10.g	<i>protein</i>	0	77,85%	4
SCEZLR1009E06.g	<i>l-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase</i>	2,79E-66	85,85%	2
SCEZLR1031D07.g	<i>sucrose phosphate synthase</i>	1,02E-50	86,65%	4
SCEZLR1031F04.g	<i>g-box binding factor 1</i>	0	68,40%	5
SCEZLR1052D12.g	<i>universal stress protein 5327</i>	4,42E-100	78,95%	2
SCEZRT2018E04.g	<i>mal d 1-associated protein</i>	1,40E-82	73,92%	1
SCEZRT2019F10.g	<i>peroxidase 1 precursor</i>	2,83E-61	87,20%	6
SCEZRZ1012A02.g	<i>cytochrome p450</i>	0	88,45%	13
SCEZRZ1012A11.g	<i>myb-like transcription factor</i>	1,79E-39	75,10%	3
SCEZRZ1012G06.g	<i>Os02g0547100 [Oryza sativa Japonica Group]</i>	1,10E-30	66,00%	0
SCEZRZ1014A06.g	<i>catalytic hydrolase</i>	4,84E-85	78,95%	2
SCEZRZ1015E08.g	<i>dna binding</i>	3,03E-119	70,80%	3
SCEZRZ1016F10.g	<i>aldose reductase</i>	0	89,60%	4
SCEZRZ1016G07.g	<i>protein</i>	0	73,70%	7
SCEZRZ3016G06.g	<i>polyol transporter protein 4</i>	0	83,45%	3
SCEZRZ3053H09.g	<i>l-allo-threonine aldolase</i>	7,36E-166	87,60%	3
SCEZSD1080F10.g	<i>glutathione s-</i>	8,21E-52	65,30%	1
SCEZSD1083H01.g	<i>fatty acid elongase</i>	1,69E-58	95,15%	3
SCEZSD2083F12.g	<i>rwp-rk domain containing expressed</i>	1,09E-86	76,85%	1
SCJFAM1067F03.g	<i>boron transporter</i>	3,99E-160	91,45%	5
SCJFHR1034B10.g	<i>zinc finger</i>	1,88E-30	75,22%	4
SCJFLR1013A09.g	<i>cysteine proteinase 1 precursor</i>	4,77E-177	86,90%	3
SCJFLR1013B03.g	<i>bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase</i>	0	94,25%	8
SCJFLR1013E10.g	<i>chy and ctchy and ring-type zinc finger protein</i>	0	87,40%	2
SCJFLR1013F02.g	<i>glutamine synthetase</i>	1,10E-116	98,20%	5
SCJFLR1017E09.g	<i>stachyose synthase precursor</i>	0	83,30%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJFLR1074A11.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 2</i>	1,58E-28	95,80%	8
SCJFLR1035C02.g	<i>asparagine synthetase</i>	0	93,05%	6
SCJFLR1035D06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g025470 [Sorghum bicolor]</i>	2,52E-40	60,45%	0
SCJFLR1073H12.g	<i>delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>	0	88,65%	5
SCJFLR1074E01.g	<i>cct motif family protein</i>	8,44E-139	73,65%	3
SCJFLR1074E09.g	<i>dehydrin cor410</i>	6,03E-64	67,00%	2
SCJFLR1074F04.g	<i>serine threonine-protein kinase</i>	1,41E-164	96,00%	5
SCJFRT1005G08.g	<i>anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>	0	73,00%	1
SCJFRT1007G01.g	<i>heavy metal-associated domain containing expressed</i>	4,87E-18	81,50%	2
SCJFRT1008C09.g	<i>fatty acid elongase</i>	4,18E-06	96,14%	6
SCJFRT1009E08.g	<i>protein</i>	3,59E-33	77,60%	0
SCJFRT1010C12.g	<i>protein kinase</i>	0	78,85%	3
SCJFRT1011E05.b	<i>ocs element-binding factor 1</i>	2,32E-30	78,70%	6
SCJFRT1012A12.g	<i>ureide permease 2</i>	1,59E-110	84,25%	3
SCJFRT1059F03.g	<i>dre binding factor 1</i>	2,15E-11	97,00%	3
SCJFRT1060E10.g	<i>kelch repeat-containing f-box family expressed</i>	0	83,00%	0
SCJFRT1060F11.g	<i>cytosolic orthophosphate dikinase</i>	6,10E-75	90,50%	7
SCJFRT1062H02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g033160 [Sorghum bicolor]</i>	1,84E-43	76,65%	8
SCJFRT2053C01.g	<i>protein</i>	5,91E-74	96,40%	8
SCJFRT2053C08.g	<i>protein</i>	4,38E-105	81,70%	5
SCJFRT2054H05.g	<i>thaumatin-like protein 1</i>	1,37E-158	78,75%	1
SCJFRT2057H02.g	<i>retinol dehydrogenase 12</i>	1,37E-93	79,05%	3
SCJFRT2059G12.b	<i>receptor protein kinase clavata1</i>	7,91E-78	80,20%	9
SCJFRT2059H07.b	<i>photoperiod responsive protein</i>	4,07E-57	80,95%	5
SCJFRT2059H08.g	<i>protein</i>	9,99E-82	80,85%	4
SCJFRT2060G01.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g021400 [Sorghum bicolor]</i>	0	89,35%	2
SCJFRZ1005E07.g	<i>bifunctional nuclease</i>	2,24E-115	75,70%	5
SCJFRZ1005F03.g	<i>chlorophyll a-b binding protein 2</i>	1,23E-89	99,20%	8
SCJFRZ1007G03.g	<i>amino acid</i>	0	91,20%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJFRZ2006E01.g	<i>copper ion binding</i>	2,18E-35	72,60%	2
SCJFRZ1007H04.g	<i>protein kinase receptor type precursor</i>	1,93E-92	74,60%	9
SCJFRZ2005A01.g	<i>protein</i>	1,15E-35	93,17%	0
SCJFRZ2006G04.g	<i>histone h3</i>	2,66E-90	99,05%	4
SCJFRZ2007D07.g	<i>protein</i>	4,88E-41	79,21%	1
SCJFRZ2009D09.g	<i>cysteine proteinases-like protein</i>	7,09E-96	85,00%	5
SCJFRZ2010H10.g	<i>transposon expressed</i>	2,30E-146	77,80%	1
SCJFRZ2011C05.g	<i>tasselseed 1</i>	0	86,85%	5
SCJFRZ2012G04.g	<i>protein</i>	8,16E-67	72,45%	1
SCJFRZ2025E06.g	<i>protein</i>	1,21E-105	94,90%	5
SCJFRZ2025H12.g	<i>nucleobase-ascorbate transporter 6</i>	0	89,15%	5
SCJFRZ2029B03.g	<i>ctp synthase</i>	0	87,80%	3
SCJFRZ2029B10.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	2,43E-07	84,00%	0
SCJFRZ2029D02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g003230 [Sorghum bicolor]</i>	1,62E-53	69,90%	1
SCJFRZ2029D11.g	<i>thylakoid-bound ascorbate peroxidase</i>	1,34E-25	92,15%	6
SCJFRZ2031F09.g	<i>boron transporter</i>	2,32E-59	81,10%	5
SCJFRZ2031H09.g	<i>membrane steroid-binding protein 1</i>	4,78E-09	99,60%	1
SCJFSB1010E06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_08g021320 [Sorghum bicolor]</i>	3,78E-08	97,00%	0
SCJFSB1011H02.b	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g032160 [Sorghum bicolor]</i>	1,08E-30	68,00%	1
SCJFST1017H03.g	<i>phototropin 2</i>	3,58E-41	77,60%	20
SCJFST1048C08.g	<i>tetracycline transporter protein</i>	2,62E-53	76,15%	6
SCJLFL3015B10.g	<i>amino acid binding</i>	8,22E-51	68,50%	2
SCJLFL4100F04.g	<i>ferredoxin- chloroplast</i>	6,31E-99	75,15%	5
SCJLLR1054C03.g	<i>protein</i>	0	84,95%	7
SCJLLR1054C09.g	<i>protein</i>	6,04E-69	79,10%	5
SCJLLR1054G10.g	<i>glutathione peroxidase</i>	3,33E-90	97,45%	6
SCJLLR1101H03.g	<i>mcs-like 2 protein</i>	0	73,45%	8
SCJLLR1102G03.g	<i>f-box domain containing protein</i>	4,25E-68	67,00%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJLLR1104C06.g	<i>sterol regulatory element-binding protein site 2</i>	6,27E-77	83,00%	6
SCJLLR1104A07.g	<i>cbl-interacting protein kinase-like protein</i>	1,98E-93	88,75%	5
SCJLLR1104C06.b	<i>protein</i>	1,32E-20	81,22%	6
SCJLLR1104G11.g	<i>farnesylated protein 1</i>	1,33E-20	90,38%	3
SCJLLR1107G08.g	<i>myb-like dna-binding shaqkyf class family protein</i>	1,16E-29	67,83%	3
SCJLLR1108E06.g	<i>beta carbonic anhydrase 5</i>	0	81,20%	4
SCJLLR2013D11.g	<i>sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein</i>	1,88E-164	72,95%	3
SCJLRT1006E03.g	<i>galactinol--sucrose galactosyltransferase 2</i>	0	81,40%	2
SCJLRT1013E08.g	<i>delta tonoplast intrinsic protein tip2 2</i>	2,13E-06	96,60%	5
SCJLRT1013H05.g	<i>phosphatase phospho1</i>	3,20E-17	83,65%	2
SCJLRT1014C12.g	<i>protein</i>	0	83,30%	3
SCJLRT1014G05.g	<i>tyrosine specific protein phosphatase family protein</i>	1,16E-58	92,90%	2
SCJLRT1016B01.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g039870 [Sorghum bicolor]</i>	1,85E-51	69,25%	1
SCJLRT1017F06.g	<i>ATFP4 [Zea mays]</i>	7,51E-19	79,13%	0
SCJLRT1018D01.g	<i>ring-h2 zinc finger protein</i>	7,60E-09	86,69%	2
SCJLRT1018E09.g	<i>protein</i>	6,20E-56	69,50%	3
SCJLRT1019F06.g	<i>fyve finger-containing phosphoinositide</i>	1,13E-115	93,60%	6
SCJLRT1020A06.g	<i>t-complex protein 11</i>	0	76,35%	0
SCJLRT1021D01.g	<i>avr9 cf-9 rapidly elicited protein</i>	1,92E-150	87,65%	4
SCJLRT1021D12.g	<i>chalcone synthase</i>	1,32E-29	97,40%	3
SCJLRT1022E05.g	<i>protein</i>	0	84,25%	2
SCJLRT1023B10.g	<i>cipk-like protein 1</i>	2,55E-20	82,65%	6
SCJLRT2051G08.g	<i>pdr-like abc transporter</i>	1,75E-116	89,10%	8
SCJLRT3080F09.g	<i>dopamine beta-</i>	5,14E-44	72,16%	2
SCJLRZ1019D02.g	<i>ethylene receptor</i>	0	78,60%	11
SCJLRZ1023H04.g	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 1</i>	0	85,05%	7
SCJLRZ1024A03.g	<i>cytochrome p450</i>	5,00E-94	81,80%	4
SCJLRZ1024A04.g	<i>lipxygenase-1</i>	0	90,32%	7
SCJLRZ1024D10.g	<i>atp binding</i>	2,96E-30	90,50%	3

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCJLRZ1027B10.g	<i>phytoene synthase</i>	1,45E-83	90,45%	3
SCJLRZ1024E12.g	<i>myb-like hth transcriptional regulator family protein</i>	4,89E-78	71,00%	3
SCJLRZ3076A04.b	<i>transmembrane expressed</i>	7,29E-158	88,15%	6
SCJLST1019D05.g	<i>swt13_orys ame: full=bidirectional sugar transporter sweet13</i>	4,70E-89	90,70%	2
SCJLST1020C08.g	<i>protein</i>	1,53E-141	93,15%	5
SCJLST1022A06.g	<i>zinc finger</i>	1,57E-78	75,95%	3
SCJLST1028G05.g	<i>cytochrome p450</i>	2,86E-95	64,40%	4
SCMCAM1101D04.b	<i>protein</i>	2,97E-10	70,95%	0
SCMCAM2081D02.g	<i>protein</i>	2,53E-141	83,25%	7
SCMCAM2081F05.g	<i>soluble inorganic pyrophosphatase</i>	8,97E-76	94,10%	6
SCMCCL6052E09.g	<i>spx domain-containing membrane protein</i>	1,94E-175	84,30%	2
SCMCCL6053G04.g	<i>protein</i>	2,91E-103	86,35%	0
SCMCCL6059C02.g	<i>protein binding</i>	2,50E-130	76,95%	0
SCMCCL6059G10.g	<i>aldehyde oxidase</i>	1,99E-91	82,00%	6
SCMCFL5009H03.g	<i>nadp-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	1,06E-11	93,35%	5
SCMCLR1032E12.g	<i>protein</i>	0	56,95%	8
SCMCLR1123D12.g	<i>sorbitol transporter</i>	2,51E-26	90,90%	4
SCMCRT2085A12.g	<i>protein binding</i>	0	83,65%	5
SCMCRT2085F06.g	<i>senescence-associated senescence-associated protein sag102</i>	5,76E-51	75,15%	0
SCMCRT2089G02.g	<i>uncharacterized protein</i>	4,75E-94	82,15%	5
SCMCRT2105D10.g	<i>cytochrome p450</i>	8,28E-167	86,20%	6
SCMCRT2105E09.g	<i>50s ribosomal protein l1</i>	5,32E-121	92,85%	8
SCMCRZ3065B05.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g011030 [Sorghum bicolor]</i>	4,75E-19	96,00%	0
SCMCRZ3066F06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g025450 [Sorghum bicolor]</i>	7,11E-20	68,08%	5
SCMCSB1112G10.g	<i>early-responsive to dehydration expressed</i>	0	82,50%	2
SCMCSD1063G06.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g029560 [Sorghum bicolor]</i>	1,66E-06	100,00%	0
SCMCST1050B05.g	<i>sialyltransferase-like protein</i>	4,33E-49	83,55%	4
SCMCST1053F09.g	<i>ca2+-transporting atpase</i>	0	87,40%	10

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCPRLB2030E07.g	<i>mitogen-activated protein kinase-like</i>	1,14E-26	86,95%	5
SCPIRT3024C09.g	<i>erd4 protein</i>	4,06E-106	87,90%	2
SCQGAM1045B11.g	<i>t-complex protein 11</i>	2,89E-130	77,50%	0
SCQGAM1048F02.g	<i>dead box atp-dependent rna</i>	0	88,15%	5
SCQGFL4072E09.g	<i>ninja-family protein afp3</i>	3,75E-74	73,10%	1
SCQGHR1011A04.g	<i>protein</i>	3,28E-144	81,95%	1
SCQGHR1012B09.g	<i>senescence-associated protein</i>	5,42E-40	85,41%	2
SCQGHR1013F03.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g007820 [Sorghum bicolor]</i>	3,94E-04	93,00%	5
SCQGLR1019B01.g	<i>immutans protein</i>	0	79,80%	13
SCQGLR1019B02.g	<i>sulfite reductase</i>	0	89,40%	14
SCQGLR1019C03.g	<i>splicing arginine serine-rich 4</i>	2,97E-34	95,75%	3
SCQGLR1019D05.g	<i>pgl homology to homo sapiens</i>	4,42E-64	80,60%	2
SCQGLR1041B09.g	<i>xanthine uracil permease family expressed</i>	2,64E-154	76,75%	3
SCQGLR1062E12.g	<i>glyoxalase i</i>	0	90,90%	2
SCQGLR1062G06.g	<i>ferredoxin-dependent glutamate synthase</i>	0	95,35%	7
SCQGLR1085F06.g	<i>aprl5 - zea mays adenosine 5 -phosphosulfate reductase-like</i>	4,38E-178	73,50%	2
SCQGLR1085F11.g	<i>dehydrin protein</i>	5,37E-04	65,00%	2
SCQGLR1086A02.g	<i>cytochrome p450 family expressed</i>	1,27E-80	87,25%	5
SCQGLR1086G11.g	<i>eukaryotic translation initiation factor</i>	6,94E-135	78,40%	1
SCQGLR1088A06.g	<i>zim motif family protein</i>	1,98E-26	87,89%	1
SCQGLR2010E11.g	<i>thylakoid-bound ascorbate peroxidase</i>	6,37E-121	93,65%	5
SCQGLR2025B12.g	<i>photosystem i reaction center subunit xi</i>	3,39E-29	81,95%	4
SCQGRT1040A02.g	<i>ripening regulated protein ddtfr18</i>	4,21E-137	79,95%	6
SCQGRZ3012B11.g	<i>fad nad -binding oxidoreductase family protein</i>	9,05E-20	78,38%	3
SCQGRZ3012G04.g	<i>protein</i>	9,04E-42	92,15%	2
SCQGSB1065D03.g	<i>chalcone synthase</i>	8,01E-17	98,65%	3
SCQGSB1082C10.g	<i>wound stress protein</i>	4,59E-100	81,20%	1
SCQGSD1046D01.g	<i>indole-3-acetic acid inducible 31</i>	2,90E-18	92,63%	10
SCQGST3125F02.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g041290 [Sorghum bicolor]</i>	1,06E-08	96,00%	0

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCQGST3126H11.g	<i>wound responsive protein</i>	7,64E-105	82,55%	3
SCQSAD1055F06.b	<i>c3h2c3 ring-finger protein</i>	7,43E-21	73,81%	2
SCQSAD1059A04.g	<i>burp domain-containing protein</i>	2,18E-28	84,50%	1
SCQSFL3037B03.b	<i>protein</i>	1,14E-27	84,80%	4
SCQSHR1020A07.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	71,75%	3
SCQSHR1020E07.g	<i>ninja-family protein afp3</i>	3,28E-64	88,60%	2
SCQSHR1021H11.g	<i>protein</i>	0	65,30%	1
SCQSLR1018D02.g	<i>fructose-bisphosphate chloroplast expressed</i>	7,09E-54	95,50%	4
SCQSLR1018D09.g	<i>serinc-domain containing serine and sphingolipid biosynthesis protein</i>	1,30E-134	83,85%	2
SCQSLR1018G03.g	<i>ferredoxin--nadp leaf isozyme</i>	7,29E-86	95,40%	16
SCQSLR1018H02.g	<i>cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit</i>	2,03E-38	94,90%	8
SCQSLR1089C08.g	<i>chloroplast-localized ptr -binding protein1</i>	3,41E-168	91,65%	13
SCQSLR1089D04.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g023170 [Sorghum bicolor]</i>	1,21E-04	77,00%	0
SCQSLR1089G05.g	<i>vacuolar atpase b subunit</i>	4,12E-28	98,70%	5
SCQSLR1089H10.g	<i>lipid binding protein</i>	1,26E-08	96,00%	2
SCQSLR1090G03.g	<i>aspartate aminotransferase</i>	0	93,20%	10
SCQSRT1034D07.g	<i>regulator of chromosome condensation repeat-containing protein</i>	0	74,60%	1
SCQSRT1034F02.g	<i>5 -adenylylsulfate reductase</i>	0	90,20%	10
SCQSRT1034F10.g	<i>drf-like transcription factor drfl2a</i>	1,05E-72	83,10%	4
SCQSRT2031H06.g	<i>late embryogenesis abundant group 3</i>	2,71E-14	84,25%	1
SCQSRT2036F03.g	<i>glycosyltransferase [Zea mays]</i>	2,46E-56	71,62%	1
SCQSRT2036G09.g	<i>protein</i>	8,36E-161	77,75%	0
SCQSRT3051C03.g	<i>purple acid phosphatase 1</i>	3,96E-32	79,15%	4
SCRFLB2071F05.g	<i>myb-like dna-binding shaqkyf class family protein</i>	3,63E-68	76,55%	3
SCRFFL1025D09.g	<i>protein</i>	2,18E-75	69,30%	1
SCRFFL8037E09.g	<i>atp-binding cassette</i>	5,37E-122	91,25%	5
SCRFHR1009A01.g	<i>salt gene product</i>	3,11E-32	60,25%	4
SCRFLB2060E04.g	<i>protein disulfide isomerase</i>	0	73,10%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCRFLR1034E11.g	<i>protein</i>	4,34E-12	96,40%	4
SCRFLR1055C06.g	<i>histone h3</i>	6,86E-48	99,25%	4
SCRFLR2034H12.g	<i>hypothetical protein LOC100275410 [Zea mays]</i>	2,66E-29	91,70%	0
SCRFLR2037F04.g	<i>protein</i>	2,67E-46	87,16%	4
SCRFLR2038H01.g	<i>polyphosphoinositide binding protein ssh1p</i>	0	88,75%	0
SCRFRZ3057F05.g	<i>low temprature induced-like protein</i>	1,84E-32	96,70%	2
SCRFRZ3056G09.g	<i>nitrate reductase</i>	2,88E-178	94,05%	7
SCRFSB1023C01.g	<i>mcb2 protein</i>	4,58E-37	61,70%	3
SCRFSB1024D09.g	<i>protein</i>	3,85E-39	81,60%	3
SCRFSB1021D10.g	<i>uncharacterized protein</i>	4,12E-81	75,53%	1
SCRFSB2021B04.g	<i>ferric reductase-like transmembrane component</i>	1,61E-07	79,20%	6
SCRFSB2022A05.g	<i>hypothetical protein [Oryza sativa Japonica Group]</i>	7,85E-11	94,20%	1
SCRFLR1100A02.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,73E-116	77,95%	0
SCRFLR1102H05.g	<i>transparent testa 12 protein</i>	4,20E-86	91,25%	4
SCRFLR1008D09.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	3,22E-08	73,25%	0
SCRFLR1008F10.g	<i>oligopeptide transporter opt family</i>	0	91,85%	2
SCRFLR6031A08.g	<i>hypothetical protein OsI_17312 [Oryza sativa Indica Group]</i>	1,25E-13	95,00%	0
SCRFLR6031A11.g	<i>iron-phytosiderophore transporter protein yellow stripe 1</i>	0	87,50%	4
SCRFLR6032D07.g	<i>protein</i>	2,80E-14	84,73%	0
SCRFLR1011A02.g	<i>at3g03310 t21p5_27</i>	8,37E-45	79,80%	3
SCRLLB2031B04.b	<i>n-rich protein</i>	4,28E-36	95,45%	1
SCRLLR1038A06.g	<i>3-hydroxy-3-methylglutaryl- reductase</i>	6,97E-129	96,20%	10
SCRLLR1038B09.g	<i>heat-shock protein 70t-2</i>	0	78,90%	8
SCRLLRZ3114A01.g	<i>nodulin-like protein</i>	1,32E-128	81,60%	1
SCRLLRZ3116C08.g	<i>nitrate reductase (nad h)</i>	3,56E-77	86,15%	8
SCRLLSD1009B11.b	<i>chitinase</i>	2,52E-18	81,75%	5
SCRLLST3163C02.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>	2,45E-15	78,70%	4
SCRUAD1132B06.b	<i>cbl-interacting protein kinase</i>	1,01E-17	56,44%	1
SCRUAD1133B06.b	<i>protein</i>	3,16E-40	74,16%	2

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCRUFL1016B05.g	<i>protein</i>	1,45E-40	87,60%	6
SCRUFL1021F10.b	<i>polyubiquitin-like protein</i>	6,76E-30	100,00%	2
SCRUFL1113F08.b	<i>soluble starch synthase iii-1</i>	0	88,70%	4
SCRUFL1114H03.b	<i>protein serine threonine kinase</i>	8,26E-63	58,81%	5
SCRUFL1118D02.b	<i>unknown [Zea mays]</i>	7,62E-16	66,00%	0
SCRUFL3066D03.g	<i>udp-glucose -dehydratase</i>	1,91E-19	84,20%	14
SCRUFL4021H01.g	<i>nadh-dependent glutamate synthase</i>	3,71E-79	91,25%	11
SCRUHR1077G03.g	<i>one helix protein 2</i>	3,47E-55	94,10%	2
SCRULB1059D10.g	<i>hypothetical protein LOC100277316 [Zea mays]</i>	1,84E-38	72,17%	0
SCRULB1059D12.g	<i>glucan endo- -beta-glucosidase</i>	3,29E-30	88,85%	4
SCRULB1059G06.g	<i>protein</i>	4,72E-38	92,60%	3
SCRULB1060F08.g	<i>detoxifying efflux carrier 35</i>	1,27E-47	85,75%	5
SCRULR1020D09.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase</i>	2,54E-154	95,85%	5
SCRURT2009D04.g	<i>protein</i>	2,49E-156	84,40%	5
SCRUSB1062D04.g	<i>f-box family expressed</i>	1,15E-12	88,40%	0
SCRUSB1064E09.g	<i>cysteine protease</i>	2,51E-72	95,40%	4
SCSBAD1054C02.g	<i>bzip transcription factor1</i>	4,52E-14	76,67%	5
SCSBAD1126E03.g	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	2,33E-104	85,45%	3
SCSBAD1129E12.g	<i>btb poz domain-containing protein</i>	3,10E-27	80,00%	2
SCSBAM1085B06.g	<i>plastid omega-3 fatty acid desaturase</i>	1,54E-130	91,65%	5
SCSBAM1088B05.g	<i>agamous-like mads box protein expressed</i>	1,92E-53	91,00%	4
SCSBFL1035G07.g	<i>uncharacterized protein</i>	0	82,15%	2
SCSBFL1039A09.g	<i>erythronate-4-phosphate dehydrogenase family protein</i>	1,49E-31	81,15%	3
SCSBFL1039F08.g	<i>yz1</i>	9,12E-72	80,20%	1
SCSBFL4010B11.g	<i>nia7_horvu ame: full=nitrate reductase</i>	3,98E-31	85,50%	7
SCSBFL5016F07.g	<i>lactoylglutathione lyase</i>	1,64E-13	97,60%	1
SCSBHR1050B11.g	<i>protein</i>	4,82E-47	78,05%	0
SCSBHR1050F02.g	<i>carbonic anhydrase</i>	1,16E-76	92,80%	4

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCSBHR1051A10.g	<i>tonoplast intrinsic protein</i>	1,54E-135	88,55%	4
SCSBHR1051A12.g	<i>burp domain-containing protein</i>	1,82E-14	94,86%	0
SCSBRZ3118B10.g	<i>transmembrane amino acid transporter-like protein</i>	1,95E-120	83,25%	4
SCSBRZ3122H10.g	<i>mannose-binding lectin-like protein</i>	0	73,85%	1
SCSBSB1054C08.g	<i>loricrin-like protein</i>	3,16E-56	88,45%	1
SCSBSB1057D05.g	<i>plastidic alpha -glucan phosphorylase</i>	2,17E-123	96,95%	6
SCSBSB1096D03.g	<i>fructose-bisphosphate chloroplast expressed</i>	1,73E-101	95,05%	4
SCSBSD1030A01.g	<i>lactoylglutathione lyase</i>	5,40E-27	74,60%	2
SCSBSD1030E08.g	<i>atpase 3</i>	2,27E-16	93,80%	5
SCSBSD1033C07.g	<i>carbonic anhydrase</i>	1,10E-130	90,15%	4
SCSBSD2058F06.g	<i>proline dehydrogenase</i>	5,51E-21	85,00%	8
SCSBST3098G08.g	<i>annexin p35</i>	0	86,80%	2
SCSBST3098G09.g	<i>unknown [Zea mays]</i>	4,80E-10	91,75%	0
SCSFAD1106D04.g	<i>arm repeat-containing protein</i>	7,36E-70	87,95%	2
SCSFAD1108H04.g	<i>tobamovirus multiplication protein expressed</i>	8,30E-140	96,00%	4
SCSFAD1123E06.g	<i>hypothetical protein LOC100278991 [Zea mays]</i>	3,20E-11	66,00%	0
SCSFAD1124E07.g	<i>hypothetical protein LOC100501511 [Zea mays]</i>	3,18E-15	60,50%	3
SCSFAD1125B02.g	<i>rossmann-fold nad -binding domain-containing protein</i>	1,52E-106	82,50%	5
SCSFAD1125B08.g	<i>ring-h2 zinc finger protein</i>	2,07E-57	61,35%	8
SCSFAD1125H09.g	<i>yellow stripe-like transporter 14a</i>	9,24E-98	94,10%	2
SCSFAM1076F04.g	<i>potassium transporter</i>	3,61E-142	83,85%	3
SCSFFL4082E10.g	<i>nnja4_maize ame: full=ninja-family protein 4</i>	6,33E-95	76,60%	1
SCSFFL4085D03.g	<i>g-box binding factor 1</i>	9,27E-61	73,35%	5
SCSFRT2071E08.g	<i>hypothetical protein LOC100280024 [Zea mays]</i>	2,06E-08	57,00%	2
SCSFRT2071G08.g	<i>leucine-rich receptor-like protein kinase</i>	1,99E-119	76,95%	9
SCSFBS1071G03.g	<i>diacylglycerol kinase 2</i>	1,84E-87	87,85%	9
SCSFBS1106D12.g	<i>act domain-containing protein</i>	4,74E-136	77,60%	13
SCSFSD2065E02.g	<i>uncharacterized protein</i>	9,47E-32	75,40%	3
SCSFST1064E05.g	<i>monooxygenase oxidoreductase</i>	1,11E-116	79,95%	5

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCSFST3078F06.g	<i>ethylene-responsive protein</i>	1,22E-53	56,74%	1
SCSGAD1006H08.g	<i>leucine rich repeat family expressed</i>	0	82,75%	7
SCSGAD1007F07.b	<i>protein</i>	5,95E-23	92,47%	3
SCSGAD1143H04.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g020800 [Sorghum bicolor]</i>	3,43E-164	82,50%	2
SCSGAM1094F07.g	<i>uncharacterized protein</i>	3,11E-170	71,20%	1
SCSGCL6070B03.g	<i>l-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase</i>	6,59E-104	85,40%	5
SCSGFL1080H10.g	<i>cytochrome p450</i>	1,28E-104	73,40%	7
SCSGFL4118F10.g	<i>transposon unclassified</i>	8,98E-60	67,80%	5
SCSGFL4196D07.b	<i>phytoene synthase</i>	1,15E-105	96,60%	3
SCSGHR1068D08.g	<i>auxin:hydrogen symporter transporter</i>	4,16E-22	98,40%	14
SCSGHR1069F04.b	<i>protein</i>	2,77E-39	83,70%	4
SCSGHR1070B01.g	<i>stress responsive protein</i>	1,37E-68	92,75%	0
SCSGLR1045D05.g	<i>hva22e</i>	8,39E-78	88,15%	9
SCSGLR1045E03.g	<i>protein</i>	1,20E-29	76,95%	2
SCSGLR1084B06.g	<i>mpk7_orysj ame: full=mitogen-activated protein kinase 7</i>	0	82,65%	4
SCSGLV1011B10.b	<i>seed maturation protein expressed</i>	1,83E-38	82,55%	1
SCSGRT2061D01.g	<i>vesicle-associated membrane</i>	0	72,30%	1
SCSGRT2061G06.g	<i>methionine s-methyltransferase</i>	6,03E-177	88,50%	6
SCSGRT2061H04.g	<i>protein</i>	4,81E-59	62,11%	1
SCSGRT2064G11.g	<i>mitogen-activated protein kinase</i>	0	85,40%	5
SCSGSB1009D11.g	<i>hypothetical protein [Zea mays]</i>	3,91E-04	100,00%	0
SCSGST3119C04.b	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>	1,13E-18	92,55%	3
SCSGST3121D12.b	<i>bri1-kd interacting protein 128</i>	2,95E-11	94,20%	0
SCUTAD1031F12.g	<i>protein</i>	0	86,95%	0
SCUTAM2005A04.g	<i>protein</i>	0	69,90%	6
SCUTAM2009E01.g	<i>abscisic stress ripening</i>	1,40E-16	97,20%	1
SCUTAM2009H10.g	<i>jacalin-like lectin domain containing expressed</i>	3,63E-78	70,40%	1

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCUTAM2088C05.g	<i>senescence-associated expressed</i>	6,64E-87	79,80%	6
SCUTLR1037A05.g	<i>ap2 domain-containing protein</i>	2,06E-07	90,00%	3
SCUTLR1058B02.g	<i>s-adenosylmethionine synthetase 1</i>	0	96,80%	7
SCUTLR1058C02.g	<i>vtc2-like protein</i>	0	83,30%	0
SCUTLR1058E01.g	<i>ap2 domain-containing protein</i>	1,14E-103	74,80%	4
SCUTLR2008B06.g	<i>photosystem i reaction center subunit psak</i>	3,08E-07	91,00%	2
SCUTLR2008C12.g	<i>uncharacterized protein</i>	3,19E-98	79,20%	2
SCUTLR2008H04.g	<i>histone h3</i>	1,06E-34	97,90%	4
SCUTLR2015A11.g	<i>cold acclimation protein cor413-pm1</i>	2,09E-73	91,20%	1
SCUTLR2023B03.g	<i>allantoate amidohydrolase</i>	0	82,35%	7
SCUTLR2023H05.g	<i>r40g2 protein</i>	3,13E-120	86,00%	0
SCUTRZ2024A07.g	<i>endosomal targeting bro1-like domain-containing protein</i>	5,23E-73	89,20%	1
SCUTRZ2024C09.g	<i>protein</i>	1,74E-28	88,00%	1
SCUTRZ3069A01.g	<i>loricrin-like protein</i>	7,52E-162	80,20%	1
SCUTRZ3069H03.g	<i>protein</i>	5,61E-27	68,85%	8
SCUTRZ3071E05.g	<i>and hydrolase domain-containing protein</i>	6,30E-100	86,20%	3
SCUTRZ3071H01.g	<i>dead-box atp-dependent rna helicase 3</i>	0	92,10%	9
SCUTSB1031C06.g	<i>translation initiation factor eif-2 beta subunit</i>	1,26E-08	68,30%	2
SCUTSB1075E07.g	<i>aldehyde oxidase</i>	3,27E-91	85,70%	6
SCUTSB1076F05.g	<i>protein</i>	1,39E-157	66,40%	1
SCUTSD1024B11.g	<i>phosphate phosphoenolpyruvate translocator precursor</i>	3,02E-123	92,30%	4
SCUTSD1028G04.b	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g026840 [Sorghum bicolor]</i>	1,31E-04	69,00%	0
SCUTSD1028G04.g	<i>alpha beta fold family protein</i>	1,15E-42	72,70%	1
SCUTSD2028F03.g	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>	7,29E-26	95,85%	5
SCUTST3086G11.g	<i>light-harvesting complex ii protein lhcb2</i>	2,18E-55	97,90%	3
SCUTST3087E03.g	<i>r1myb1 protein</i>	1,15E-55	67,50%	3
SCVPAM2063A02.g	<i>glucose-6-phosphate phosphate translocator 2</i>	1,88E-45	95,90%	11
SCVPAM2068G07.g	<i>at3g03310 t21p5_27</i>	8,27E-29	83,10%	3
SCVPCL6040H01.g	<i>11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like</i>	6,62E-77	77,05%	6

SAS ID	Descrição da sequência (GO-term)	P-Valor	Similaridade	#GOs
SCVPCL6041D12.g	<i>protein</i>	3,16E-158	76,60%	3
SCVPCL6046A06.g	<i>seed maturation protein pm41</i>	8,08E-18	84,00%	0
SCVPFL1133H05.g	<i>beta- gba2 type family protein</i>	4,08E-113	87,30%	3
SCVPFL3046C06.b	<i>protein</i>	8,47E-95	86,85%	4
SCVPFL4C11E07.g	<i>uncharacterized protein</i>	1,60E-92	86,00%	6
SCVPLB1017G09.g	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 1</i>	2,66E-84	85,35%	7
SCVPLB1019G01.g	<i>udp-d-glucose udp-d-galactose 4-epimerase 2</i>	6,28E-112	76,75%	6
SCVPLB1020F12.g	<i>60s ribosomal protein l18a</i>	3,11E-77	80,35%	2
SCVPLR1028G03.g	<i>carboxy-lyase [Zea mays]</i>	2,38E-11	81,43%	1
SCVPLR2012C10.g	<i>protein</i>	3,23E-105	99,25%	6
SCVPLR2012D09.g	<i>r40c1 protein - rice</i>	1,51E-71	95,40%	0
SCVPLR2027F02.g	<i>ap2-domain dre binding factor dbf1</i>	6,63E-44	77,94%	3
SCVPRT2073F12.g	<i>atp-dependent clp protease atp-binding subunit precursor</i>	0	92,50%	6
SCVPRT2075C09.g	<i>cytosolic orthophosphate dikinase</i>	0	97,05%	7
SCVPRT2079E03.g	<i>peptidase s41 family protein</i>	1,31E-105	89,50%	4
SCVPRT2080G12.g	<i>aspartyl protease family protein</i>	3,24E-86	74,55%	4
SCVPRZ2036G11.g	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>	2,30E-15	89,92%	4
SCVPRZ2038C12.g	<i>polyubiquitin</i>	2,22E-112	99,90%	9
SCVPRZ2039D11.g	<i>abscisic acid insensitivity 1b</i>	1,65E-123	93,60%	5
SCVPRZ2040A12.g	<i>glycine-rich protein</i>	4,34E-38	67,63%	0
SCVPRZ2041F03.g	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g019550 [Sorghum bicolor]</i>	8,79E-29	61,67%	0
SCVPRZ3028D10.g	<i>otu-like cysteine protease-like</i>	5,47E-170	83,45%	1
SCVPST1060B03.g	<i>rwp-rk domain containing expressed</i>	2,88E-108	81,80%	1