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

**Caracterização do proteoma de entrenós maduros e imaturos de
cana-de-açúcar durante o estágio de maturação**

Larissa Prado da Cruz

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

**Piracicaba
2012**

Larissa Prado da Cruz
Bacharel em Biotecnologia

Caracterização do proteoma de entrenós maduros e imaturos de cana-de-açúcar durante o estágio de maturação

Versão revisada de acordo com a resolução CoPGr6018 de 2011

Orientador
Prof. Dr. **CARLOS ALBERTO LABATE**

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

**Piracicaba
2012**

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

Cruz, Larissa Prado da
Caracterização do proteoma de entrenós maduros e imaturos de cana-de-açúcar durante o estágio de maturação / Larissa Prado da Cruz. -- versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 5890 de 2010. -- Piracicaba, 2012.
199 p. il.

Dissertação (Mestrado) -- Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2012

1. Cana-de-açúcar 2. Genótipos 3. Maturação vegetal 4. Proteínas 5. Sacarose - Acumulação I. Título

CDD 633.61
C957c

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

*Aos meus pais,
Mário e Antonia,
pelo amor incondicional,
apoio infindável e
estímulos inesgotáveis*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Carlos Alberto Labate pela oportunidade, confiança, orientação e apoio durante todo o trabalho...

À Prof^a. Dr^a. Monalisa Sampaio Carneiro pela orientação e ajuda desde a graduação...

À Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela bolsa concedida...

Ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da UFSCar por ceder o espaço para a instalação do experimento, em especial ao funcionário Edson Doniseti Galo pela atenção e cuidado dedicados às minhas plantas quando eu não podia acompanhá-las de perto...

Aos reforços ararenses Vanessa Luz Severino, por todo o auxílio à distância na procura/conserto/manipulação dos equipamentos que deram tanto trabalho, e André Henrique Pereira pela inestimável ajuda, eficiência e companhia na coleta do experimento no dia mais frio, sofrido e sujo do ano; e ao reforço piracicabano João Paulo Lopes de Moraes por todo o carinho, compreensão e confiança de que tudo sempre daria certo quando eu mais precisava de uma injeção de ânimo...

Aos colegas do laboratório Ana Paula, Andressa, Camila, Carol, Carolzinha, Danielle, David, Fabrício, Felipe, Felipinho, Fernanda, Gabriela, Hana, Ilara, Ivan, Janaína, Julia, Juliana, Leonardo, Mariana, Mônica, Pedro, Simone, Sônia e Thiago...

Às Repúblicas Atentado e Essakna pelo acolhimento, apoio, risadas, conversas, almoços e jantas, bagunça, reuniões, companheirismo, festas, fofocas, choros, brincadeiras, paciência e estímulo, por toda a ajuda, pela amizade incondicional e eterna...

... meus mais sinceros “*Obrigado!*”

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
LISTA DE FIGURAS	15
LISTA DE TABELAS	19
1 INTRODUÇÃO	21
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	25
2.1 A cana-de-açúcar.....	25
2.1.1 Importância econômica.....	26
2.2 Fisiologia da maturação da cana-de-açúcar	27
2.2.1 Influência do ambiente na maturação	30
2.3 Produção e acúmulo de sacarose.....	32
2.3.1 Tecido fonte	33
2.3.2 Translocação pela planta.....	36
2.3.3 Tecido dreno.....	38
2.3.4 Regulação.....	42
2.4 Proteômica.....	48
2.4.1 Proteômica <i>shotgun</i>	50
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	55
3.1 Seleção do material vegetal.....	55
3.1.1 Variedades.....	55
3.1.2 Entrenós maduro e imaturo	55
3.2 Local do experimento e condições ambientais	56
3.3 Plantio e instalação do experimento	56
3.4 Delineamento experimental e análises estatísticas	57
3.5 Análises fisiológicas.....	57
3.5.1 Altura da planta.....	58

3.5.2	Diâmetro do colmo	58
3.5.3	Área foliar.....	58
3.5.4	Massa seca e umidade dos entrenós.....	58
3.5.5	Trocas gasosas.....	58
3.5.6	Potencial hídrico da planta	58
3.5.7	Umidade do solo	59
3.5.8	Índice de maturação.....	59
3.6	Coleta do material vegetal.....	59
3.7	Análise bioquímica	60
3.7.1	Conteúdo de carboidratos	60
3.8	Análises moleculares	62
3.8.1	Amostragem do material	62
3.8.2	Extração de proteínas de colmo	62
3.8.3	Quantificação de proteínas	63
3.8.4	Avaliação da extração.....	63
3.8.5	Análise bidimensional	64
3.8.6	Preparo de amostra para análise por espectrometria de massa.....	65
3.8.7	LC-MS/MS	67
3.8.8	Análise dos espectros de massas e identificação das proteínas	67
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	69
4.1	Seleção do material vegetal	69
4.1.1	Seleção de variedades segregantes.....	69
4.1.2	Classificação dos entrenós	71
4.2	Desenvolvimento do experimento	75
4.3	Análises fisiológicas	75
4.3.1	Altura da planta, diâmetro do colmo, área foliar e umidade de entrenó.....	76
4.3.2	Trocas gasosas.....	78

4.3.3	Potencial hídrico foliar e umidade do solo	80
4.3.4	Índice de maturação	80
4.4	Análise do conteúdo de açúcares solúveis	82
4.4.1	Conteúdo de carboidrato	83
4.5	Análises do proteoma	85
4.5.1	Formação dos <i>bulks</i>	85
4.5.2	Extração proteica total do colmo.....	85
4.5.3	Análise unidimensional	87
4.5.4	Análise por géis bidimensionais.....	88
4.5.5	Quantificação por espectrometria de massas.....	92
4.5.6	Caracterização dos proteomas	93
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS	119
	REFERÊNCIAS	121
	ANEXOS	133

RESUMO

Caracterização do proteoma de entrenós maduros e imaturos de cana-de-açúcar durante o estágio de maturação

Grandes esforços dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar são dedicados ao desenvolvimento de novas variedades com maior rendimento e conteúdo de sacarose. As etapas do metabolismo da sacarose têm sido foco de pesquisas há muito tempo, porém apenas recentemente têm-se buscado compreender os processos de transporte e acúmulo da sacarose no colmo da cana-de-açúcar. O objetivo deste trabalho é a caracterização do proteoma de entrenós maduros (entrenó 9) e imaturos (entrenó 5) de dois genótipos de cana-de-açúcar (Co 740 e SP 80-3280), ambos com 12 meses de idade, visando à identificação de proteínas relacionadas aos processos de transporte e acúmulo de sacarose. A altura, diâmetro do colmo, área foliar, umidade dos entrenós, trocas gasosas, potencial hídrico da planta e índice de maturação foram obtidos no momento da coleta do material vegetal. A quantificação dos açúcares glicose, frutose e sacarose foi realizada por cromatografia líquida e não mostrou a existência de diferenças no acúmulo desses carboidratos entre as duas variedades. Porém observamos diferenças entre os entrenós maduros e imaturos, indicando que o entrenó considerado imaturo encontra-se em estágio de pleno acúmulo de sacarose. O perfil de expressão proteica, gerado por 2D-PAGE, mostrou 87 e 85 proteínas diferencialmente expressas nos entrenós 5 e 9, respectivamente. Nos entrenós imaturos 12 proteínas foram identificadas como preferencialmente expressas em cada variedade e nos entrenós maduros 11 e 16 proteínas foram identificadas como preferencialmente expressas em Co 740 e SP 80-3280, respectivamente. As proteínas totais dos dois entrenós das duas variedades foram separadas e identificadas via UPLC acoplado a espectrômetro de massas LC-MS/MS com auxílio da base de dados do SUCEST. A caracterização do proteoma dos entrenós foi complementada pela avaliação da localização celular, função molecular e processo biológico a que pertencem todas as proteínas identificadas. Ao todo, foram identificadas 1.493 proteínas localizadas em 19 componentes celulares, com 20 funções metabólicas diferentes, atuantes em 24 processos biológicos e integrantes de 84 vias metabólicas. Deste total, 71 foram classificadas como participantes do metabolismo de carboidratos e encontram-se distribuídas em 21 vias metabólicas, segundo a base de dados KEGG.

Palavras-chave: Acúmulo de sacarose; Proteômica; *Saccharum* spp

ABSTRACT

Characterization of the proteome of mature and immature internodes from sugarcane during maturation phase of development

Great efforts have been put into sugarcane breeding programs in order to develop new varieties with increased sucrose yield and content. The steps of sucrose metabolism have been focus of research for a long time, but only recently have researchers sought to understand the processes of transport and accumulation of sucrose in sugarcane stem. The objective of this study is characterize the proteome of mature (internode 9) and immature (internode 5) internodes in two genotypes of sugarcane (Co 740 and SP 80-3280), both 12 months old, focusing on the identification of proteins related to the processes of transport and accumulation of sucrose. The height, stem diameter, leaf area, internode moisture, gas exchange, plant water potential and maturation index were all recorded at the time the plant material was collected. The quantification of sugars glucose, fructose and sucrose was performed by liquid chromatography and showed no difference in carbohydrates accumulation between the two varieties. Nevertheless, we observed differences between the mature and immature internodes, indicating that the internode considered immature was actively accumulating sucrose. The protein profile, produced by 2D-PAGE, showed 87 and 85 differentially expressed proteins in internodes 5 and 9, respectively. In immature internodes 12 proteins were identified as being preferentially expressed in each of the varieties and in the mature internodes 11 and 16 proteins were identified as preferentially expressed in Co 740 and SP 80-3280, respectively. Total proteins of the two internodes of two varieties were separated and identified by UPLC coupled to a mass spectrometer LC-MS/MS using the SUCEST database. The characterization of the internodes proteome was further complemented by evaluating cellular localization, function and molecular biological processes to which all identified proteins belong. Altogether, 1,493 proteins were identified, located in 19 cellular components, with 20 different metabolic functions, operating in 24 biological processes and involving 84 metabolic pathways. Of this total, 71 have been classified as being involved in carbohydrate metabolism and are distributed in 21 metabolic pathways, according to the KEGG database.

Key words: Proteomic; *Saccharum* spp; Sucrose accumulation

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Estádios fenológicos da cana-de-açúcar (GASCHO; SHIH, 1983)	27
Figura 2 – Esquema da produção de sacarose no citosol das células foliares de cana-de-açúcar (adaptado de HELDT, 2005).....	35
Figura 3 – Representação esquemática do ciclo da sacarose e das hexoses no tecido parenquimatoso. T1: transportador de hexose do tipo próton-simporte; T2: ATPase.....	41
Figura 4 - A: identificação de entrenós por meio de contagem meristemática; B: identificação de entrenós por meio de contagem foliar	56
Figura 5 – Disposição do experimento em campo	57
Figura 6 – Aspecto das plantas na data da coleta.....	60
Figura 7 – Entrenós 5 e 9 identificados pelas contagens foliar e meristemática obtidos de planta da variedade SP 80-3280 com 11 meses	72
Figura 8 – SDS-PAGE (12,5%) corado com <i>coomassie brilliant blue</i> para avaliação da extração e confirmação da quantificação de proteínas totais de entrenó de cana-de-açúcar	74
Figura 9 - Percentual de umidade obtidos para os entrenós 5 e 9 das duas variedades, valores correspondentes à média de 18 plantas. Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)	78
Figura 10 – Dendograma das plantas coletadas das variedades Co 740 e SP 80-3280. As plantas selecionadas para a formação dos <i>bulks</i> estão destacadas pelos círculos vermelhos. Na identificação das plantas o número antes do ponto diz respeito ao bloco a que ela pertence e o número após o ponto a sua identificação no vaso	86
Figura 11 – SDS-PAGE (12,5%) corado com <i>coomassie brilliant blue</i> para avaliação de extração e confirmação de quantificação de proteínas de entrenó de cana-de-açúcar	88
Figura 12 – Géis bidimensionais ilustrando proteínas de colmo de cana-de-açúcar na faixa de pH de 4-7 e corados com <i>coomassie brilliant blue</i>	89
Figura 13 – Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com <i>coomassie brilliant blue</i> , das proteínas totais de entrenós 5 de	

- cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são diferencialmente expressos entre as duas variedades com maior nível de expressão na variedade correspondente ao gel onde estão destacados 90
- Figura 14 - Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 5 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são preferencialmente expressos em cada uma das duas variedades 90
- Figura 15 - Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 9 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são diferencialmente expressos entre as duas variedades com maior nível de expressão na variedade correspondente ao gel onde estão destacados 91
- Figura 16 - Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 9 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são preferencialmente expressos em cada uma das duas variedades 91
- Figura 17 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 5 da variedade Co 740. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico 105
- Figura 18 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 9 da variedade Co 740. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico 106
- Figura 19 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 5 da variedade SP 80-3280. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico 107
- Figura 20 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 9 da variedade SP 80-3280. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico 108

Figura 21 – Rota da fixação de carbono em organismos fotossintéticos. As proteínas que foram identificadas em pelo menos um dos <i>bulks</i> estão destacadas em azul	112
Figura 22 - Rota da glicólise/gliconeogênese. As proteínas que foram identificadas em pelo menos um dos <i>bulks</i> estão destacadas em azul	113
Figura 23 - Rota do metabolismo de sacarose e amido. As proteínas que foram identificadas em pelo menos um dos <i>bulks</i> estão destacadas em azul.	114

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Índice de maturação da cana-de-açúcar baseado na relação dos valores do Brix do ápice e da base do colmo (DEUBER, 1988).....	60
Tabela 2 - Concentração de açúcares (mg/g M.S.) do entrenó 9 meristemático de sete variedades de cana-de-açúcar com 9 meses de idade	69
Tabela 3 – Massa úmida (g), massa seca (g) e porcentagem de umidade obtidas para os entrenós 5 e 9 identificados pelas contagens meristemática e foliar	73
Tabela 4 – Quantidade de proteína obtida com a extração (mg) e rendimento em massa úmida (mg proteína/g M.U.) e em massa seca (mg proteína/g M.S.) para os entrenós 5 e 9 identificados pelas contagens meristemática e foliar	73
Tabela 5 – Análise de variância para a altura (m) das plantas com 12 meses.....	76
Tabela 6 – Análise de variância para o diâmetro de colmo (mm) das plantas com 12 meses.....	77
Tabela 7 – Análise de variância para a área foliar (cm ²) das plantas com 12 meses	77
Tabela 8 – Valores de transpiração foliar, condutância estomática e fotossíntese líquida $\pm$ DVPAD obtidas na data da coleta do experimento	79
Tabela 9 – Análise de variância para transpiração (mmol m ⁻² s ⁻¹) em plantas de 12 meses.....	79
Tabela 10 – Análise de variância para condutância estomática (mol m ⁻² s ⁻¹) em plantas de 12 meses	79
Tabela 11 – Análise de variância para taxa de fotossíntese (μ mol m ⁻² s ⁻¹) em plantas de 12 meses	79
Tabela 12 – Análise de variância para o potencial hídrico foliar (bar) das duas variedades e nos dois horários (5:30h e 13:00h) de leitura.....	80
Tabela 13 – Análise de variância para a umidade do solo (%) em todos os vasos nos dois horários de medição (5:30h e 13:00h)	81
Tabela 14 – Análise de variância para o índice de maturação das duas variedades para plantas com 12 meses.	82

Tabela 15 - Concentração de carboidratos (mg/g massa seca) $\pm$ DV PAD dos entrenós 5 e 9 foliares das duas variedades com idade de 12 meses	83
Tabela 16 – Quantidade de proteína obtida com a extração (mg) e rendimento em massa úmida (mg proteína/g M.U.) e em massa seca (mg proteína/g M.S.) para os entrenós 5 e 9 de plantas com 12 meses (análise em <i>bulk</i>).....	86
Tabela 17 – Porcentagem de peptídeos quantificados em relação à quantidade identificada em espectrômetro de massas e quantidade de peptídeos obtido com a extração (mg) para os entrenós 5 e 9 de plantas com 12 meses (análise em <i>bulk</i>).....	92
Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos	94
Tabela 19 – Volume dos <i>spots</i> identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 5 das variedades SP 80-3280 e Co 740.....	135
Tabela 20 – Volume dos <i>spots</i> identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 9 das variedades SP 80-3280 e Co 740.....	138
Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280.....	141

1 INTRODUÇÃO

A segurança energética é um dos principais desafios deste século. O Brasil tem muito a contribuir, pois possui uma matriz energética com 45,4% de fontes renováveis num mundo que só utiliza 13%, fazendo com que o país possua uma posição de destaque no cenário mundial. Sua forte estratégia em agroenergia representa mais da metade dessa fonte renovável, sendo que 39% de toda a energia renovável utilizada provém de produtos obtidos da produção de cana-de-açúcar (EPE, 2011). Um dos principais ícones de sucesso da aplicação da agroenergia no Brasil foi o programa Proálcool, lançado em 1975, que prestou uma grande contribuição ao desenvolvimento tecnológico do setor sucroalcooleiro. Atualmente, a cana-de-açúcar e seus derivados, principalmente o etanol que representa uma importante fonte renovável de biocombustível, são a segunda principal fonte de energia primária da matriz energética nacional (17,7%) e seu consumo já é superior ao da gasolina (EPE, 2011), podendo inclusive se transformar em uma *commodity* global, além de importante fonte de energia (MENOSSEI *et al.*, 2007).

Sua importância justifica o desenvolvimento de programas de melhoramento genético para essa cultura visando o desenvolvimento de variedades com características agrônomicas e de produção interessantes e rentáveis para o mercado. Desta forma, grande parte dos esforços desses programas tem sido direcionada ao aumento do rendimento e do conteúdo de sacarose em novas variedades. Porém pouco se sabe sobre características fenológicas e genéticas determinantes que podem limitar o acúmulo de açúcar e a sua concentração final. Nessas variedades melhoradas a especialização fisiológica da cana-de-açúcar para o acúmulo de sacarose a torna um sistema experimental atrativo para o estudo dos mecanismos moleculares subjacentes a este processo.

O melhoramento convencional vem contribuindo para o aumento da produção de sacarose por unidade de área de cana-de-açúcar plantada. Entretanto, mesmo amplamente utilizados, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar espalhados por todo o mundo estão muito abaixo das taxas de incremento de produção alcançados pelas grandes culturas, tais como milho,

arroz e trigo (GROF *et al.*, 2007). Essa estagnação no incremento da produtividade se deve ao fato dos programas de melhoramento genético terem maximizado o teor de açúcares no colmo da cana-de-açúcar (GROF; CAMPBELL, 2001). A principal razão vinculada a este problema é a alta frequência de cruzamento entre as espécies de *Saccharum* disponíveis nos bancos de germoplasma (JACKSON, 2005). O desafio do momento é o de aumentar o potencial da cana-de-açúcar em acumular açúcares no colmo sem que haja perda de características favoráveis, tais como tolerância ao estresse hídrico, resistência a pragas e doenças e adaptação aos mais diferentes ambientes edafoclimáticos (JACKSON, 2005; WU; BIRCH, 2007).

O desenvolvimento da engenharia genética permitiu a obtenção de plantas transgênicas a partir da inserção de um gene exógeno de interesse em uma variedade comercial, conferindo-lhe especificamente a característica desejada sem que a forma de expressão das demais características fosse alterada. Dentre as primeiras etapas para o desenvolvimento de transgênicos está o entendimento das vias de produção e regulação de uma determinada característica desejável. Para tal finalidade, estudos de genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica são imprescindíveis.

A possibilidade de caracterização dos genomas dos organismos contribuiu para o estabelecimento de importantes avanços da ciência na última década. Entretanto, os dados gerados por sequenciamento, embora relevantes, são limitados, sendo imprescindível a integração com estudos complementares como o de processos de transcrição e de seus produtos. A proteômica não consiste apenas na listagem de proteínas. Ela permite maior conhecimento do produto final de um gene, assim como, suas propriedades químicas, locais de atuação e níveis e grau de regulação. A análise proteômica permite saber, se e quando, um produto gênico está sendo expresso, a concentração relativa desse produto e, por fim, as modificações que podem ocorrer nessas proteínas após sua tradução.

A dinâmica da fixação do carbono e metabolismo de carboidratos nos tecidos fonte da planta tem sido bem elucidada, porém apenas recentemente o tecido dreno foi reconhecido como um sistema dinâmico e complexo tornando-o foco para estudos. As atuais pesquisas acerca do mecanismo de acúmulo de sacarose têm visado principalmente as enzimas chaves envolvidas nesse

processo. A sacarose-fosfato sintase (FBPase), as invertases e a sacarose sintase (SuSy) têm sido alvo de estudos de modificações genéticas com a finalidade de regular sua expressão e possibilitar maior acúmulo de sacarose pelas células (MA *et al.*, 2000; ZHU *et al.*, 2000; ROSSOUW *et al.*, 2010). A forma de translocação da sacarose via transporte simplástico e apoplástico também tem sido estudada, neste caso por meio da quantificação do fluxo através de plasmodesmas (WALSH *et al.*, 2005). As atividades metabólicas das células do parênquima ainda não estão bem entendidas. Rae *et al.* (2005) propõe um modelo para elucidar algumas das etapas que ocorrem neste tecido elaborado a partir de estudos com células em suspensão, que os próprios autores sugerem que pode apresentar diferenças marcantes em células de tecido intacto. O entendimento sobre a expressão gênica associada aos elevados níveis de acúmulo de sacarose poderá contribuir para o aumento do potencial de produção de sacarose (MOORE, 2005).

Todavia, as perspectivas para o isolamento e identificação de proteínas relacionadas ao transporte da sacarose a partir do colmo da cana-de-açúcar são promissoras. Como proteínas são o produto da expressão dos genes, a quantificação de cDNAs no material estudado fornece indícios da presença das respectivas proteínas. Em trabalhos anteriores (CASU *et al.*, 2003) isolou e identificou 32 ESTs correspondentes a sequências de transportadores de açúcar (principalmente transportadores de hexoses e sacarose) a partir de colmos maduros, mas não identificou nenhum, em colmo imaturo, além de 2 sequências de ESTs de invertase, 4 sacarose-fosfato sintase e 5 sacarose sintase. Papini-Terzi *et al.* (2007) encontraram 125 genes relacionados com o conteúdo de açúcar diferencialmente expressos entre plantas de baixo e alto teor de sacarose, híbridas de policruzamentos entre *Saccharum officinarum*, *S. spontaneum* e variedades comerciais. Dentre esses genes, 5 apresentaram padrão de expressão que permite seu uso como marcadores moleculares.

No contexto de proteômica e melhoramento, o estudo comparativo entre os genótipos segregantes quanto ao teor de sacarose pode indicar as principais alterações de expressão gênica que ocorrem entre essas plantas. O principal interesse é realizar uma análise global das proteínas de colmo de cana-de-açúcar a fim de isolar e identificar, aquelas diferencialmente expressas entre os materiais

contrastantes, que possam estar associadas a processos de acúmulo da sacarose. A partir da comparação de tais resultados com os dados de literatura, obtidos pelos estudos do transcriptoma, espera-se que seja possível corroborar ou contestar a presença e atuação dos genes por eles apontados, assim como, verificar seus reais níveis de expressão caso haja ocorrência de regulação pós-traducional. Esses dados poderão, no futuro, contribuir para a elucidação da expressão de genes alvos para manipulação genética, marcadores biológicos de resposta a estresse, marcadores para emprego em seleção assistida ou então no mapeamento de intrincados caminhos metabólicos celulares (PIMENTA, 2003; RAE *et al.*, 2005). Assim, aumentos substanciais na produtividade da cana-de-açúcar são esperados como resultado da aplicação de técnicas de biotecnologia num futuro próximo. As cultivares geneticamente modificadas podem desempenhar um papel chave para os produtores levando a um aumento na produtividade e obtenção de cultivares mais resistentes (CHEAVEGATTI-GIANOTTO *et al.*, 2011).

Objetivos

O projeto possui caráter exploratório com o objetivo de caracterizar o proteoma de entrenós maduros e imaturos de cana-de-açúcar em dois genótipos, visando a identificação de proteínas relacionadas aos processos de acúmulo da sacarose na planta. As informações obtidas com essas análises poderão elucidar o mecanismo de acúmulo de carboidratos sendo, portanto, de grande importância para projetos subsequentes com possíveis aplicações em programas de melhoramento da cana-de-açúcar (desenvolvimento de marcadores moleculares para seleção assistida, por exemplo), assim como, para o desenvolvimento de plantas transgênicas a fim de se obter variedades capazes de produzir grandes quantidades de tal carboidrato.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar pertence à família Poaceae e ao gênero *Saccharum*, que abrange várias espécies, porém, as variedades atualmente cultivadas, na sua maioria, são híbridas. É uma planta perene, própria de climas tropicais e subtropicais. Há várias espécies pertencentes ao gênero *Saccharum*: *S. officinarum* L., *S. spontaneum* L., *S. robustum* J., *S. sinensis* R. e *S. barberi* J. Diversos pesquisadores afirmam que *S. sinensis* e *S. barberi* são originárias de retrocruzamento de *S. officinarum* e *S. spontaneum*. Entretanto, as variedades, hoje em cultivo comercial, são híbridas de várias espécies onde procura-se aliar a rusticidade e resistência a doenças às boas qualidades fisiológicas e alto teor de açúcar das variedades nobres de *S. officinarum* (CASAGRANDE; VASCONCELOS, 2010), além do aumento da produtividade. Os híbridos são poliplóides e aneupoliplóides; apresentam em média de 100 a 120 cromossomos, de acordo com a cultivar e possuem um genoma básico com 760 a 926 Mpb (MENOSSEI *et al.*, 2007).

A sacarose é a principal forma pela qual os carboidratos são translocados das folhas, onde são sintetizados, para o restante da planta visando suprir o carbono e a energia necessária ao crescimento e acúmulo de produtos de reserva (FELIX *et al.*, 2009; VICENTINI *et al.*, 2009). Nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, grande parte dos esforços tem sido dedicada ao aumento do rendimento e do conteúdo de sacarose nas novas variedades. Esse acúmulo de sacarose é desejável em função do benefício de se produzir uma maior quantidade deste carboidrato sem aumento da biomassa, resultando em redução de custos com colheita, transporte e processamento da produção (BONNETT *et al.*, 2004).

Durante o desenvolvimento da cana-de-açúcar, pode-se observar três fases distintas do crescimento da massa seca: 1) fase inicial de crescimento, onde ocorre o acúmulo de 14% da massa seca, 2) fase de crescimento rápido, na qual há o acúmulo de 75% da massa seca e 3) fase final, onde o crescimento é lento e responsável por 11% de toda a massa seca (CASAGRANDE; VASCONCELOS, 2010). O acúmulo de sacarose se dá na última fase, quando,

do ponto de vista botânico, os carboidratos produzidos na folha deixam de ser utilizados para o crescimento e desenvolvimento e passam a ser estocados para posterior florescimento.

A cana-de-açúcar é composta por, aproximadamente, 84-90% de caldo e 10-16% de fibra (matéria insolúvel em água). O caldo, por sua vez, é composto de água (75-82%), sólidos solúveis (18-25%) correspondendo em sua maior parte aos açúcares (principalmente sacarose, 14-24%) e outros elementos (sais minerais, gorduras e ceras, substâncias pécticas, gomas e mucilagens, materiais corantes, aminoácidos, ácidos livres e substâncias nitrogenadas) (BERNARDES; CÂMARA, 2001). As cultivares modernas, em condições ideais, são capazes de armazenar sacarose nos tecidos do parênquima do caule em níveis próximos a 0,7M (MOORE, 1995) chegando a 62% do peso seco ou 25% do peso fresco (MOORE, 2005).

2.1.1 Importância econômica

A cana-de-açúcar no setor de agronegócio movimenta cerca de R\$ 40 bilhões por ano no país e está presente em 22 Estados. Como atividade na economia nacional, sua cadeia produtiva é responsável por 1,5% do produto interno bruto, ocupando cerca de 2% de toda a terra arável do país, que é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, seguido por Índia, Tailândia e Austrália. As principais regiões de cultivo são o Sudeste, Centro-Oeste, Sul e Nordeste do Brasil, o que permite duas safras anuais. Portanto, durante todo o ano o Brasil produz açúcar e etanol para os mercados interno e externo (UNICA, 2012).

Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), em sua safra 2011/2012 o Brasil produziu 571,4 milhões de toneladas de cana-de-açúcar. Do total de cana-de-açúcar moída, 49,7% foi destinado à produção de açúcar e 50,3% à produção de álcool, totalizando 38,9 milhões de toneladas e 22,9 bilhões de litros, respectivamente. Para a safra 2012/2013 é esperado um aumento na produção nacional de 2,9% em função da expansão da área de cultivo em quase 620 mil hectares e da renovação de mais de 16% dos canaviais brasileiros (CONAB, 2012). O rendimento e produtividade da cana-de-açúcar vêm aumentando ao longo dos anos. De acordo com os dados do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (BRASIL, 2009), o rendimento da

produção de cana-de-açúcar em toneladas/hectare passou de 46,82 em 1975 para 68,29 em 2011/2012. A produtividade passou de 99,55 kg de ATR/ t (açúcar total recuperável por tonelada) de cana-de-açúcar na safra de 1976/77, logo após a implantação do Proálcool, para 142,01 na safra de 2008/09. Esse aumento de quase 43% em grande parte é resultante dos programas de melhoramento genético.

Em março de 2003, foi lançado o carro *Flex-Fuel*, movido a etanol, gasolina ou a qualquer mistura dos dois, iniciando uma nova onda de crescimento do setor. Além disso, o aumento da preocupação com a disponibilidade e preço dos combustíveis fósseis e as preocupações com o meio-ambiente e o aquecimento global têm tornado o etanol uma alternativa renovável de combustível para o Brasil e o mundo (UNICA, 2012).

2.2 Fisiologia da maturação da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar, segundo Gascho; Shih (1983), apresenta quatro diferentes sub-períodos ou estádios em sua fenologia (Figura 1), conhecidos por: 1) brotação e emergência dos brotos dos colmos primários; 2) perfilhamento e estabelecimento da cultura, período considerados desde a emergência dos brotos até o final do perfilhamento; 3) período de grande crescimento, considerado do perfilhamento final ao início do acúmulo de sacarose; e 4) maturação, quando ocorre intenso acúmulo deste carboidrato nos colmos.

Figura 1 – Estádios fenológicos da cana-de-açúcar (GASCHO; SHIH, 1983)

O processo de maturação pode ser definido como o processo fisiológico que envolve a formação de açúcares nas folhas e seu deslocamento e armazenamento no colmo. Pode-se ainda definir a maturação da cana-de-açúcar sob três aspectos: o botânico, onde a planta só é considerada madura após a emissão de flores e a formação de sementes; o fisiológico, onde a maturação ocorre quando o colmo atinge seu máximo armazenamento de açúcar (sacarose); e o econômico, quando a cana-de-açúcar atinge o teor mínimo de sacarose equivalente a 13% do peso do colmo, desejável do ponto de vista industrial (DEUBER, 1988).

A maturação da cana-de-açúcar é um processo contínuo que resulta na formação de um gradiente de maturação e acúmulo de sacarose a partir da base do colmo em direção ao topo. No início do ciclo da cultura, quando os colmos estão crescendo rapidamente, o Brix (porcentagem, em peso, de sólidos solúveis no caldo de cana-de-açúcar) é baixo em todos os entrenós. No final do ciclo o crescimento do colmo diminui, os entrenós mais antigos atingem o nível máximo de Brix e os entrenós mais jovens vão gradativamente aumentando o Brix. Assim, a concentração de sólidos solúveis é espacial e temporalmente regulada (MOORE, 1995).

O armazenamento e a translocação do açúcar se processa aos poucos, desde os primeiros meses de crescimento da cana-de-açúcar até o completo desenvolvimento de seus colmos. O acúmulo máximo de sacarose ocorre quando a planta encontra condições que restringem seu crescimento forçando-a a parar de crescer e amadurecer. Dentre os fatores que afetam a maturação podemos citar as características da variedade, a disponibilidade de nutrientes, o uso de maturadores e as condições ambientais de temperatura e umidade.

As variedades apresentam teores de sacarose variáveis ao longo da safra e podem ser classificadas de acordo com a época que atingem um Brix mínimo de 13%. Assim, elas são divididas em: a) precoces, grupo de variedades que atingem as condições mínimas para industrialização entre abril e maio; b) semi-precoces, variedades prontas para a industrialização no final de maio e início de julho; c) médias, variedades em condições de industrialização entre o final de julho e início de outubro e d) tardias, variedades que somente ficam prontas para

industrialização entre outubro e novembro (NUNES JR, 1987; LAVANHOLI, 2010).

Por ser uma planta do tipo C4, possui alta eficiência fotossintética e ponto de compensação luminoso elevado (McCORMICK *et al.*, 2008). Na realização da fotossíntese ocorre a produção de carboidratos que serão usados primeiramente no desenvolvimento de folhas e raízes. Em seguida, os carboidratos são utilizados para a formação de matéria seca estrutural e para acúmulo na forma de açúcares no colmo. Portanto, quanto maior a saturação luminosa, maior a taxa fotossintética com consequente aumento na taxa de sacarose acumulada durante a maturação dos entrenós, refletindo diretamente em ganho econômico da cultura (McCORMICK *et al.*, 2008; MOORE, 2005).

Muitas vezes, o excesso de fertilizantes, visando aumentar a produção, retarda a maturação. A farta quantidade de nitrogênio existente na época da colheita leva ao baixo conteúdo de sacarose da planta, pois leva ao crescimento vegetativo excessivo, atrasando a maturação e prejudicando a qualidade da matéria prima pela diminuição do teor de sacarose dos colmos. O potássio possui importante ação na translocação de sacarose, seja no transporte via floema, no transporte célula à célula da sacarose em direção ao floema ou deste no sentido de armazenamento. Ele é importante para manutenção do turgor celular, participando do processo de abertura estomática, fundamental para a captação do CO₂. A deficiência de K⁺ leva ao fechamento dos estômatos, menor entrada de CO₂, restrição fotossintética e menor acúmulo de matéria seca e sacarose. O boro, em se tratando de cana-de-açúcar, não pode deixar de ser lembrado, em função da sua importância na translocação de sacarose, formando um complexo com este açúcar. Apesar da existência de inúmeras ações fisiológicas do boro na planta, esta é a mais aceita, portanto não deve ocorrer carência deste nutriente no sentido de não haver prejuízos para a produção de açúcar (RODRIGUES, 1995).

Maturadores são produtos químicos que induzem o amadurecimento, causando, assim, a translocação e o armazenamento dos açúcares na planta. São utilizados para antecipar e otimizar o planejamento da colheita. Existem dois tipos básicos de maturadores para o setor canavieiro: os que causam estresse e os que não causam estresse. Os que causam estresse são inibidores de crescimento, que reduzem, acentuadamente, o ritmo de crescimento da cana-de-

açúcar. Dessa forma, a planta acumula sacarose em vez de utilizá-la como fonte de energia para seu crescimento. A redução no ritmo de crescimento força a planta a amadurecer. Os maturadores que causam estresse mais utilizados são à base dos seguintes compostos: Glifosato, Etil Trinexapac e Sulfometuron metil. Os maturadores que não causam estresse não diminuem o ritmo de crescimento da planta e sua ação libera o etileno, composto responsável pela maturação que ajuda a acumular sacarose nos colmos. O Etefon é um exemplo deste tipo de maturador (ROSSETTO, 2010).

De forma prática, para avaliação da maturação utiliza-se o refratômetro de campo que fornece o Brix, este por sua vez está relacionado ao teor de sacarose. A cana-de-açúcar é classificada nos diferentes níveis de maturação de acordo com o valor do I.M. (índice de maturação) que consiste na razão entre o Brix do topo do colmo e o Brix da base do mesmo. Assim, ela pode ser considerada verde (valor menor que 0,6), em processo de maturação (0,6 – 0,85), madura (0,85 – 1,0) ou em processo de declínio de sacarose (valor maior que 1,0) (CONSECANA, 2003).

2.2.1 Influência do ambiente na maturação

A cana-de-açúcar retarda seu ritmo de crescimento para o acúmulo de mais açúcar em condições naturais específicas de combinação de temperatura ambiente e umidade do solo. O processo de maturação fisiológica consiste em frear a taxa de desenvolvimento vegetativo, sem afetar significativamente o processo fotossintético, de maneira que haja maior saldo de produtos fotossintetizados e transformados em açúcares para armazenamento nos tecidos da planta (ALEXANDER, 1973). O armazenamento e a translocação do açúcar se processam aos poucos, desde os primeiros meses de crescimento da cana-de-açúcar até o completo desenvolvimento de seus colmos. O acúmulo máximo de sacarose ocorre quando a planta encontra condições que restringem seu crescimento forçando-a a parar seu desenvolvimento e amadurecer (ROSSETTO, 2010).

Em termos gerais, o regime de água mais eficiente em promover o amadurecimento da cana-de-açúcar é aquele que apresenta maior restrição ao crescimento, embora mantendo um suprimento líquido suficiente para síntese,

transporte e armazenamento do açúcar. Plantas não deficientes em água, aumentam a taxa fotossintética e o transporte de açúcares direcionando-os para o crescimento (RODRIGUES, 1995). A deficiência hídrica está relacionada à regulação do metabolismo de açúcar mediado por ácido abscísico (ABA) e frutose, sendo esse tipo de estresse o responsável pela modulação da expressão de genes envolvidos em vias ABA-dependentes ou independentes (PAPINI-TERZI *et al.*, 2009). Inman-Bamber *et al.* (2009) conduziram experimento em estufa a fim de medir continuamente a fotossíntese de plantas de cana-de-açúcar simultaneamente à manipulação do desenvolvimento expansivo por meio da irrigação. Os autores comprovaram que uma redução no crescimento expansivo sem uma correspondente redução na taxa de fotossíntese, fato descrito por Alexander (1973), leva ao acúmulo da sacarose produzida, pois o carboidrato deixa de ser utilizado para fornecimento de energia e matéria-prima necessárias ao crescimento e passa a ser armazenado no colmo.

A temperatura é talvez o fator mais efetivo para explicar o acúmulo de sacarose na cana-de-açúcar. O tempo frio retarda o desenvolvimento do colmo e melhora o teor de sacarose (YAMORI *et al.*, 2005). De acordo com Alexander (1973), o processo de maturação fisiológica depende da redução da temperatura do ar, que leva a diminuição da taxa de desenvolvimento vegetativo, sem, no entanto, significativamente afetar o processo de fotossíntese. Assim, uma maior quantidade de produtos fotossintetizados transformados em açúcares estará disponível para o armazenamento nos tecidos da planta. O crescimento torna-se estável em temperaturas abaixo de 25°C e é praticamente nulo para valores abaixo de 20°C. Em termos de temperatura máxima, o crescimento se desacelera significativamente acima de 35°C e se anula acima de 38°C. A faixa ótima de temperatura para desenvolvimento dos colmos está entre 25 e 35°C, considerando-se também a relação entre temperatura e radiação solar, principalmente nos primeiros estádios de desenvolvimento da cultura. O prolongamento da fase juvenil, normal em condições de baixas temperaturas, ocorre em função da expansão relativa da razão de área foliar, em condições de períodos de recepção de alta radiação solar (RODRIGUES, 1995). Entretanto, para a maturação e colheita, o ideal é que haja uma redução da temperatura para 10 a 20°C para que ocorra diminuição na taxa de crescimento e maior acúmulo de

sacarose (DOOREMBOS; KASSAM, 1979 *apud* GAVA *et al.*, 2010). A baixa temperatura também aumenta a concentração de carboidratos no colmo pela divisão do carbono em sacarose e ativação da FBPase e a sacarose-fosfato sintetase (SPS) (UEHARA *et al.*, 2009).

A cana-de-açúcar, em função do seu ciclo perene, sofre influência das variações climáticas durante todo o ano. Para garantir alta produção de sacarose, a planta precisa ser manejada para que encontre temperatura e umidade adequadas que permitam o máximo crescimento vegetativo, seguido de um período de restrição hídrica e/ou térmica para que favoreça o acúmulo da sacarose no colmo (MAGALHÃES, 1987).

2.3 Produção e acúmulo de sacarose

Os açúcares solúveis de maior importância econômica presentes na cana-de-açúcar são a sacarose, glicose e frutose. A sacarose está presente em maior percentual, já a glicose e frutose representam um percentual menor. A partir da união das extremidades redutoras da glicose e da frutose por meio de uma ligação glicosídica tem-se a formação de um açúcar não-redutor: a sacarose.

O acúmulo de sacarose na cana-de-açúcar tem sido objeto de detalhados estudos fisiológicos e bioquímicos desde a década de 1960. A biologia do acúmulo de sacarose em cana-de-açúcar não é importante apenas agronomicamente. Do ponto de vista fisiológico, é importante para o estudo da partição de carboidratos.

Nos vegetais superiores a fotossíntese nas folhas fornece substrato, como carboidratos, para os demais tecidos heterotróficos da planta (por exemplo, as raízes). A sacarose é formada como resultado da assimilação fotossintética de carbono em praticamente todas essas plantas, atuando como componente de reserva na respiração celular (ALEXANDRE, 1973).

O mecanismo do acúmulo ativo de sacarose é dependente da maturidade dos tecidos, isto é, há diferença entre tecidos maduros e imaturos devido, principalmente, à concentração de invertases e a necessidade de crescimento (ALEXANDER, 1973). Nos entrenós imaturos observa-se baixo teor de sacarose com predominância de frutose e glicose (PAPINI-TERZI *et al.*, 2009) prontamente disponíveis para a síntese de celulose e respiração ativa necessárias ao

crescimento e desenvolvimento do entrenó (RAE *et al.*, 2005). O acúmulo desse carboidrato no colmo é o resultado do balanço entre a entrada de sacarose e hexoses por meio de carreadores dependentes de energia e o efluxo termodinamicamente favorável destes açúcares (MOORE, 1995).

O modelo para o acúmulo de sacarose no colmo da cana-de-açúcar foi primeiramente proposto por Glasziou; Gayler (1972) e posteriormente complementado por outros autores (GROF; CAMPBELL, 2001; RAE *et al.*, 2005; UYS *et al.*, 2007). Após o período de crescimento e expansão, a planta dá início à fase de acúmulo de sacarose no tecido dreno, o que envolve um ciclo contínuo de síntese e clivagem deste carboidrato. As enzimas chave do metabolismo envolvidas no acúmulo da sacarose são SuSy, SPS e invertases (BATTA *et al.*, 2008).

A base do funcionamento do sistema fonte-dreno é representada por um conjunto de reações bioquímicas onde o sistema multienzimático das invertases desempenha papel central nos processos de biossíntese, migração e acúmulo de sacarose. A dinâmica desse sistema é influenciada por fatores endógenos (genético-fisiológicos) e fatores exógenos (ambientais). Muitos processos fisiológicos podem limitar a quantidade de sacarose acumulada no colmo da cana-de-açúcar. Dentre estes processos podemos destacar: 1) a taxa fotossintética das folhas e a partição do carbono transformado em fotoassimilado para outros locais que não o colmo; 2) o carregamento do floema na folha e o descarregamento do floema no colmo; 3) o metabolismo local do parênquima do colmo da cana-de-açúcar e 4) a irregularidade no tempo de maturação principalmente quanto a restrições no desenvolvimento da planta (MOORE, 1997; LALONDE *et al.*, 2003; WALSH *et al.*, 2005; UYS *et al.*, 2007).

A dinâmica da fixação do carbono e metabolismo de carboidrato nos tecidos fonte da planta tem sido bem elucidado, porém apenas recentemente tem se reconhecido o tecido dreno como um sistema dinâmico e complexo tornando-o foco para estudos.

2.3.1 Tecido fonte

Nas plantas de metabolismo C₄, dentre elas a cana-de-açúcar, a captação do CO₂ manifesta-se em duas fases, o CO₂ primeiramente é fixado nas células do

mesofilo, graças à ação da potente enzima PEP-carboxilase, na forma de ácido oxaloacético, que é, então, reduzido a malato. Em seguida, o malato é transportado para o cloroplasto das células da bainha onde é descarboxilado pela ação da enzima NADP-málica, formando CO_2 e piruvato. O CO_2 entra no ciclo de Calvin reagindo com a ribulose difosfato para produzir 3-fosfogliceraldeído (3PGA). As várias moléculas de 3PGA permitem a formação de hexoses que podem ser usadas para a síntese de sacarose e amido, e também para fechar o ciclo (HELDT, 2005).

O amido e a sacarose são produtos finais de duas rotas glicogênicas fisicamente separadas: sacarose no citosol e amido nos cloroplastos das células do mesofilo. Sob iluminação, o dissacarídeo sacarose é continuamente exportado do citosol foliar para as partes não fotossintetizantes da planta, enquanto o polissacarídeo amido simultaneamente acumula-se como grãos nos cloroplastos. Na ausência de luz, não somente cessa a assimilação de carbono como também se inicia a degradação de amido dos cloroplastos para manter a exportação de sacarose (TAIZ; ZEIGER, 2009).

Taiz; Zeiger (2009), compilando diversos estudos a cerca dos mecanismos de produção de carboidratos, elucidaram as etapas dos processos de formação de sacarose que ocorrem nas células foliares (Figura 2). Segundo os autores, a concentração de sacarose no citosol das folhas é em grande parte, dependente das taxas de fotossíntese (pois trioses fosfato são exportadas do cloroplasto para o citosol) e da exportação de carbono das folhas (pois a sacarose preenche a demanda de energia dos outros tecidos). A sacarose é sintetizada no citosol a partir das trioses fosfato dihidroxiacetona fosfato e gliceraldeído-3-fosfato sintetizadas no cloroplasto durante o ciclo de Calvin que levam ao aumento do *pool* de hexoses fosfato (frutose-6-fosfato, glicose-6-fosfato e glicose-1-fosfato) no citosol. A exportação das trioses fosfatos para o citosol é mediada pelo transportador de triose fosfato localizado na membrana interna do cloroplasto e a exportação do carbono fixado é dependente de importação de fosfato do citosol a fim de se manter o equilíbrio triose fosfato/fosfato entre o estroma e o citosol.

O acúmulo de triose fosfato no citosol aumenta a formação de frutose-1,6-bifosfato em uma reação catalisada pela frutose-1,6-bifosfato aldolase do citosol. A frutose-1,6-bifosfato é em seguida, hidrolisada no carbono 1 pela ação da

Figura 2 – Esquema da produção de sacarose no citosol das células foliares de cana-de-açúcar (adaptado de HELDT, 2005)

frutose-1,6-bifosfatase do citosol produzindo frutose-6-fosfato e fosfato. A concentração de frutose-6-fosfato no citosol se mantém em equilíbrio com as concentrações de glicose-6-fosfato e glicose-1-fosfato pelas reações prontamente reversíveis catalisadas pela hexose fosfato isomerase e fosfoglicomutase, respectivamente. Esses três açúcares monofosfatados são coletivamente chamados de hexoses fosfato. A conversão de hexose fosfato em açúcar nucleotídeo precede a formação de sacarose e amido.

No citosol, uma UDP-glicose pirofosforilase específica produz UDP-glicose (uridina difosfato-glicose) a partir de UTP e glicose-1-fosfato. Duas reações consecutivas completam a síntese da sacarose a partir da UDP-glicose. A SPS primeiramente catalisa a formação de sacarose-6-fosfato a partir da transferência da porção glicosil da UDP-glicose para a frutose-6-fosfato. Subsequentemente, a sacarose-6-fosfato fosfatase, formando um complexo enzimático com a SPS, hidrolisa a sacarose-6-fosfato liberando fosfato inorgânico e produzindo o dissacarídeo sacarose.

Para que a exportação de sacarose para os tecidos não-fotossintetizantes continue durante a noite, o amido acumulado nos cloroplastos durante o dia é degradado pela ação da α - e β -amilase e convertido à sacarose no citosol (NIITTYLA *et al.*, 2004).

2.3.2 Translocação pela planta

Os açúcares produzidos pela fotossíntese movem-se primeiro do sítio de síntese (mesofilo) para os tecidos vasculares (floema), sendo a sacarose o principal composto, através do qual, o carbono fotoassimilado é exportado das folhas para as partes não-fotossintetizantes da planta (TAIZ; ZEIGER, 2009). Utilizando sacarose marcada com ^{14}C , Hartt *et al.* (1963) confirmaram que durante a translocação das folhas até o tecido dreno, este carboidrato não sofre qualquer quebra nem é resintetizado.

Em cana-de-açúcar, as células condutoras do floema não são conectadas a outras células da folha via plasmodesmata (ROBINSON-BEERS; EVERT, 1991). Isso sugere que o carregamento do floema ocorra pelo apoplasto das folhas (RAE *et al.*, 2005). A transferência da sacarose, das células do mesofilo para o floema, envolve a passagem através da membrana plasmática e da parede celular, envolvendo um transportador de sacarose que atua em associação com o transporte de potássio, dependente de energia metabólica. O carregamento de sacarose para as células companheiras do floema é realizado por um sistema de co-transporte com íons hidrogênio, os quais induzem a formação do gradiente eletroquímico necessário, para a geração de energia no sistema ATPase da membrana. Este mecanismo, funciona eficientemente sob condições de baixas concentrações de sacarose na parede celular, ocorrendo a passagem para o floema contra um gradiente de concentração (RODRIGUES, 1995).

Kursanov (1984), citado por MAGALHÃES (1987), diz que sempre que a concentração de sacarose no apoplasto atingir níveis incompatíveis com o funcionamento dos transportadores de sacarose a enzima invertase ácida, presente na parede celular é ativada, atuando na reação de hidrólise e transformando sacarose em hexoses. Estas hexoses são transportadas de volta às células do mesofilo sendo novamente convertidas à sacarose. A reciclagem da sacarose, entre o apoplasto e o simplasto, mantém a concentração deste açúcar

na parede celular, visando o eficiente funcionamento dos transportadores de sacarose. Uma vez dentro das células companheiras, a transferência da sacarose para os tubos do floema é feita, de maneira preferencial, através dos plasmodesmatas, a favor de um gradiente de concentração.

Após a sacarose chegar ao floema no tecido fonte será translocada por este sistema vascular até o floema no tecido dreno. Este movimento ocorre por dois tipos diferentes de mecanismos: passivos e ativos. Os ativos exigem energia metabólica, estando principalmente localizados nas zonas das placas crivadas. O grande fluxo do floema, no entanto, é formado por um gradiente de pressão de turgor entre as células do floema fonte e as do floema dreno, possuindo as do floema fonte maior pressão que as do floema dreno. Essa diferença de pressão estabelece-se pelo contínuo carregamento do floema na fonte e descontínuo descarregamento do floema no dreno. O carregamento do floema fonte aumenta a sua concentração de sacarose, diminuindo o potencial osmótico de suas células, provocando a entrada de água e o aumento da turgescência; o aumento da pressão sobre a membrana plasmática causa deformação reversível de proteínas carregadoras de sacarose, o que impede o enchimento total dos vasos (MAGALHÃES, 1987; RAE *et al.*, 2005). Dessa forma, a sacarose se movimenta no floema por fluxo de massa, até atingir a célula dreno, onde sofre descarregamento ativo para o interior do vacúolo de uma célula do parênquima no colmo (RODRIGUES, 1995).

De acordo com o trabalho de Walsh *et al.* (2005) os feixes vasculares responsáveis pela translocação da sacarose a curtas e longas distâncias são fisicamente separados no colmo. A translocação a curtas distâncias é realizado por feixes localizados nos primeiros 3mm da região mais externa do parênquima do colmo. Esses feixes correspondem a cerca de 75% dos feixes vasculares presentes nos entrenós do colmo da cana-de-açúcar. Em torno deles, há uma bainha composta de fibras (esclerênquima) que isola completamente o apoplasto do floema do restante do parênquima de armazenamento. A translocação a longas distâncias, por sua vez, fica a cargo dos feixes que possuem uma bainha de fibras que apresentam regiões com uma única camada de célula localizados preferencialmente na região central do tecido do entrenó. É justamente nestas regiões mais delgadas que estão presentes as células adjacentes que

apresentam campos de pontuações na parede celular secundária. Os plasmodesmatas, arranjados em placas de pontuações, observados em todas as interfaces floema-parênquima, ligam as células da fibra dos feixes vasculares às células adjacentes do parênquima de estocagem através de pontuações com mais de 1 μm de diâmetro (WALSH *et al.*, 2005; CESARINO *et al.*, 2012).

As invertases também podem estar envolvidas no transporte de sacarose a longas distâncias por criarem um gradiente de concentração de sacarose entre os sítios de carregamento e descarregamento do floema, revelando função fundamental na partição dos fotossintetizados entre armazenamento e crescimento (ESCHRICH, 1980).

Para prevenir que ocorra o fluxo contrário da sacarose para o floema, os vasos do colmo são cercados por células de esclerênquima que contém suberina e lignina em suas paredes celulares, produzindo uma barreira apoplástica para o movimento do soluto (WALSH *et al.*, 2005).

2.3.3 Tecido dreno

O colmo da cana-de-açúcar é um órgão complexo composto por tecido epidérmico, vascular, meristemático e parenquimatoso (MOORE, 1995). Uma sucessão de entrenós em diferentes estádios fisiológicos compõem o colmo, isto é, entrenós maduros, em maturação e imaturos. Os entrenós imaturos, localizados na região do colmo com folhas verdes, são fibrosos, com alta concentração de hexoses e baixa concentração de sacarose (INMAN-BAMBER, 2004). À medida que estes entrenós se desenvolvem, sua taxa de crescimento diminui progressivamente, até ser nula quando os entrenós amadurecem (HEERDEN *et al.*, 2010).

Segundo Alexander (1973), o mecanismo de acúmulo de sacarose é o mesmo, tanto em tecidos imaturos como em adultos. Todavia, o acúmulo difere nesses dois tecidos em função de reguladores de crescimento e da ação das invertases. Nos tecidos imaturos, onde a rápida expansão celular é predominante, o açúcar acumulado é rapidamente hidrolisado pela invertase ácida vacuolar e as hexoses resultantes movem-se rapidamente para o citoplasma, onde são utilizadas nos processos respiratórios, na glicólise, na síntese de aminoácidos, proteínas, lipídeos e outros compostos orgânicos.

A invertase ácida engloba as invertases da parede celular e do vacúolo, sendo encontrada em quantidade superior e praticamente toda em tecidos imaturos. A atividade dessa isoenzima pode ser alta ou baixa, respectivamente, em condições favoráveis ao crescimento ou em condições desfavoráveis, como por exemplo, estresse hídrico, fotoperíodo curto, temperaturas baixas e aplicação de maturadores (GAYLER; GLASZIOU, 1972). As flutuações, nos teores de açúcar, durante o crescimento vegetal são consequências do nível da enzima invertase ácida solúvel (GAYLER; GLASZIOU, 1972; LINGLE, 1999), uma vez que ela apresenta relação estreita e inversa com o conteúdo de sacarose e açúcares totais, corroborando com outros autores (SU *et al.*, 1992; ZHU *et al.*, 1997; TERAUCHI *et al.*, 2000). Uma alta taxa de atividade da invertase ácida solúvel foi observada em entrenós em desenvolvimento onde acredita-se que ela tenha um papel no controle do turgor (ZHU *et al.*, 2000). A clivagem de sacarose pela invertase ácida vacuolar pode levar ao aumento no potencial osmótico acarretando no desenvolvimento do vacúolo e expansão celular. Como nos entrenós maduros sua atividade é reduzida ocorre o acúmulo da sacarose no vacúolo (RAE *et al.*, 2011).

Ao invés de ser armazenada como um produto final inerte, a sacarose é metabolicamente clivada no parênquima do colmo da cana-de-açúcar (KOMOR *et al.*, 2000). No chamado “ciclo fútil” da sacarose, a constante clivagem e ressíntese da molécula tem sido proposta como sendo o mecanismo que permite maior flexibilidade e controle sobre o metabolismo de carboidratos e sua partição. Esta ciclagem promove o descarregamento da sacarose do floema para o parênquima do colmo através da implantação de um gradiente de concentração (NGUYEN-QUOC; FOYER, 2001; RONTEIN *et al.*, 2002). Com o amadurecimento do entrenó, o descarregamento de carboidratos oriundos do floema gradualmente deixa de ocorrer e parece haver uma redução na ocorrência do “ciclo fútil” (UYS *et al.*, 2007). Whittaker; Botha (1997) sugerem uma redução de duas vezes na ciclagem da sacarose com a maturação. Rae *et al.* (2011) detectaram invertase ácida vacuolar, tanto em tecido em desenvolvimento (entrenó 5), quanto em tecido mais maduro (entrenó 10) em continua atividade na reciclagem de açúcares em tecidos maduros.

Uma vez que o vacúolo ocupa uma grande proporção das células do parênquima do colmo de cana-de-açúcar, é esperado que a maior parte da sacarose armazenada resida neste compartimento. A compartimentação da sacarose no vacúolo auxilia na manutenção de baixas concentrações deste carboidrato no citoplasma proporcionando, assim, uma força motriz para o contínuo movimento da sacarose em células do parênquima (RAE *et al.*, 2005).

O movimento da sacarose do floema para o vacúolo das células do parênquima pode se dar através de plasmodesmatas (via simplástica), através dos espaços livres entre as paredes celulares (via apoplástica) ou por uma combinação das duas rotas. Em qualquer um desses casos, uma ou mais membranas celulares podem precisar ser atravessadas pela sacarose oriunda dos elementos crivados do floema até que penetre no compartimento vacuolar das células estoque do parênquima. O tipo de transporte de membrana que ocorre depende do tamanho e carga do soluto transportado e das características estruturais da membrana. Outro fator importante que deve ser também considerado é se o transporte através da membrana é termodinamicamente favorável (MOORE, 1995).

Ao sair do floema, a sacarose sofre inúmeras transformações, antes de ser armazenada no vacúolo (Figura 3). Essas transformações iniciam-se nos espaços externos do tecido parenquimatoso, onde a sacarose é transformada em glicose e frutose, pela ação da invertase ácida ligada à parede celular. Essas hexoses penetrarão no citoplasma das células do parênquima do colmo, fora do vacúolo, por um processo de difusão. A absorção de hexoses procede como um próton-simporte com a estequiometria aproximada de 1H^+ por molécula de açúcar (T1 da Figura 3) (KOMOR *et al.*, 1981). Como o descarregamento do floema via apoplástica envolve um movimento contra o gradiente de concentração, é necessária energia obtida sob a forma de gradiente de pH gerado por ATPase (T2 da Figura 3) (BRAUN; SLEWINSKI, 2009). No citoplasma, as reações são mais complexas, devido ao fato das hexoses serem muito reativas e sofrerem processos rápidos de interconversão e fosforilação (Figura 3). Auxinas atuam nestas etapas como forma de controle do sistema (SUZUKI, 1982).

Os transportadores que regulam o movimento de açúcares através das membranas são tidos como importantes pontos de controle da via de acúmulo de carboidratos. Casu *et al.* (2003) utilizaram uma coleção de EST e análise por microarranjo para correlacionar a expressão de determinados genes com o acúmulo de sacarose. Nessas análises, foram capazes de identificar 32 ESTs compatíveis com sequências de transportadores de açúcar na coleção de EST de entrenó maduro que não foram identificadas na coleção de mais de 1000 ESTs de entrenó imaturo, 27 destes correspondendo a transportadores de hexoses. Todos os transportadores de sacarose de plantas superiores descritos até 2007 foram caracterizados como sacarose/H⁺ simporte com exceção de facilitadores de sacarose (SUFs) de *Pisum sativum* e *Phaseolus vulgaris*, descritos como catalisador do transporte de sacarose bi-direcional de um modo independente do pH e de energia (ZHOU *et al.*, 2007).

As células do parênquima de entrenós maduros de cana-de-açúcar podem acumular sacarose até níveis de potencial osmótico mais negativos que -2,0 MPa. Para que essas células não sejam expostas a uma vasta gama de turgescência, o que ocorre é uma partição dos solutos entre os espaços apoplásticos e simplásticos do tecido dreno. Essa partição mantém um gradiente pequeno de concentração de solutos que resulta na manutenção homeostática de uma turgescência baixa (MOORE, 1995).

2.3.4 Regulação

A regulação do crescimento pela luz e açúcares garante a utilização ótima dos recursos de carbono e energia nos tecidos exportadores e importadores de carboidratos. Além disso, esse tipo de controle leva à adaptação do metabolismo de carbono a alterações das condições ambientais e à disponibilidade de outros nutrientes. Em geral, um baixo conteúdo de açúcar, melhora a fotossíntese, a mobilização de reservas e a exportação, enquanto que açúcar em abundância promove o crescimento e a estocagem de carboidrato (TAIZ; ZEIGER, 2009).

Muitas pesquisas tem se focado em estudos dos processos específicos relacionados ao colmo (WHITAKER; BOTHA, 1997; CASU *et al.*, 2003; WALSH *et al.*, 2005), porém a integração dos processos da fonte e do dreno em plantas ainda não é completamente entendido (KOCH *et al.*, 2000; PEGO *et al.*, 2000).

Estratégias para se aumentar a concentração de sacarose em cana-de-açúcar, via manipulação transgênica, requer um amplo entendimento dos processos envolvidos no acúmulo de sacarose, incluindo a possibilidade que este acúmulo de carboidrato no colmo seja regulado pela demanda do dreno (WATT *et al.*, 2005).

Usando a teoria do controle metabólico Hofmeyr; Cornish-Bowden (2000), estabeleceram o princípio de que o controle do fluxo através de um sistema metabólico não é apenas regulado pela demanda, mas também, pela sensibilidade da oferta e demanda. Em plantas, as folhas são a fonte que fornecem o suprimento de carboidrato enquanto a demanda do dreno abrange crescimento, respiração e estoque. Em cana-de-açúcar, a importação e imobilização de sacarose no vacúolo das células estoque do parênquima atuam como um forte componente adicional na demanda. Este estoque pode contribuir para manter uma alta demanda de sacarose resultando nos extraordinários rendimentos observados (McCORMICK *et al.*, 2009). Neste modelo, mudanças na atividade do dreno como por exemplo, estocagem e imediata utilização para crescimento e respiração podem resultar em ajustes nas taxas de carregamento simplástico e apoplástico do floema (LALONDE *et al.*, 2003) o que pode, por sua vez, modificar o *pool* de sacarose na folha. Redução na demanda da fonte acarreta em acúmulo de sacarose no floema e, conseqüentemente, regula a produção desse carboidrato na fonte (McCORMICK *et al.*, 2009). Estudos com sombreamento de folhas de cana-de-açúcar mostraram que o aumento na demanda do tecido dreno por carbono resulta em aumento das taxas de fotossíntese e exportação de sacarose do tecido fonte (McCORMICK *et al.*, 2006). Esses resultados sugerem que as taxas fotossintéticas são tipicamente limitadas às necessidades do colmo. Apesar do mecanismo de sensoriamento de açúcar estar localizado e ativo no tecido fonte, a principal ligação intermediária entre as vias de oferta e demanda é o produto transportado pelo floema: a sacarose (McCORMICK *et al.*, 2009). O paradigma de um sistema integrado de oferta e demanda deve ser utilizado para maior entendimento do acúmulo de sacarose e possibilitar a manipulação transgênica (McCORMICK *et al.*, 2009).

Segundo Magalhães (1987), a sequência de eventos para a formação de amido ou sacarose envolve sistemas metabólicos localizados nos cloroplastos e

no citoplasma. Para esse autor, os principais pontos de controle da síntese de sacarose estão localizados nas reações catalisadas pelas enzimas SPS e FBPase, mas são várias as enzimas envolvidas. A enzima SPS é regulada basicamente por três mecanismos distintos, o primeiro, mais abrangente, envolve o controle da expressão gênica; o segundo relaciona-se ao controle alostérico da enzima, realizado pela glicose-6-fosfato (ativador) e o terceiro e último mecanismo, ocorre através de modificações covalentes da proteína via fosforilação reversível (HUBER; HUBER, 1996). Sob condições limitantes (como baixo CO_2 , fluxo de radiação ou taxa fotossintética) a FBPase apresenta um alto nível de controle e regula a síntese de sacarose para manter um nível adequado de metabólitos para a eficiente ciclagem do ciclo de Calvin (GROF; CAMPBELL, 2001).

Ocorrendo pouca utilização de sacarose no tecido, esta se acumula, inibindo a SPS, causando aumento da concentração de frutose-6-fosfato, o que induz à formação de frutose-2,6-bifosfato, potente inibidor da FBPase. Folhas com baixos níveis de frutose-2,6-bifosfato direcionam mais carbono para a sacarose, enquanto que em folhas com altos níveis de frutose-2,6-bifosfato a formação de sacarose fica restrita. Esta forma de frutose-fosfato, análoga à frutose-1,6-bifosfato, concentra-se no citoplasma e apresenta uma ação inibitória à fosfatase. Em decorrência a isso, ocorre um acúmulo de triose fosfato e diminuição da concentração de fosfato inorgânico no citoplasma, que impede o funcionamento do sistema transportador e a remoção de triose fosfato do cloroplasto. Alta concentração de triose fosfato no citosol, típica de folhas fotossinteticamente ativas, suprime a formação de frutose-2,6-bifosfato devido a sua ação inibitória. Já o fosfato, ativa a atividade da frutose-6-fosfato.

A reação da SPS foi identificada como um passo chave no controle da síntese de sacarose. Essa enzima está sujeita a um complexo sistema de regulação, envolvendo controle direto, via metabólitos efetores e modulação pós-traducional da atividade, via fosforilação da proteína (RODRIGUES, 1995; TAIZ; ZEIGER, 2009).

As descobertas de Hartt (1963) parecem indicar que o acúmulo de sacarose foliar pode restringir a fotossíntese independentemente do fator que causou tal acúmulo. Segundo sua premissa, a translocação de açúcar é um

potencial fator limitante e um fluxo mínimo de açúcar para fora da folha deve ser mantido para que a assimilação de CO₂ continue a uma taxa máxima.

Trabalhos prévios com enzimas individuais envolvidas no metabolismo de carboidrato e seus respectivos genes sugerem que este processo é, pelo menos em parte, controlado por expressão gênica (CASU *et al.*, 2003). Estudos moleculares indicaram que os genes associados ao metabolismo da sacarose não são abundantemente expressos nos tecidos dos colmos de cana-de-açúcar. Enquanto os genes relacionados à síntese e hidrólise da sacarose são “desligados” durante o processo de maturação, muitos genes indiretamente associados ao acúmulo da sacarose são regulados durante o desenvolvimento do tecido, e podem ser associados a resposta à seca ou então modulados por hormônios ou concentração de açúcares (PAPINI-TERZI *et al.*, 2009).

Segundo Alexander (1973), o mecanismo de acúmulo de sacarose é o mesmo, tanto em tecidos imaturos como em adultos, ocorrendo: a) hidrólise da sacarose, como um pré-requisito, limitante da primeira etapa; b) formação e interconversão de hexoses fosfatos; c) formação de moléculas análogas à sacarose (sacarose-fosfato) e d) acúmulo de parte da sacarose no vacúolo. Todavia, algumas diferenças entre o acúmulo nesses dois tecidos acontecem, como a presença de reguladores vegetais e a ação das invertases. Em tecidos imaturos, a demanda por glicose como precursor para a síntese de celulose e para a respiração é significativamente maior que em tecidos maduros (RAE *et al.*, 2005). Nos tecidos jovens, onde predomina a rápida expansão celular, a sacarose acumulada é rapidamente hidrolizada pela invertase ácida vacuolar, movendo as hexoses resultantes rapidamente para o citoplasma, onde são utilizadas no crescimento e desenvolvimento celular (respiração, síntese de moléculas orgânicas, etc). Em plantas adultas, em fase de maturação, ocorre aumento da ação da invertase neutra, havendo correlação entre o nível de atividade desta enzima e a concentração de hexoses (CASAGRANDE, 1991). A atividade quase nula da invertase ácida vacuolar indica que está ocorrendo acúmulo efetivo de sacarose.

Nesta cinética toda de invertases, fica a questão de como se daria a troca de invertases ácidas por invertases alcalinas ou neutras. Sampietro *et al.* (1980), citados por Suzuki (1982), mostraram que a frutose é um inibidor competitivo da

invertase ácida e que alta concentração de sacarose pode suprimir parcial ou completamente a ação da invertase ácida. Neste caso, a função passaria ser gradativamente efetuada pela invertase neutra, indicando maturidade e preparação do tecido para o acúmulo de sacarose. Há propostas de que a invertase citoplasmática neutra regula o movimento da sacarose, a partir do tecido vascular do dreno em entrenós maduros ou está envolvida na ciclagem de hexoses em tecidos maduros (VORSTER; BOTHA, 1998; BOSCH *et al.*, 2004).

Segundo Glaziou; Gayler (1972), durante a fase de maturação, há um declínio da invertase ácida solúvel nos espaços intercelulares, baixa atividade de invertase neutra solúvel do citoplasma e quase nenhuma atividade da invertase ácida vacuolar. No caso dos tecidos em crescimento, a invertase ácida do espaço intercelular é secretada durante a formação celular na região do meristema. À medida que as células se distanciam da região meristemática, alongam-se com o acúmulo maior de carboidratos, atingindo o processo de maturação. Essa quantidade de carboidratos depende da quantidade de invertase ácida secretada nos espaços intercelulares do tecido parenquimatoso, pois, nesta fase, nenhuma enzima mais é secretada. Nas células maduras, segundo Hatch; Glaziou (1965), citados por SUZUKI (1982), o que se encontra nas paredes celulares são invertases ácidas insolúveis.

A enzima D-frutose-6-fosfato 1-fosfotransferase (PFP) catalisa a reação reversível entre a frutose-6-fosfato e o pirofosfato, produzindo frutose-1,6-bifosfato e fosfato inorgânico. Resultados preliminares (GROENEWALD; BOTHA, 2007), mostram que esta enzima no colmo da cana-de-açúcar, curiosamente, aumenta o acúmulo de sacarose especialmente em entrenós jovens. Entretanto, o mecanismo ainda permanece desconhecido. Merwe *et al.* (2010) mostraram que uma diminuição na expressão da PFP inibe a conversão de triose fosfato à hexose fosfato e concomitantemente, aumenta o *pool* de hexose fosfato em entrenós imaturos. A ciclagem entre triose fosfato e hexose fosfato é provavelmente devida à reação reversível catalisada pela PFP (STITT, 1990). O aumento do nível de hexose fosfato explica o aumento do nível de sacarose nos entrenós imaturos. Outro fator de contribuição pode ser o aumento global do *pool* de uridina nucleotídeo, especialmente o expressivo aumento de UDP-glicose e

redução de UTP. Aumento de hexose fosfato e UDP-glicose podem permitir ativação alostérica da SPS (MERWE *et al.*, 2010).

Alguns estudos sugerem que a atividade da SPS está relacionada à força de dreno da cana-de-açúcar (LINGLE; SMITH, 1991). Esta enzima é regulada basicamente por três mecanismos distintos, o primeiro mais abrangente, envolve o controle da expressão gênica; o segundo através do controle alostérico da enzima, realizado pela glicose-6-fosfato (ativador) e o terceiro e último mecanismo, ocorre através de modificações covalentes das proteínas, via fosforilação reversível (HUBER; HUBER, 1996). Em trabalho com beterraba, Hesse *et al.* (1995) mostraram que a expressão do gene da SPS responde aos teores de açúcares do meio. A presença de glicose, por exemplo, promove um acentuado aumento do nível de expressão de mRNA da SPS, ao passo que a sacarose induz uma ligeira diminuição desses níveis.

Devido a estocagem de fotoassimilados na forma de pequenas moléculas osmoticamente ativas é esperado que ocorra um estresse metabólico nas células do tecido dreno. O trabalho de Casu *et al.* (2004), com transcritos associados ao processo de maturação em entrenós de cana-de-açúcar mostrou aumento da transcrição de muitos genes envolvidos na resposta ao estresse.

Genes responsivos aos teores de açúcares também desempenham papel fundamental nos colmos de cana-de-açúcar. Muitos destes genes estão relacionados ao processo de transdução de sinal, como quinases, fosfatases, fatores de transcrição e hormônios, que na sua constituição apresentam sítios específicos regulados por açúcares. Entretanto, os mecanismos de como esses genes influenciam na regulação do acúmulo da sacarose em cana-de-açúcar ainda necessitam ser melhor compreendidos (PAPINI-TERZI *et al.*, 2009).

Uma compreensão das vias de transporte de açúcar será a base para as estratégias que visam aumentar o fluxo de açúcares e, finalmente, a quantidade de sacarose no tecido de armazenamento (GROF; CAMPBELL, 2001). Um amplo recurso genético das variedades e espécies de cana-de-açúcar com uma gama de teores de sacarose está disponível para ajudar a definir quais os passos da via são críticos. Pontos de controle identificados durante este processo serão úteis como marcadores para reforçar a seleção em programas de melhoramento e também podem ser alvos de manipulação genética para aumentar o acúmulo de

sacarose (RAE *et al.*, 2005). Enzimas chaves envolvidas nesse processo de acúmulo tem sido avaliadas como marcadores de seleção em programas de melhoramento (DA SILVA; BRESSIANI, 2005). Aumentar nosso entendimento acerca dos padrões de atividade enzimática espacial e de desenvolvimento serão valiosos para o *desing* e interpretação de estratégias moleculares para o melhoramento da cana-de-açúcar (RAE *et al.*, 2011).

2.4 Proteômica

O proteoma constitui-se em um sistema complexo e dinâmico que pode ser definido em termos de sequência, estrutura, abundância, localização, modificação, interação e função bioquímica de seus componentes. Segundo Twyman (2004), a proteômica consiste na análise global das proteínas e visa atingir uma completa descrição de células vivas em termos de todos os seus componentes funcionais a partir de uma análise direta desses componentes ao invés dos genes que o codificam. Ela possui uma maior riqueza de dados em relação à genômica. Isso se deve ao fato dos genes possuírem apenas sequências codificadoras enquanto as proteínas podem ser analisadas de acordo com sua sequência, estrutura, funções bioquímicas e fisiológicas, localização celular interna ou externa, influência de modificações químicas em sua atividade e, talvez o mais importante de todos, sua interação com outras moléculas.

Ela é uma chave tecnológica para o estudo de sistemas biológicos altamente complexos e dinâmicos, pois permite análise de um grande número de proteínas que influenciam diretamente a bioquímica celular e fornece, assim, uma análise apurada do estado biológico ou mudanças sistemáticas ao longo do crescimento, desenvolvimento e resposta a fatores ambientais (CHEN; HARMON, 2006). Cada vez mais a proteômica se firma como uma ferramenta poderosa dentro dos programas de melhoramento genético. Pois, diferente do que ocorre quando são utilizados marcadores fenotípicos ou baseados em DNA, a proteômica fornece informações ao nível molecular da variabilidade genética que é efetivamente expressa pelo genoma (PENNINGTON; DUNN, 2001).

Apesar de sua importância econômica para diversos países, a complexidade do genoma da cana-de-açúcar exige maiores esforços e investimentos no desenvolvimento de biotecnologia e ferramentas genéticas para

serem empregadas nos estudos dessa cultura. Neste contexto, a proteômica surge como importante ferramenta, pois permite analisar o padrão de proteínas diferencialmente expressas e a relação dessas com a presença de numerosos genes com expressão diferenciada entre materiais contrastantes quanto ao teor de sacarose (MENOSSESI *et al.*, 2007).

Atualmente, a proteômica é utilizada para o estudo de diversas culturas de importância econômica e com as mais diversas finalidades (CELEDON *et al.*, 2007; BRECHENMACHER *et al.*, 2009; FINNIE; SVENSSON, 2009; HASHIMOTO *et al.*, 2009; KAMAL *et al.*, 2009; LIU *et al.*, 2009; NATERA *et al.*, 2009). Em trabalho com milho, Casati *et al.* (2005) utilizaram o proteoma de células de folha para estudar a resposta de linhagens que apresentam diferentes graus de sensibilidade à radiação UV-B e encontraram grande correlação entre o mRNA avaliado por *microarrays* e RT-PCR, previamente documentados, e a expressão das proteínas identificadas por eles.

Em cana-de-açúcar, Papini-Terzi *et al.* (2007) compararam o transcriptoma de plantas e entrenós com alto e baixo teor de açúcar híbridas de policruzamentos entre *Saccharum officinarum*, *S. spontaneum* e variedades comerciais visando encontrar genes diferencialmente expressos entre as linhagens e do total de 125 genes correlacionados ao conteúdo de açúcar, 5 apresentaram padrão de expressão desejável para serem utilizados como marcadores moleculares. Desses 5, os dois mais importantes pertencem à mesma família de aquaporinas, estrutura relacionada ao transporte de açúcar. Em trabalho subsequente, Papini-Terzi *et al.* (2009) realizaram uma análise, em larga escala, do transcriptoma de cana-de-açúcar utilizando genótipos segregantes quanto ao teor de açúcar pertencentes a duas populações oriundas de programa de melhoramento. Os autores identificaram 66 genes relacionados ao conteúdo de sacarose, diferencialmente expressos, entre os indivíduos que apresentavam alto e baixo Brix, e 122 genes regulados durante o desenvolvimento do colmo pela comparação entre entrenós maduros (9) e imaturos (1 e 5), além de 51 genes diferencialmente expressos nas duas situações, totalizando 239 genes. Tendo em vista a comprovação da correlação entre transcriptômica e proteômica, feita por Casati *et al.* (2005), espera-se que as diferenças de expressão a serem

observadas neste trabalho por meio da proteômica sejam semelhantes as descritas por Papini-Terzi *et al.* (2007, 2009), feitos por transcriptômica.

As análises do proteoma de cana-de-açúcar ainda são muito pouco compreendidas. Os tecidos que compõem a planta são tecidos que apresentam altos teores de fibras e altas concentrações de carboidratos (especialmente a sacarose) que em muitas situações, dificultam os métodos de extração. Em muitos dos artigos públicos envolvendo cana-de-açúcar a extração de proteínas é realizada utilizando-se as folhas pela maior facilidade de coleta e extração, além de ser o tecido mais amplamente explorado.

Até o momento, os trabalhos publicados por Amalraj *et al.* (2010) e Cesarino *et al.* (2012) provavelmente são os únicos disponíveis na literatura que apresentam dados de proteoma do colmo de cana-de-açúcar. Amalraj *et al.* (2010) focam sua investigação na comparação de algumas metodologias de extração de proteínas da folha e do colmo visando obter material com qualidade para realização de géis bidimensionais; os resultados apontam que a maior quantidade de proteínas presentes na faixa de pH 5-7 é recuperada quando se utiliza a metodologia de extração com fenol. Cesarino *et al.* (2012) em trabalho acerca das peroxidases classe III do colmo da cana-de-açúcar empregaram a estratégia de separação proteica por gel bidimensional e sequenciamento por espectrometria de massas para identificação das peroxidases expressas durante o desenvolvimento do colmo, tendo utilizado para tal a porção interna e externa de entrenós em três estágios de desenvolvimento. Nesse trabalho, 7 *contigs* codificantes para genes de peroxidases foram encontrados.

2.4.1 Proteômica *shotgun*

A eletroforese bidimensional tem sido o principal método de separação proteica utilizado nas duas últimas décadas (RABILLOUD, 2002; BAE *et al.*, 2003). O aumento da popularidade desta técnica deve-se principalmente às significativas melhorias na reprodutibilidade e resolução dos géis (RABILLOUD, 2002), no entanto, sabe-se que a separação bidimensional de determinadas classes proteicas fica muitas vezes prejudicada, em relação a outras (PARKER *et al.*, 1998; BAE *et al.*, 2003). Por exemplo, proteínas pouco abundantes, mesmo estando presentes nos géis, podem não ser visualizadas/detectadas devido à

presença de proteínas mais expressas (ex. *housekeeping*), que mascaram a presença destas. A mesma dificuldade é encontrada na análise de proteínas hidrofóbicas, tais como proteínas de membrana, que são biologicamente insolúveis (BAE *et al.*, 2003). Do mesmo modo, proteínas extremamente ácidas ou básicas representam um desafio para esta técnica de separação. Desse modo, se o objetivo do trabalho é o estudo destas classes específicas, faz-se necessário o uso de diferentes estratégias de fracionamento associadas ao 2D-PAGE (gel de eletroforese de poliacrilamida em duas dimensões), ou até mesmo o uso de novas tecnologias (RABILLOUD, 2002). O objetivo deste trabalho é a caracterização do proteoma dos entrenós. Portanto, metodologias que possibilitam detecção e identificação de maior quantidade de proteínas e classes proteicas se adéquam melhor ao propósito.

Com os avanços da espectrometria de massas, as abordagens proteômicas de *shotgun* foram introduzidas para identificação de proteínas em larga escala (WOLTERS *et al.*, 2001). Porém, as amostras deste tipo de abordagem são de alta complexidade, contendo milhares de proteínas, cuja abundância pode variar em mais de cinco ordens de grandeza. Além disso, as proteínas são proteoliticamente digeridas com tripsina ou outra protease, produzindo múltiplos produtos peptídicos. A separação multidimensional é utilizada para resolver essa alta complexidade das amostras. Por definição, a abordagem de separação multidimensional combina várias técnicas de separação acopladas para melhorar o poder de resolução (YATES *et al.*, 2009).

O método representante da proteômica *shotgun* é a tecnologia de identificação de proteína multidimensional (MudPIT). Essa metodologia se baseia na digestão do complexo de proteínas por tripsina, separação por cromatografia líquida e eluição dos peptídeos diretamente em um espectrômetro de massas. A identificação das proteínas é facilitada pela montagem dos peptídeos detectados pela análise de espectros de MS/MS e a utilização de bancos de dados de proteínas (LEE *et al.*, 2011).

A cromatografia 2D consiste em realizar a separação dos peptídeos por duas colunas, ligadas em *tandem*, de diferentes princípios. A MudPIT utiliza primeiramente uma coluna de troca catiônica (SCX), seguida de coluna de fase reversa (RP), dentro de capilares de sílica. As amostras proteicas, de alta

complexidade, são carregadas dentro da coluna SCX e eluidas por um gradiente de aumento de concentração de sal. Cada fração é carregada em uma coluna RP e eluída por um gradiente de aumento de hidrofobicidade, diretamente em uma fonte de *eletrospray* (ESI) (YATES *et al.*, 2009).

A presença de sais na amostra pode interferir no desempenho da fonte de ionização por *eletrospray*, além de causar ineficiência de interação dos peptídeos com a SCX. Por essa razão, soluções de peptídeos devem ser dessalinizadas antes de serem carregadas na coluna MudPIT. Esta etapa de dessalinização é geralmente realizada, antes do MudPIT, usando uma coluna de extração em fase sólida; os peptídeos no eluente orgânico são então concentrados a vácuo e solubilizados no tampão aquoso para o carregamento da coluna MudPIT (McDONALD *et al.*, 2002a).

Para extrair as proteínas integrais de membrana e para manter a solubilidade de proteínas hidrofóbicas durante toda a digestão pela protease, detergentes tais como Triton X-100, Nonidet P-40 (NP-40) ou octilglucosido (BO) em concentrações de 0,5 - 1% são utilizados nesses procedimentos. No entanto, estas concentrações de OG, Triton X-100 ou NP-40 suprimem severamente a ionização em MALDI-MS (*Matrix assisted laser desorption ionization – mass spectrometry*) (KATAYAMA *et al.*, 2004; ZHANG; LI, 2004) e diminuírem a resolução cromatográfica em LC-MS (*liquid chromatography*). Dessa forma, eles devem ser removidos antes da análise MS (YEUNG; STANLEY, 2010).

As proteínas possuem uma incrível diversidade de propriedades químicas, com intervalos amplos de atividade catalítica, peso molecular e solubilidade. Para simplificar os desafios analíticos impostos por estas diferenças, tanto o mapeamento de massa de peptídeo, como a espectrometria de massas de peptídeo em *tandem* são realizados em subseções da proteína. Estes peptídeos são mais prontamente analisados devido ao seu tamanho e química mais uniforme. Normalmente, eles são gerados a partir da proteína a ser analisada por meio do uso de proteases. Para o mapeamento de massa, uma protease de especificidade conhecida, tal como a tripsina, é usada para digerir a proteína. Isto não apenas produz peptídeos de um tamanho mais prontamente analisável em espectrômetro de massa, mas também com base na especificidade de

aminoácidos da enzima, irá produzir um *fingerprint* de massa específica, suficiente para permitir a identificação da mesma (McDONALD *et al.*, 2002b).

A espectrometria é um método de determinação precisa de massas molares de forma muito rápida, que durante a década de 1980 se desenvolveu muito. Novos mecanismos de ionização foram desenvolvidos para moléculas grandes e polares como peptídeos e proteínas, até então impossíveis de serem analisados por essa técnica. Esse avanço permitiu que vários problemas bioquímicos pudessem ser resolvidos. Essa técnica é capaz de determinar massas moleculares de forma muito precisa em experimentos rápidos (poucos minutos) e as informações geradas possibilitam o entendimento de diversos estudos em química de proteínas, tais como: verificação de uma sequência de aminoácidos, identificação de proteínas, determinação da fidelidade e homogeneidade de proteínas recombinantes, identificação de complexos proteicos não-covalentes, detecção de doenças genéticas, identificação de modificações químicas em proteínas, determinação de glicosilações e fosforilações, sequenciamento de proteínas e peptídeos, etc (CUNHA *et al.*, 2006). O espectrômetro de massas é um instrumento que permite medir a relação massa/carga (m/z) de íons no vácuo. A partir desses dados, as massas moleculares podem ser determinadas com alto grau de precisão, permitindo que seja determinada a composição molecular de uma dada amostra ou analito. Em proteômica, o analito é geralmente um conjunto de peptídeos derivados de uma amostra de proteína digerida (TWYMAN, 2004).

Dentre os sistemas de ionização responsáveis por vaporizar e carregar eletricamente as moléculas a serem analisadas, a eletropulverização refere-se à pulverização por uma agulha metálica, ou um capilar de vidro revestido de metal, de uma solução acidificada de proteína que é submetida a intenso campo elétrico, o que causa sua ionização. Uma corrente de gás inerte flui no sentido contrário ao da pulverização, o que causa sua dessolvatação. Os peptídeos, já ionizados e no estado gasoso, são atraídos para dentro do espectrômetro de massa, onde são analisados. O termo ESI (*eletrospray ionization*) é comumente empregado para designar tal técnica (CUNHA *et al.*, 2006).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Seleção do material vegetal

3.1.1 Variedades

Inicialmente, foram selecionados sete genótipos de cana-de-açúcar: Co 740, NA 56-79, POJ 2878, SP 80-3280, *Saccharum barberi* (Chunnee), *Saccharum officinarum* 82-72 e *Saccharum officinarum* 82-80. O entrenó 9 meristemático de plantas de 9 meses de idade, cultivadas em condições de campo, foram coletados e sua composição de carboidratos (glicose, frutose e sacarose) determinada via cromatografia de troca iônica de alto desempenho com detecção amperométrica pulsada (HPAE-PAD) (item 3.7.1). Com base nesses dados selecionaram-se os genótipos que apresentaram maior diferença quanto ao teor de sacarose para o desenvolvimento do projeto (Co 740 e SP 80-3280). Todo o material vegetal foi obtido juntamente ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da Universidade Federal de São Carlos (UFSCar).

3.1.2 Entrenós maduro e imaturo

Nesse trabalho, considerou-se o entrenó 5 como sendo imaturo e o entrenó 9 como maduro (PAPINI-TERZI *et al.*, 2009). Para a identificação dos entrenós, existem duas formas de contagem apical: a meristemática (McCORMICK *et al.*, 2006) e a foliar (VAN DILLEWIJN, 1952). A contagem meristemática considera como entrenó 1 o primeiro entrenó visível após a desfolhação completa da planta, até a visualização do meristema (Figura 4A). Já, pela contagem foliar, o entrenó 1 é considerado aquele no qual tem origem a folha +1, que é a primeira folha de cima para baixo que se apresenta inserida à aurícula bem visível (Figura 4B). De acordo com a localização do entrenó 1, os entrenós diretamente abaixo são identificados como sendo 2, 3, 4 e assim por diante.

Entrenós 5 e 9 identificados a partir das duas formas de contagem, foram coletados de plantas com 11 meses de idade cultivadas em casa de vegetação no *campus* da ESALQ, em Piracicaba. O colmo principal de três plantas de cada variedade foram coletados, liofilizados durante dois dias e macerados em

Figura 4 - A: identificação de entrenós por meio de contagem meristemática; B: identificação de entrenós por meio de contagem foliar

nitrogênio líquido com auxílio de almofariz e pistilo. Quatro *bulks* de amostras meristemáticas (Co.5m, Co.9m, SP.5m e SP.9m) e quatro de amostras foliares (Co.5f, Co.9f, SP.5f e SP.9f) foram feitos para utilização nos testes, de modo que cada *bulk* era composto pela mesma quantidade de material de cada uma das três plantas de cada variedade. Os parâmetros avaliados para a escolha do tipo de contagem foram: facilidade de coleta, quantidade de material vegetal obtido e rendimento de extração proteica.

3.2 Local do experimento e condições ambientais

3.3 Plantio e instalação do experimento

O experimento foi instalado em Araras – SP em estufa e canteiro experimental cedidos pelo PMGCA dentro do *campus* da UFSCar. Gemas individuais das variedades Co 740 e SP 80-3280, obtidas de plantas de 12 meses cultivadas sob condições de campo, foram inicialmente plantadas (21/06/2010) em recipientes de 200 mL contendo substrato comercial e mantidas em estufa com irrigação diária por 40 dias para brotação e mais 70 dias em canteiro

experimental. Após esse período, as plantas foram transferidas (15/10/2010) para vasos plásticos de 110 litros preenchidos com terra e permaneceram no canteiro experimental com irrigação diária por aspersão. As plantas tiveram os perfilhos retirados quando necessário, a fim de se manter apenas o colmo principal, objeto de estudo deste trabalho, evitando a saturação dos vasos e possíveis atrasos de desenvolvimento.

Três plantas de cada variedade foram cultivadas em vasos de 110 litros contendo terra na casa de vegetação do Laboratório Max Feffer de Genética de Plantas – ESALQ / USP (Piracicaba - SP) e foram utilizadas para a realização dos testes para a seleção do tipo de contagem de entrenó.

3.4 Delineamento experimental e análises estatísticas

O experimento foi instalado em seis blocos ao acaso sendo cada bloco formado por dois vasos contendo cinco plantas de uma mesma variedade cada (Figura 5). Os dados fisiológicos e bioquímicos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade pelo programa SAS versão 9.2.

Figura 5 – Disposição do experimento em campo

3.5 Análises fisiológicas

As medições fisiológicas foram feitas nas plantas com 12 meses. Todos os parâmetros, exceto o potencial hídrico foliar e trocas gasosas, foram obtidos para todas as plantas que compunham o experimento.

3.5.1 Altura da planta

A altura da planta foi medida a partir do nível do solo até a aurícula da folha +1.

3.5.2 Diâmetro do colmo

Para obtenção do diâmetro do colmo, foi feita a medição na base do mesmo, na porção mediana do 3º entrenó, com o auxílio de um paquímetro digital.

3.5.3 Área foliar

A área das folhas +1 foi aferida pelo medidor de área foliar de bancada da LICOR, modelo Li-3100C (Lincoln, USA).

3.5.4 Massa seca e umidade dos entrenós

Os entrenós coletados (item 3.6) foram pesados em balança analítica para obtenção da massa fresca de cada amostra. Após liofilização por quatro dias, o material foi novamente pesado, obtendo-se a massa seca e possibilitando o cálculo da porcentagem de massa seca (%MS) e porcentagem de umidade (%U) das amostras.

3.5.5 Trocas gasosas

Os valores de fotossíntese líquida, condutância estomática e transpiração foram obtidos utilizando-se um analisador de gás a infravermelho IRGA (*LCpro+ Portable Photosynthesis System, ADC BioScientific*), com as medições feitas entre 10:00h e 12:00h. Os dados foram coletados em 2cm² da porção mediana da folha +1 de duas plantas de cada vaso. Todas as medidas foram efetuadas com a luz natural e CO₂ ambiente (~370 µmol/mol).

3.5.6 Potencial hídrico da planta

O potencial hídrico foliar foi medido com uma bomba de pressão (Soil Moisture, Equipment Corporation, Santa Barbara, USA) em duas etapas: às 5:30h (potencial hídrico de base) e às 13:00h (potencial hídrico do meio dia). As medições foram feitas em duas plantas de cada vaso, sendo analisada uma em

cada horário. As folhas +1 foram cortadas na lígula, colocadas em sacos plásticos identificados e transportadas para laboratório em caixa térmica com gelo para minimizar a perda de umidade até o momento em que as leituras fossem efetuadas. Uma planta de cada vaso foi avaliada em cada um dos dois horários.

3.5.7 Umidade do solo

Os dados de solo foram obtidos em triplicata, para todos os vasos do experimento, nos dois horários em que foram feitas as medidas de potencial hídrico foliar (5:30h e 13:00h). As leituras, em mV, foram fornecidas pelo medidor de umidade do solo *Delta-T Devices HH2*, com a sonda *SM200*, ajustado para solo orgânico e anotadas para cálculo da umidade do solo, a partir da comparação com a curva de regressão linear criada especificamente para o solo utilizado no experimento [$y = 0,0004x + 0,0324$ ($r^2=0,9639$)].

Para a elaboração da curva de regressão linear, foram utilizados três recipientes contendo 2 kg de solo coletados do mesmo local de onde obteve-se a terra utilizada no experimento. Aos recipientes acrescentou-se 640 mL de água para saturação do solo, de modo que após drenagem da água excedente, o solo ficou em sua capacidade de campo (31%). Os recipientes foram deixados ao ar livre para evaporação da água contida e a cada dia, ao longo de 30 dias, foram pesados para verificação da quantidade de água perdida. A umidade também era medida, em triplicata, com auxílio do medidor de umidade.

3.5.8 Índice de maturação

O caldo do colmo foi extraído com o auxílio de um amostrador do tipo “furador” do terceiro entrenó da base e do entrenó 6 foliar e seu conteúdo de Brix foi analisado por um refratômetro de campo. A relação entre o Brix do topo e o Brix da base consiste no índice de maturação (I.M.). As médias de I.M. foram interpretadas segundo os estádios de maturação da cana-de-açúcar. Estes estádios são definidos de acordo com os valores limites de I.M. que apresentam de acordo com a Tabela 1 (DEUBER, 1988).

3.6 Coleta do material vegetal

A coleta (22/06/2011) (Figura 6) foi feita após a obtenção dos dados

Tabela 1 - Índice de maturação da cana-de-açúcar baseado na relação dos valores do Brix do ápice e da base do colmo (DEUBER, 1988)

I.M.	Estádio de maturação
< 0,60	Cana-de-açúcar verde
0,60 – 0,85	Em maturação
0,85 – 1,00	Madura
> 1,00	Em declínio de maturação

fisiológicos (exceto massa seca e umidade). Coletou-se o colmo principal de 3 plantas de cada variedade de todos os 6 blocos. Os entrenós 5 e 9 foliares foram descascados e cortados antes de serem congelados em nitrogênio líquido. Os tubos de polipropileno de 50 mL contendo os entrenós congelados foram transportados em caixa térmica com gelo seco e ficaram armazenados em ultra-freezer (-80°C).

Figura 6 – Aspecto das plantas na data da coleta

3.7 Análise bioquímica

3.7.1 Conteúdo de carboidratos

Para análise de conteúdo de carboidrato feita para a seleção das variedades utilizou-se 200 mg de material vegetal do entrenó 9 meristemático, em quadruplicata, de cada uma das sete variedades iniciais. Previamente, todas elas tiveram sua porcentagem de massa seca determinada. Para isso, 2 g de amostra, maceradas em nitrogênio líquido, em quadruplicata, foram secas em concentrador a vácuo, a 45°C, por aproximadamente 7 horas.

Para a quantificação de carboidratos das plantas oriundas do experimento instalado com as variedades SP 80-3280 e Co 740, utilizou-se 50 mg de material vegetal, em triplicata, dos entrenós foliares 5 e 9 de todas as plantas coletadas. Como essas amostras foram liofilizadas antes da etapa de maceração, a massa seca já havia sido determinada nessa etapa.

3.7.1.1 Extração de carboidratos totais

Ao material vegetal macerado e aliquoteado adicionou-se 1,5 mL de água destilada e deionizada (ddH₂O). Em seguida, permaneceram em banho-maria a 80°C, por 1 hora, e foram homogeneizados por inversão a cada 10 minutos. Após centrifugação, a 14.000g, por 10 minutos, os extratos foram filtrados em filtros com poro de 0,22 µm, a fim eliminar partículas em suspensão que pudessem se alojar na coluna cromatográfica e de evitar o consumo dos carboidratos por microrganismos durante a análise.

3.7.1.2 HPAE-PAD

A determinação do conteúdo de carboidratos solúveis (glicose, frutose e sacarose) foi analisada por HPAE-PAD, a partir de curvas de concentração para cada monossacarídeo, construídas de acordo com o perfil cromatográfico das amostras com os referidos padrões de glicose, frutose e sacarose. O equipamento utilizado para as análises foi um HPLC *Dionex*® equipado com *DS50* gradiente. O detector foi do tipo amperométrico *DE50* com eletrodo de ouro e amostrador automático *AS50*. Nas análises, o volume das injeções foi de 25 µL de amostra diluída 1.500x. Como eluente de arraste, utilizou-se NaOH 63,5 mM e de limpeza NaOH 200 mM, com fluxo de 1 mL/min e pressão no sistema de aproximadamente 1.500 psi. A coluna utilizada foi a de troca iônica *Dionex*® *CarboPac PA1* (4 x 250 mm) com coluna-guarda *CarboPac PA1* (4 x 50 mm). O detector amperométrico, associado ao eletrodo de ouro, foi ajustado com os seguintes potenciais: +100mV (0 a 200ms), +100mV de integração (200 a 400ms), -2000mV (410 a 420ms), +600mV (430ms) e -100mV (440 a 500ms), segundo metodologia descrita por Bragatto (2007).

3.8 Análises moleculares

3.8.1 Amostragem do material

Os parâmetros fisiológicos de altura, diâmetro de colmo, área foliar, índice de maturação e umidade dos entrenós 5 e 9 foliares foram utilizados nesta etapa. Com o auxílio do programa SAS versão 9.2, obteve-se o dendograma para as 18 plantas coletadas das variedades Co 740 e SP 80-3280. Pela análise dos dendogramas gerados fez-se a seleção das 6 plantas mais semelhantes, dentro de cada bloco, para a composição de 4 *bulks* de amostragem para cada variedade (Co.5, SP.5, Co.9 e SP.9).

3.8.2 Extração de proteínas de colmo

A extração das proteínas foi realizada de acordo com o método de extração fenólica proposto por (HURKMAN; TANAKA, 1986) com algumas adaptações. De acordo com o método, 4 g de material vegetal foi macerado em almofariz com auxílio de nitrogênio líquido. A esse, acrescentou-se 15 mL de tampão de extração [0,5 M Tris-HCl pH 7,5; 0,7 M sacarose; 0,1 M cloreto de potássio; 50 mM EDTA, 1 mM PMSF, 2% (v/v) β -mercaptoetanol e 1% (p/v) PVPP]. O material foi homogeneizado com auxílio de agitação (70 rpm), a 4°C, por 30 minutos. Em seguida, adicionou-se 1 volume de fenol saturado com Tris-HCl, pH 7,5. As amostras ficaram sob agitação, a 4°C, por mais 30 minutos a 70 rpm. Após esse período, foram centrifugadas (10.000 g) por 30 minutos, a 4°C. O sobrenadante foi transferido para tubo novo contendo 15 mL de tampão. Após 30 minutos de agitação, a 4°C, a 70 rpm, os tubos foram centrifugados a 10.000 g, por 30 minutos, a 4°C e o sobrenadante foi transferido para um novo tubo, ao qual adicionou-se 30 mL de acetato de amônio 0,1 M em metanol 100%. Os tubos foram mantidos a -20°C por 16-18 horas para precipitação das proteínas e então centrifugados a 16.000 g, por 20 minutos, a 4°C. O sobrenadante foi descartado e ao *pellet* adicionou-se 30 mL de acetato de amônio 0,1 M em metanol 100%. As amostras foram novamente acondicionadas a -20°C. Essas etapas de lavagem (centrifugação, descarte de sobrenadante e adição do acetato) foram repetidas mais duas vezes a intervalos de 2 horas. Após a terceira lavagem e depois de uma nova centrifugação seguindo as condições anteriores, adicionou-se 30 mL de

acetona 100% aos tubos que permaneceram por mais 2 horas a -20°C. Estes foram centrifugados a 16.000 *g*, por 20 minutos, a 4°C. O sobrenadante foi descartado e os tubos contendo as amostras foram transferidos para dessecador e mantido a 4°C por pelo menos 36 horas. O *pellet* após secagem foi ressuscitado em tampão de solubilização TCT [7 M uréia, 2 M tiuréia, 10 mM DTT (ditiotreitól) e 0,4% (v/v) Triton X-100].

3.8.3 Quantificação de proteínas

A quantificação das proteínas extraídas foi realizada pelo método de Bradford (BRADFORD, 1976). Para tal foi utilizado o reagente de Bradford comercial de quantificação (*Protein Assay, BioRad*). Para cada leitura foi preparado um mix contendo 1 mL de corante de Bradford diluído (4:1) em água, 795 µL ddH₂O e 2-5 µL de amostra. A leitura da absorbância foi feita em espectrofotômetro utilizando-se comprimento de onda de 595 nm. Foram realizadas três leituras independentes para cada amostra, sendo realizada uma média das leituras para estipular a concentração proteica. As concentrações das proteínas foram calculadas através da comparação com uma curva-padrão da proteína albumina do soro bovino (BSA) [$y = 48,392x + 0,1795$ ($r^2 = 0,994$)].

3.8.4 Avaliação da extração

Para se avaliar a qualidade do material extraído e como forma de confirmar as concentrações encontradas pelos cálculos da quantificação, realizou-se a eletroforese unidimensional em gel desnaturante de poliacrilamida (SDS-PAGE) 12,5%. Aplicou-se no gel 10 µg de proteína previamente desnaturadas pela diluição em 15 µL de tampão desnaturante [62,5 mM Tris-HCl pH 6,8; 10% (v/v) glicerol; 2% (p/v) sódio dodecil sulfato (SDS); 5% (v/v) β-mercaptoetanol e 1% (p/v) azul de bromofenol] e aquecimento a 100°C por 1 minuto. A corrente elétrica utilizada foi de 4 mA, por 45 minutos, seguida de 8 mA por aproximadamente 2 horas. As proteínas foram visualizadas através da coloração por *Coomassie Brilliant Blue G250*, realizada de acordo com o protocolo de Candiano *et al.* (2004). Ao final da corrida, o gel foi transferido para solução fixadora [40% (v/v) etanol e 10% (v/v) ácido acético] e mantido por 1 hora, para prevenir a mobilidade das proteínas no gel, antes da coloração por 16-18 horas em solução corante [2%

(v/v) ácido orto-fosfórico, 10% (v/v) sulfato de amônio e 0,1% (p/v) *Coomassie Brilliant Blue G250*]. O excesso de corante foi lavado em ddH₂O até eliminação completa do mesmo.

3.8.5 Análise bidimensional

Foram elaborados géis bidimensionais, em triplicata, para os *bulks* de amostra Co.5, SP.5, Co.9 e SP.9.

3.8.5.1 Focalização isoelétrica

As proteínas foram primeiramente separadas utilizando-se o sistema *IPGphor Strip Holder (Immobilized pH Gradient Strips – Amersham)*. Utilizou-se fitas com gradiente na faixa de pH de 4 a 7. As fitas IPG foram reidratadas por 12 horas, a 20°C, no aparato de focalização isoelétrica pela adição de 375 µL do mix contendo 500 µg de proteína, 90 mM DTT, 3% (p/v) CHAPS, 1% (v/v) IPG *buffer*, 1% (p/v) azul de bromofenol em tampão TCT. A focalização isoelétrica se deu nas seguintes condições: 100 V por 1 hora, 500 V por 1 hora, 1.000 V por 1 hora, 5.000 V por 1 hora, 8.000 V por 1 hora e 8.000 V até atingir 80.000 V.h⁻¹. acumulados.

3.8.5.2 Eletroforese bidimensional (2D-PAGE)

Antes de serem colocadas no gel de segunda dimensão, as fitas foram mantidas por 15 minutos em solução de equilíbrio e redução [50 mM Tris-HCl pH 8,8; 6 M uréia; 30% (v/v) glicerol; 2% (p/v) SDS e 2% (p/v) DTT] e durante 15 minutos em solução de alquilação [50 mM Tris-HCl pH 8,8; 6 M uréia; 30% (v/v) glicerol; 2% (p/v) SDS; 4% (p/v) iodoacetamida (IAA) e 0,005% (p/v) azul de bromofenol]. A eletroforese foi efetuada em gel vertical (180 x 160 x 1,5 mm), de acordo com o descrito por Laemmli (1970). Sobre o gel [12,5% acrilamida:bisacrilamida (30:2,67); 0,5 M Tris-HCl pH 8,8; 0,5% (v/v) persulfato de amônio e 0,075% (v/v) TEMED] foi posicionada a fita, que se fixou a este, pela adição de agarose 0,8% (p/v). A cuba (*Protean II XI 2-D Cell - BioRad*) foi preenchida com tampão superior [25 mM Tris-HCl; 192 mM glicina e 0,1% (p/v) SDS] e inferior [25 mM Tris-HCl e 192 mM glicina]. A eletroforese se deu, primeiramente, sob uma corrente de 16 mA, por 30 minutos e posteriormente de

30 mA, por aproximadamente 5 horas. A detecção das proteínas no gel 2D-PAGE foi realizada da mesma forma que a do SDS-PAGE e os géis foram armazenados em solução 5% (v/v) ácido acético até o momento da análise de imagem dos mesmo.

3.8.5.3 Obtenção e análise de imagem

A digitalização das imagens dos géis foi feita por meio de *scanner* modelo UTA-1100, através do programa *LabScan* versão 5.0 (*GE Healthcare*). As imagens dos géis foram analisadas pelo programa *ImageMaster 2D Platinum 7* (*GE Healthcare*). Esta análise baseia-se em densitometria para a detecção e cálculo do valor dos *spots*. Com o intuito de reduzir possíveis variações de detecção, para cada um dos 4 *bulks* (Co.5, SP.5, Co.9 e SP.9) analisou-se 3 géis representativos de replicatas de cada amostra. Um gel de cada triplicata foi utilizado como gel de referência para a detecção dos *spots*. A ferramenta de detecção automática de *spots* do programa utiliza os parâmetros área mínima (delimitação física gerada pelo *spot*), *smooth* (intensidade, gerada em *pixels*) e saliência (curvatura do *spot*) para delimitação dos mesmos. Para estes parâmetros foram empregados, respectivamente, os valores 10, 3 e 100. Os falsos *spots* foram editados manualmente. Para os cálculos de ANOVA o programa utiliza o volume relativo de cada *spot*, considerando o volume dos *spots* detectados no gel como sendo 100%. Após a detecção, é necessário realizar-se o alinhamento entre os géis pela análise comparativa dos mesmos. Primeiramente, entre os 3 géis das repetições de cada amostra e posteriormente entre os géis das duas variedades para cada entrenó. Mesmo com a utilização da ferramenta de alinhamento automático foi necessária uma edição manual de alguns que foram erroneamente alinhados.

3.8.6 Preparo de amostra para análise por espectrometria de massa

3.8.6.1 Dessalinização

A dessalinização dos extratos proteicos, antes da digestão, foi feita pela troca do tampão de solubilização TCT pelo tampão de bicarbonato de amônio [50 mM NH_4HCO_3 pH 8,5]. A troca dos tampões foi possível com a utilização das

colunas Vivaspin 6 com membrana seletiva para 3 kDa (*GE Healthcare*). A membrana passou por uma pré-lavagem, segundo recomendação do fabricante, centrifugando-se os tubos após a adição de ddH₂O a 10.000 g, 4°C, por 20 minutos. A quantidade de proteína necessária para a digestão (50 µg) foi então transferida para o Vivaspin juntamente com 2 mL de tampão bicarbonato de amônio. Após foi centrifugação das amostras, nas mesmas condições da pré-lavagem, até que o volume se reduzisse a 1 mL, adicionou-se 1 mL de tampão bicarbonato de amônio e a amostra foi novamente centrifugada até que o volume se reduzisse a 300-500 µL. As amostras foram transferidas para microtubos de 2 mL, liofilizadas por pelo menos 9 horas e ressuspendidas em 50 µL de tampão bicarbonato de amônio.

3.8.6.2 Digestão de amostra complexa

A cada 50 µg de amostra de proteína a ser digerida adicionou-se 25 µL de 2% (v/v) *RapiGest SF* e seguido de incubação, por 15 minutos, a 80°C. Em seguida acrescentou-se 2,5 µL 100 mM DTT. As amostras foram mantidas por 30 minutos, a 60°C. Após esse período, adicionou-se 2,5 µL de 300 mM IAA. As amostras foram então mantidas por 30 minutos, no escuro, à temperatura ambiente. A digestão se deu por 16-18 horas, a 37°C, após adição de 10 µL de uma solução de tripsina 50 ng/µL. O bloqueio da digestão foi feito pelo acréscimo de 10 µL de 5% (v/v) ácido trifluoroacético (TFA) e incubação a 37°C, por 90 minutos. A finalização do processo de digestão se deu pela centrifugação das amostras a 14.000 g, a 6°C, por 30 minutos e transferência do sobrenadante para quatro microtubos. O volume dos microtubos foi reduzido em concentrador a vácuo (*Concentrator 5301, Eppendorf*), à temperatura ambiente.

3.8.6.3 Purificação

Alíquotas de 10 µL de peptídeos provenientes da digestão de cada amostra, foram solubilizados em 10 µL de 0,1% TFA em água grau HPLC (*J.T.Baker*) e purificados em microcolunas de fase reversa (*Reverse-Phase ZipTip C18, Millipore*), com auxílio de uma micropipeta de 10 µL. Para o equilíbrio da microcoluna aspirou-se 10 µL de solução A [100% (v/v) acetonitrila (ACN); 0,1% (v/v) TFA] seguido de 10 µL de solução B [50% (v/v) ACN; 0,1% (v/v) TFA] e 10

μL de solução C [0,1% (v/v) TFA em água grau HPLC]. A ligação da amostra se fez aspirando-se e dispensando-se a mesma, vagarosamente 10 vezes, seguido de 3 lavagens com 10 μL da solução D [5% (v/v) metanol; 0,1% (v/v) TFA]. Para a eluição dos peptídeos, 10 μL da solução B foram aspirados e descartados em *vial* repetidamente por 10 vezes. As alíquotas de cada amostra purificada por ZipTip foram eluídas em um mesmo *vial*. O volume foi novamente reduzido em concentrador a vácuo e os peptídeos foram solubilizados em 20 μL de 50% (v/v) ACN com 0,1% (v/v) ácido fórmico.

3.8.7 LC-MS/MS

Às amostras já digeridas e purificadas adicionou-se 5 μL de 1 N hidróxido de amônio para elevação do pH, 2,5 μL de 1 $\mu\text{mol}/\mu\text{L}$ de padrão interno *Phosphorylase* (P00489) e formiato de amônio 20 mM pH 10, suficiente para completar o volume para 50 μL .

Os peptídeos foram sequenciados em espectrômetro de massas Synapt G2 HDMS (*Waters*), acoplado a um sistema nanoACQUITY UPLC, com tecnologia 2D-LC (*Waters*). Na primeira dimensão da cromatografia os peptídeos foram separados em coluna XBridge BEH 130, C18, 5 μm (300 μm x 50 mm), através de um gradiente de 3 a 45% de Solvente B [0,1% (v/v) ácido fórmico em ACN), a um fluxo de 2 $\mu\text{L}/\text{min}$. A separação na coluna de segunda dimensão foi feita utilizando um fluxo de 500 $\mu\text{L}/\text{min}$ de gradiente de 10 a 85% de Solvente B, em coluna HSS T3 1,8 μm (75 μm x 150 mm).

3.8.8 Análise dos espectros de massas e identificação das proteínas

Os espectros de massas das amostras foram processados usando-se o programa *ProteinLynx GlobalServer* versão 2.5. Os arquivos de espectros assim processados foram contrastados com o banco de dados do SUCEST e quantificados a partir da comparação com o padrão interno *Phosphorylase* (P00489), adicionado à amostra, somente scores acima de 120 foram considerados. A identificação das proteínas, a partir das sequências identificadas, foi feita através do programa Blast2GO (CONESA *et al.*, 2005), versão PRO. O banco de dados do NCBI (*Nacional Center For Biotechnology Information*: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>) foi utilizado para a realização do

blastp, e considerou-se como critério de seleção os cinco primeiros *hits* de cada sequência e e-value máximo de $1,0e-3$. Também através do Blast2GO, utilizou-se o banco de dados KEGG (*Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*) para identificar as vias metabólicas nas quais as proteínas identificadas estão inseridas.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Seleção do material vegetal

4.1.1 Seleção de variedades segregantes

Inicialmente, selecionou-se sete variedades de cana-de-açúcar: um híbrido comercial (SP 80-3280), três híbridos que passaram por processo de melhoramento, mas que não são mais comercialmente cultivadas (NA 56-79, Co 740 e POJ 2878) e três materiais rústicos, representantes das espécies originais [*Saccharum barberi* (Chunnee), *Saccharum officinarum* 82-72 e *Saccharum officinarum* 82-80]. A escolha de tais materiais, geneticamente contrastantes, reflete a busca por variedades com grande divergência quanto ao acúmulo de sacarose no colmo, de forma que as análises apresentassem resultados significativos. Devido à inviabilidade de se realizar estudos de proteômica com esse elevado número de materiais selecionou-se apenas duas, para a realização dos trabalhos baseando-se na quantidade real de sacarose acumulada pelas variedades.

A seleção dos dois materiais mais contrastantes baseou-se nos resultados da quantificação de sacarose feitos por HPAE-PAD no entrenó 9 meristemático de plantas de 9 meses, na disponibilidade de material vegetal devido ao tempo de desenvolvimento de cada um, tamanho e diâmetro dos colmos e de dados disponíveis em literatura, para a análise dos resultados obtidos. Os valores médios da concentração dos açúcares encontrados nas amostras são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Concentração de açúcares (mg/g M.S.) do entrenó 9 meristemático de sete variedades de cana-de-açúcar com 9 meses de idade

Variedade	Concentração Carboidratos (mg/g) $\pm$ DVPAV			
	Glicose	Frutose	Sacarose	Total
Co 740	86,25 $\pm$ 18,50 B	66,41 $\pm$ 16,79 B	242,31 $\pm$ 4,53 B	394,97 $\pm$ 7,82 C
NA 56-79	6,43 $\pm$ 9,02 D	7,82 $\pm$ 17,33 C	435,77 $\pm$ 4,80 A	450,02 $\pm$ 5,06 BC
POJ 2878	77,02 $\pm$ 35,91 B	71,81 $\pm$ 24,17 B	378,36 $\pm$ 10,29 A	527,19 $\pm$ 4,72 A
SP 80-3280	21,38 $\pm$ 42,97 CD	21,62 $\pm$ 40,92 C	419,52 $\pm$ 2,48 A	462,52 $\pm$ 6,09 ABC
S. barberi (Chunnee)	129,04 $\pm$ 2,33 A	117,00 $\pm$ 3,27 A	248,65 $\pm$ 11,44 B	494,69 $\pm$ 5,34 AB
S. officinarum 82-72	86,91 $\pm$ 16,30 B	64,45 $\pm$ 18,51 B	262,29 $\pm$ 6,24 B	413,66 $\pm$ 9,93 C
S. officinarum 82-80	63,25 $\pm$ 45,35 BC	53,69 $\pm$ 37,24 B	396,60 $\pm$ 8,50 A	513,55 $\pm$ 6,31 AB

* Letras iguais na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey ($p < 0.05$)

O material selecionado como sendo o de maior teor de sacarose foi a variedade SP 80-3280, que apresentou grande quantidade de sacarose e pouca quantidade de glicose e frutose. Embora a variedade NA 56-79 seja a que apresentou maior quantidade de sacarose e menores quantidades de glicose e frutose, não foi selecionada por não ter a mesma importância econômica que a SP 80-3280. Essa variedade comercial é amplamente utilizada nos canaviais do Sul e Sudeste do Brasil em função de sua boa adaptação a esta região, possivelmente explicada por sua exigência para solos úmidos e férteis. Outro fator determinante para a seleção desta variedade nesse estudo proteômico foi o fato dela ter alta representação no SUCEST, o banco de dados de ESTs da cana-de-açúcar, o que facilita a busca por sequências de ESTs para interpretação dos dados de espectrometria de massas e identificação de proteínas.

Após a quantificação dos açúcares, selecionou-se como material de baixo teor de sacarose a variedade Co 740. Apesar de não ter apresentado diferença em relação à *S. barberi* (Chunnee) e *S. officinarum* 82-72, a Co 740 foi selecionada por já ter passado por seleção via melhoramento genético, diferentemente das outras duas que são representantes das espécies originais. Como os dois materiais selecionados são resultados de programas de melhoramento genético, os alelos selvagens, que não apresentam interesse agrônomo, provavelmente já foram eliminados prevalecendo alelos agronomicamente interessantes. Essa característica aumenta a probabilidade de ocorrência de diferenças nas análises de proteômica que podem estar relacionadas à característica em estudo e não a outras características como, por exemplo, nível de perfilhamento e diâmetro de colmo.

As variedades Co 740 e SP 80-3280 são distantes no tempo e local de seleção, 1956 na Índia e década de 80 no Brasil, respectivamente. Os genes e características isolados na Co 740 podem não ser os mesmos da SP 80-3280 por diferença de interesse na época e local em que foram selecionadas. Caso fossem escolhidas duas variedades geneticamente próximas seria esperado que os genes que compõem cada uma fossem semelhantes. Utilizando-se variedades geneticamente distantes, a probabilidade dos genes responsáveis pela característica de interesse serem diferentes também é maior.

A variedade Co 740 foi desenvolvida a partir do duplo cruzamento entre (Co-421 e Co-440) e (Co-464 e Co-440). Suas folhas são eretas e largas. Há ocorrência de manchas/estrias irregulares e a coloração do colmo é amarelo-esverdeado. Apresenta florescimento tardio e esparsos e mesmo se houver alguma movimentação da planta não há nenhuma quebra ou fissura de entrenó. A maturação é de média-tardia. O perfilhamento é bom, apresenta resistência à salinidade e estresse hídrico. Seu ciclo é longo estando boa para colheita no final da temporada e apresenta alto rendimento (INDIAAGRONET, 2010). Sua denominação Co se refere ao local onde foi desenvolvida: Coimbatore, Índia (CHEN; CHOU, 1993).

A variedade SP 80-3280, oriunda do cruzamento entre SP 71-1088 e H 57-5028, destaca-se pelo alto teor de sacarose e produtividade em soqueira. O seu perfilhamento é intermediário e o fechamento das entrelinhas é bom devido ao crescimento inicial vigoroso. Apesar de florescer, apresenta pouca isoporização. Seu teor de fibra é alto; o tombamento é regular e a exigência em fertilidade do solo é média. Tem boa brotação de soqueira, apresenta sensibilidade média a herbicidas e resistência ao carvão, mosaico e ferrugem, além de ser tolerante à escaldadura. Não tem mostrado sintomas da síndrome do amarelecimento e apresenta suscetibilidade à broca. A maturação é de média-tardia (COPLANA, 2010).

4.1.2 Classificação dos entrenós

O crescimento e o desenvolvimento do ápice das plantas de cana-de-açúcar se processam desde os primeiros entrenós do meristema, até por volta dos entrenós 6-7, quando estes estão terminando o processo de alongamento, mas ainda não acumulam expressivas concentrações de sacarose. Já, a partir dos entrenós 7-8 ocorre completo alongamento dos mesmos que estão aptos a acumularem concentrações mais elevadas de sacarose (GLASZIOU; GAYLER, 1972; MOORE, 1995).

Nos experimentos de seleção das variedades, utilizou-se do entrenó 9 identificado pela contagem meristemática, para extração e análise de conteúdo de açúcares. Ao dar início aos trabalhos com o entrenó 5 (também meristemático), seu tamanho reduzido passou a ser um empecilho para a realização de todos os

experimentos e repetições necessárias. Além disso, a coleta dos entrenós meristemáticos é demorada e minuciosa exigindo-se muito cuidado no manuseio das plantas. É necessário desfolhá-la completamente para que possa ser feita a localização do entrenó 1. Em função dos entrenós meristemáticos serem muito pequenos e pouco desenvolvidos, é comum a ocorrência de equívocos no momento da contagem, fazendo com que nem sempre o entrenó desejado seja corretamente coletado.

Objetivando-se facilitar a coleta e evitar erros no momento da contagem dos entrenós foi testada a possibilidade de utilização dos entrenós 5 e 9 identificados pelo sistema Kuijper (VAN DILLEWIJN, 1952). Nesse sistema, a folha que apresenta a primeira aurícula visível no topo da planta onde se localizam as folhas novas, recebe a denominação de folha +1. O nó que prende esta folha recebe a mesma denominação e, portanto, o entrenó envolvido na bainha desta folha também é o entrenó +1.

Dentre os parâmetros a serem avaliados para a escolha do tipo de contagem, a posição dos entrenós foliares apresentavam como vantagem inicial, a facilidade de identificação em relação aos entrenós meristemáticos, assim como, maior facilidade e rapidez de coleta e maior quantidade de material vegetal obtido (Figura 7), principalmente no caso de entrenó 5 que era restritivo nessas condições, além de apresentar menor taxa de oxidação que possibilita obtenção de um extrato proteico de melhor qualidade. As quantidades de material, em massa úmida e seca, para cada um dos entrenós de acordo com as duas formas diferentes de contagem estão mostrados na Tabela 3.

Figura 7 – Entrenós 5 e 9 identificados pelas contagens foliar e meristemática obtidos de planta da variedade SP 80-3280 com 11 meses

Tabela 3 – Massa úmida (g), massa seca (g) e porcentagem de umidade obtidas para os entrenós 5 e 9 identificados pelas contagens meristemática e foliar

Bulk	Massa úmida (g)	Massa seca (g)	% umidade $\pm$ DVPAD
Co.5m	16,72 B C	1,91 B	88,58 $\pm$ 5,19 A B
SP.5m	11,02 C	0,86 B	92,20 $\pm$ 0,87 A
Co.5f	73,80 A	13,29 A	81,99 $\pm$ 3,49 B C
SP.5f	56,28 A B	7,39 A B	86,87 $\pm$ 2,72 A B C
Co.9m	72,95 A	14,23 A	80,49 $\pm$ 1,90 C
SP.9m	71,64 A	12,51 A	82,54 $\pm$ 0,88 B C
Co.9f	77,22 A	16,46 A	78,68 $\pm$ 2,37 C
SP.9f	82,00 A	15,78 A	80,76 $\pm$ 1,78 C

* Letras iguais na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

O rendimento de extração proteica foi outro importante fator considerado para a seleção da forma de contagem do entrenó. A Tabela 4 mostra a quantidade de proteína obtida com a extração e o rendimento, em massa úmida e massa seca, de cada um dos oito *bulks* das amostras.

Tabela 4 – Quantidade de proteína obtida com a extração (mg) e rendimento em massa úmida (mg proteína/g M.U.) e em massa seca (mg proteína/g M.S.) para os entrenós 5 e 9 identificados pelas contagens meristemática e foliar

Bulk	Quantidade de proteína (mg)	Rendimento (mg/g)	
		M.U.	M.S.
Co.5m	13,08	1,42	13,08
SP.5m	24,14	2,05	26,24
Co.5f	4,90	0,85	4,90
SP.5f	3,46	0,47	3,46
Co.9m	2,98	0,57	2,99
SP.9m	2,30	0,40	2,30
Co.9f	3,74	0,80	3,74
SP.9f	2,36	0,46	2,36

Como forma de aumentar o rendimento da extração e possibilitar o uso de uma menor quantidade de material vegetal inicial de forma a facilitar o processo de maceração, empregou-se uma etapa de liofilização das amostras antes da extração. Considerando-se os valores de peso úmido e seco foi possível calcular a porcentagem de umidade das amostras e, a partir dela, a concentração de proteínas, assim como o rendimento da extração de proteínas obtidas por grama de massa úmida e seca (Tabela 4) comprovando a eficácia da liofilização das amostras.

Apesar do entrenó 5 meristemático apresentar melhor rendimento que o foliar, seu tamanho é significativamente menor (Figura 7), e mesmo no *bulk*,

formado a partir de 3 plantas, a quantidade total de material disponível para a extração e análise de carboidrato foi de 0,86g (SP.5m) e 1,91g (Co.5m) (Tabela 3), considerada limitante para realização de repetições. O rendimento do entrenó foliar (Tabela 4) foi mais satisfatória para a realização das análises dos géis 2D-PAGE e de preparo das repetições necessárias, restando ainda material para as análises do conteúdo de carboidratos e espectrometria de massas. O entrenó 9 apresentou quantidade de material suficiente para realização de todas as análises subsequentes não sendo limitante em nenhuma das duas formas de contagem.

Após a solubilização e quantificação das proteínas, procedeu-se a eletroforese em gel de poliacrilamida para verificação da qualidade das extrações (Figura 8). Pelo gel, observa-se boa eficiência da metodologia de extração, resultando em boa qualidade do extrato proteico, sem sinais de degradação ou impurezas.

Figura 8 – SDS-PAGE (12,5%) corado com *coomassie brilliant blue* para avaliação da extração e confirmação da quantificação de proteínas totais de entrenó de cana-de-açúcar

O corante *coomassie brilliant blue G250* utilizado para a coloração dos géis é característico por permitir uma boa reprodutibilidade dentro dos tratamentos, e apresenta como vantagens a sua facilidade de uso e resposta linear à presença de proteína, quando presente em grande quantidade. No caso de proteínas pouco abundantes, o corante coloidal (G250) se liga de maneira eficiente permitindo a visualização das bandas ou *spots*, pois, em geral, ele pode detectar concentrações na ordem de aproximadamente 0,5 a 1 μmol em géis unidimensionais e de 0,2 a 0,5 μmol em géis bidimensionais onde sua sensibilidade é maior (KINTER; SHERMAN, 2000).

Baseado nos resultados desses testes, os entrenós 5 e 9 identificados a partir da contagem foliar foram selecionados como entrenós imaturo e maduro, respectivamente, e foram utilizados para a realização das análises de proteômica.

4.2 Desenvolvimento do experimento

A brotação e desenvolvimento inicial das gemas de cana-de-açúcar se deram em estufa a fim de manter-se o ambiente ótimo para tal etapa do ciclo de desenvolvimento. Como o plantio foi feito no inverno (21/06/2010), a estufa se apresentou como uma boa alternativa devido a criação de ambiente com temperatura mais elevada. A irrigação abundante e diária foi realizada para suprir as exigências de água durante esse período. As taxas de brotação foram de 83,3% para a variedade Co 740 e de 55% para a SP 80-3280.

A instalação definitiva do experimento foi feita com as mudas obtidas e não com as gemas a fim de se evitar que falhas na brotação interferissem no delineamento proposto. Aos 110 dias após o plantio (DAP), as mudas foram transferidas para os vasos contendo terra, em canteiro experimental irrigado, possibilitando seu desenvolvimento, enraizamento abundante e perfilhamento. De forma a evitar-se saturação dos vasos pelo desenvolvimento excessivo das plantas, os perfilhos foram podados de acordo com a necessidade, mantendo-se apenas o colmo principal, objeto de estudo deste trabalho. Durante todo o período de cultivo, não foi observada a presença de doenças ou pragas nas plantas. As interferências externas sofridas foram duas chuvas fortes, com ventania, que provocaram tombamento das plantas, problema resolvido com a instalação de tutores de sustentação. Ocorreu quebra de duas plantas, uma de cada variedade, porém sem prejudicar o andamento das análises.

4.3 Análises fisiológicas

Os dados referentes ao desenvolvimento fisiológico das plantas foi realizado somente próximo ao momento da coleta, devido a dificuldade de disponibilidade e funcionamento dos instrumentos necessários para tal finalidade. Assim, a obtenção dessas informações foi possível somente em uma única data. Desta forma, não foi possível obter curvas de crescimento e maturação ou acompanhar processos fisiológicos como taxa de fotossíntese, por exemplo. Os

dados obtidos são apenas informativos e caracterizam o estado fisiológico da planta no dia da coleta.

4.3.1 Altura da planta, diâmetro do colmo, área foliar e umidade de entrenó

Em relação à altura das plantas (Tabela 5), a variedade SP 80-3280 ($2,07 \pm 0,18$ m) apresentou valores, em média, 0,48m maiores aos observados para a variedade Co 740 ($1,59 \pm 0,14$ m), correspondendo a uma diferença estatisticamente significativa de 23,19%.

Tabela 5 – Análise de variância para a altura (m) das plantas com 12 meses

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	0,197	0,039	1,63	0,1685
variedade	1	3,588	3,588	148,41	<,0001
erro	51	1,233	0,0242		
total	57	5,006			

CV (%) = 8,36; média geral = 1,86 m

Os diâmetros de colmo das variedades SP 80-3280 e Co 740 foram, respectivamente, $24,40 \pm 4,36$ e $23,75 \pm 2,43$ mm, diferença considerada não significativa (Tabela 6). As condições nas quais o experimento foi conduzido favoreceram os valores médios obtidos, pois segundo Ferraz (1983), a disponibilidade hídrica é relevante na maximização de ganhos de produtividade, representado na cana-de-açúcar por melhor crescimento da cultura e maior diâmetro de colmo. Em trabalho sobre a sensibilidade da variedade RB 86-7515 ao encharcamento do solo e velocidade de rebaixamento do lençol freático, Tavares (2009) obteve colmos de pouco mais de 25 mm em plantas de 340 DAP cultivadas em casa de vegetação, diâmetro este aparentemente estável desde os 120 DAP. Já com material de campo irrigado, Silva *et al.* (2012) observaram valores médios praticamente constantes (26,7 mm) no diâmetro do colmo da variedade RB 92-579, a partir dos 132 dias após o corte.

A área foliar é um dos mais importantes parâmetros da análise de crescimento, podendo ser medida por meio de aparelhos específicos ou de fórmulas que permitam sua estimativa, em muitos casos, com bastante precisão. Também é um dos fatores relatados como interferentes na eficiência da produção

Tabela 6 – Análise de variância para o diâmetro de colmo (mm) das plantas com 12 meses

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	59,195	11,839	0,94	0,4604
variedade	1	17,713	17,713	1,41	0,2400
erro	51	639,167	12,533		
total	57	716,843			

CV (%) = 14,81; média geral = 23,90 mm

de cana-de-açúcar (RODRIGUES, 1995). A área foliar média da variedade SP 80-3280 foi de $334,5 \pm 55,08 \text{ cm}^2$, enquanto da variedade Co 740 correspondeu a $325,5 \pm 43,06 \text{ cm}^2$, não representando diferença estatisticamente significativa (Tabela 7). Em função de uma forte ventania à qual as plantas foram expostas 15 dias antes das medições de área foliar, muitas folhas encontravam-se lesionadas, cortadas e/ou com áreas danificadas, fatores que efetivamente influenciaram nos resultados desta análise.

Tabela 7 – Análise de variância para a área foliar (cm^2) das plantas com 12 meses

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	27.635,15	5.527,03	2,6	0,0361
variedade	1	13,644	13,644	0,01	0,9364
erro	50	106.174,92	2.123,50		
total	56	134.008,15			

CV (%) = 13,99; média geral = $329,41 \text{ cm}^2$

Com a liofilização do material vegetal, foi possível calcular as porcentagens de umidade (%U) e de massa seca (%MS = $100 - \%U$) de cada amostra (Figura 9). A diferença significativa observada entre os valores de %U dos entrenós maduros em relação aos imaturos se deu como esperado, de acordo com o descrito por Walsh *et al.* (2005). Segundo os autores, um fato importante que ocorre no tecido de estocagem dos entrenós do colmo da cana-de-açúcar é o processo de lignificação das células do parênquima do colmo durante a maturação do mesmo. O processo de lignificação começa nas células adjacentes ao feixe vascular e avança no sentido centrífugo com o passar do tempo. Menos de 5% das células do tecido de estocagem são lignificadas no entrenó imaturo e mais de 60% das células são lignificadas nos entrenós maduros. Certas células, nunca sofrem lignificação, sendo responsáveis pelo transporte da sacarose entre o simplasto e o apoplasto (WALSH *et al.*, 2005).

Figura 9 - Percentual de umidade obtidos para os entrenós 5 e 9 das duas variedades, valores correspondentes à média de 18 plantas. Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

4.3.2 Trocas gasosas

A folha +1 foi selecionada para as avaliações da taxa de fotossíntese, condutância estomática e transpiração por ser a folha mais fotossinteticamente ativa da planta. De acordo com Rodrigues (1995), a fotossíntese correlaciona-se negativamente com a largura das folhas e positivamente com a sua espessura. Posição mais vertical da folha no colmo, traduz-se em maior eficiência fotossintética, principalmente no caso de populações de alta densidade, devido à penetração mais eficiente da luz no dossel. A fotossíntese também varia com a idade das folhas, atingindo valores de fixação correspondentes aos observados em plantas C4 apenas nas folhas recém-expandidas, enquanto as folhas mais velhas e as muito jovens realizam fotossíntese em níveis semelhantes aos observados em plantas C3 (RODRIGUES, 1995).

Os valores encontrados nesta análise estão apresentados na Tabela 8. Não foram observadas diferenças significativas entre as variedades para nenhum dos parâmetros avaliados (Tabelas 9 - 11). Esses resultados permitem inferir que, no momento da coleta dos dados, todas as plantas encontravam-se homogêneas para os parâmetros avaliados.

Larcher (2004) relata que a saturação luminosa para algumas gramíneas de metabolismo C4 ocorre quando submetidas a $1.500 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ PAR (radiação fotossinteticamente ativa). Apesar da luminosidade média registrada

Tabela 8 – Valores de transpiração foliar, condutância estomática e fotossíntese líquida $\pm$ DVPAD obtidas na data da coleta do experimento

Variedade	Transpiração ($\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)	Conduct. Estomática ($\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)	Fotossíntese ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)
Co 740	1,9167 $\pm$ 0,33	0,0533 $\pm$ 0,01	8,2592 $\pm$ 1,59
SP 80-3280	2,2175 $\pm$ 0,92	0,0708 $\pm$ 0,04	10,3625 $\pm$ 4,24

Tabela 9 – Análise de variância para transpiração ($\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) em plantas de 12 meses

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	3,279	0,656	1,52	0,2345
variedade	1	0,909	0,909	2,11	0,1644
erro	17	7,315	0,43		
total	23	11,503			

CV (%) = 31,07; média geral = 2,11($\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)Tabela 10 – Análise de variância para condutância estomática ($\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) em plantas de 12 meses

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	0,0056	0,0011	0,4	0,3993
variedade	1	0,0026	0,0026	0,13	0,1304
erro	17	0,0175	0,001		
total	23	0,0258			

CV (%) = 50,36; média geral = 0,06 ($\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)Tabela 11 – Análise de variância para taxa de fotossíntese ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) em plantas de 12 meses

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	65,558	13,112	1,39	0,2763
variedade	1	36,433	36,433	3,87	0,0657
erro	17	160,041	9,414		
total	23	262,032			

CV (%) = 32,3; média geral = 9,49 ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)

durante as medições ter sido próxima a esse valor ($1.316 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), a taxa média de fotossíntese observada ficou muito aquém, quando comparada ao valor teórico normalmente observado para gramíneas (entre 30 e $60 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) relatado pelo referido autor após uma compilação de resultados de diversos autores.

A resistência estomática, ou seja, o grau de fechamento dos estômatos, que por sua vez é o inverso da condutância estomática, é regulada pela planta de forma que a transpiração é proporcional ao balanço de energia, sem induzir aquecimento excessivo das folhas. Acredita-se que o status das células

epidérmicas seja o responsável pela abertura estomática e não o aumento do *status* hídrico da folha (LARCHER, 2004).

4.3.3 Potencial hídrico foliar e umidade do solo

O potencial de água na folha é um bom indicador do estado hídrico da planta. É um parâmetro altamente dinâmico, grandemente influenciado pelo microclima dentro do *continuum* solo-planta-atmosfera e pelas condições atmosféricas reinantes (SLATYER, 1969 *apud* TAVARES, 2009).

No presente estudo, o potencial hídrico foliar observado para as variedades Co 740 e SP 80-3280 foram, respectivamente, às 5:30h $13,32 \pm 2,50$ e $12,26 \pm 1,31$ e às 13:00h $18,92 \pm 3,02$ e $17,92 \pm 1,53$, apresentando diferenças significativas entre as médias obtidas para as variedades e os horários nos quais foram feitas as leituras (Tabela 12). Esta diferença corresponde à redução de 30,6% no potencial, às 13h, quando comparado ao potencial às 5:30h. Apesar da umidade percentual do solo, não ter se alterado significativamente entre os dois períodos (Tabela 13), 24,09% às 5:30h e 21,78%, às 13:00h, em decorrência da irrigação do canteiro experimental, as alterações no potencial hídrico foliar podem ser explicadas pela variação das condições ambientais de temperatura, das necessidades fisiológicas da planta por água para fotossíntese e ocorrência de transpiração entre as duas medições.

Tabela 12 – Análise de variância para o potencial hídrico foliar (bar) das duas variedades e nos dois horários (5:30h e 13:00h) de leitura

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	12,4316	2,4863	0,29	0,9033
variedade	1	6,9620	6,9620	22,85	0,0050
variedade*bloco	5	1,5235	0,3047	0,04	0,9990
horário	1	154,5680	154,5680	18,27	0,0027
variedade*horário	1	0,1620	0,1620	0,02	0,8934
erro	8	67,6700	8,4587		
total	21	261,3132			

CV(%) = 18,34; média geral = 15,86 bar

4.3.4 Índice de maturação

Com o uso do sistema de pagamento pelo teor de sacarose, mais precisamente, pelo teor de açúcares totais recuperáveis (ATR/Mg de cana-de-

açúcar colhida), há necessidade do produtor conciliar a alta produtividade da cana-de-açúcar com o elevado teor de sacarose na época da colheita representado pelo Brix, que deve ser superior a 18% e se apresentar

Tabela 13 – Análise de variância para a umidade do solo (%) em todos os vasos nos dois horários de medição (5:30h e 13:00h)

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	27,1451	5,4290	1,06	0,3946
variedade	1	2,2472	2,2472	0,19	0,6827
variedade*bloco	5	59,7869	11,9574	2,32	0,0543
horário	1	96,1422	96,1422	18,68	<,0001
variedade*horário	1	0,0392	0,0392	0,01	0,9308
erro	58	298,4634	5,1459		
total	71	483,8240			

CV (%) = 9,89; média geral = 22,93%

uniformemente distribuído ao longo dos colmos. O princípio fundamental básico do início da maturação é a redução do crescimento por idade fisiológica ou por fatores ambientais como deficiência hídrica e/ou térmica. A variedade também é um fator importante para se determinar previamente a época de maior maturação (PEREIRA; SEGATO, 2006).

Segundo Pereira e Segato (2006) a estimativa do estado de maturação do talhão pode ser feita por uma pré-análise baseada na determinação do Brix utilizando-se um refratômetro de campo. O refratômetro fornece diretamente a concentração de sólidos solúveis do caldo (Brix), que está estreitamente correlacionado ao teor de sacarose da cana-de-açúcar. O critério mais racional de estimar a maturação pelo refratômetro de campo é pelo índice de maturação (I.M.), que consiste na razão entre o Brix do topo do colmo e o Brix da base do mesmo.

No presente estudo, os valores obtidos para o índice de maturação foram 0,72 e 0,66 para SP 80-3280 e Co 740, respectivamente. Quando analisados estatisticamente, considerando-se as causas de variação, apresentaram diferença significativa (Tabela 14); porém encontram-se no mesmo estágio de maturação, denominado “em processo de maturação”, segundo Deuber (1988). Esse estágio de desenvolvimento é ideal para o propósito do trabalho, pois espera-se que o entrenó 9 esteja maduro, ou próximo da maturação final, e o entrenó 5 imaturo, ou

em maturação. Essas características possibilitam a visualização de diferenças entre os entrenós, o que provavelmente não seria possível se a planta estivesse no estágio “maduro” e os dois entrenós apresentassem a mesma condição de acúmulo de carboidrato.

Tabela 14 – Análise de variância para o índice de maturação das duas variedades para plantas com 12 meses.

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Pr > F
bloco	5	0,043	0,0085	1,48	0,2132
variedade	1	0,098	0,0983	17,04	0,0001
erro	51	0,295	0,0058		
total	57	0,428			

CV (%) = 11,05; média geral = 0,69

Considerando-se que a época de plantio da cana de ano é de outubro a novembro (ROSSETTO; SANTIAGO, 2011) e o período da colheita se dá entre julho e novembro, para as variedades médias-tardias (NUNES JR, 1987; LAVANHOLI, 2010), pode-se inferir que as plantas estão prontas para o processamento industrial, ou seja, maduras, com a idade de 9-13 meses. Apesar das duas variedades selecionadas para este trabalho serem classificadas como tendo maturação média-tardia, aos 12 meses ainda se encontravam “em processo de maturação”, possivelmente devido a irrigação diária do canteiro experimental não possibilitando que as plantas sofressem indução por estresse hídrico, um dos fatores mais importantes, juntamente com a temperatura, para o estímulo da maturação em cana-de-açúcar.

4.4 Análise do conteúdo de açúcares solúveis

HPAE-PAD é um estabelecido método para análise do conteúdo de açúcares solúveis por ser sensível, seletivo e apresentar uma boa taxa de detecção linear. Essa técnica tem sido empregada para quantificação de carboidratos em alimentos e tecido animal e vegetal (ALBERTSON; GROF, 2007). De acordo com as especificações do próprio fabricante (*Dionex, Sunnyvale, CA, USA*), a coluna CarboPac PA1 é particularmente bem adaptada para a análise de monossacarídeos e para separação de homopolímeros lineares.

4.4.1 Conteúdo de carboidrato

Os entrenós imaturos (entrenó 5) e maduros (entrenó 9) das variedades Co 740 e SP 80-3280 foram analisados em relação ao conteúdo dos seus açúcares solúveis mais relevantes (glicose, frutose e sacarose). A Tabela 15 mostra as concentrações destes e dos carboidratos totais obtidas. Os valores representam a média de 18 plantas, consistindo nas replicatas biológicas, e de 3 repetições técnicas de cada planta.

Tabela 15 - Concentração de carboidratos (mg/g massa seca) $\pm$ DVPAD dos entrenós 5 e 9 foliares das duas variedades com idade de 12 meses

Entrenó	Variedade	Concentração Carboidratos (mg/gMS)			
		Glicose	Frutose	Sacarose	Total
5	Co 740	37,23 $\pm$ 11,79 B	36,35 $\pm$ 11,04 B	340,48 $\pm$ 55,80 B	414,07 $\pm$ 58,61 B
	SP 80-3280	49,74 $\pm$ 14,57 A	45,21 $\pm$ 12,22 A	313,22 $\pm$ 71,10 B	411,22 $\pm$ 65,45 B
9	Co 740	9,15 $\pm$ 4,52 C	10,66 $\pm$ 4,92 C	518,46 $\pm$ 55,86 A	538,43 $\pm$ 56,28 A
	SP 80-3280	5,73 $\pm$ 4,05 C	8,10 $\pm$ 6,28 C	529,57 $\pm$ 85,18 A	543,72 $\pm$ 87,18 A

Como já descrito na revisão de literatura, as necessidades de açúcares de entrenós maduros e imaturos são diferentes. Os entrenós imaturos e em fase de desenvolvimento vegetativo necessitam de mais glicose e frutose, açúcares prontamente disponíveis para utilização pela célula, por exemplo para respiração e síntese de parede celular. De forma oposta, os entrenós maduros já cessaram seu desenvolvimento vegetativo e priorizam o acúmulo de carboidratos, sob a forma de sacarose. Pela análise de açúcares feita com as plantas de 12 meses, em processo de maturação, fica clara a diferença na partição dos carboidratos nos entrenós maduros e imaturos.

Segundo Rae *et al.* (2005), a cana-de-açúcar é uma gramínea de metabolismo do tipo C₄, capaz de acumular sacarose no colmo a níveis que excedem 50% do peso seco. A quantidade de sacarose na variedade Co 740 corresponde a 51,85% do peso seco e na variedade SP 80-3280 a 52,96%, corroborando com o descrito por esses autores e demonstrando, novamente, o grande potencial de armazenamento de carboidratos desta espécie.

As variedades Co 740 e SP 80-3280 foram selecionadas de um grupo de sete possibilidades de genótipos para caracterização proteômica por serem umas das mais segregantes quanto ao teor de sacarose. Entretanto, quando foi feita a quantificação de carboidratos das plantas oriundas do experimento instalado

especificamente para este projeto, verificou-se que as duas variedades apresentavam o mesmo teor elevado de sacarose (Tabela 15). Três possíveis explicações podem justificar a ausência de diferenças entre as duas variedades:

- **Explicação 1:** A diferença de idade do material vegetal utilizado para a seleção das variedades e o material utilizado do experimento pode ter influenciado nas análises. As plantas utilizadas para o teste de seleção de variedade tinham idade de 9 meses. Já as plantas utilizadas nos experimentos foram coletadas com 12 meses. Essa diferença de idade poderia explicar o ocorrido caso as duas variedades apresentassem a mesma quantidade de açúcares quando maduras, mas a variedade Co 740 demorasse mais para atingir esse estágio. Dessa forma, a avaliação feita antes da maturação final deveria apresentar diferenças entre elas. Como as duas variedades possuem maturação classificada como média-tardia, espera-se que a quantidade de açúcar acumulada em relação ao tempo seja semelhante e não apresente diferenças como as observadas no teste de seleção de variedades.

- **Explicação 2:** O cultivo em canteiro experimental com irrigação diária e adubação pode ter criado condições mais favoráveis que as disponíveis no campo, possibilitando melhor desenvolvimento vegetativo, maior expansão dos entrenós, maior eficiência fotossintética e/ou outras alterações fisiológicas que permitiram maior produção e acúmulo de carboidratos.

- **Explicação 3:** As plantas utilizadas para a seleção das variedades podem não ter sido cultivadas em condições que permitissem que elas se desenvolvessem de maneira adequada. Dessa forma, o fenótipo de baixo teor de sacarose não corresponde à característica real da variedade e sim a uma subprodução excepcional daquele material.

Quando verificou-se a ocorrência desta variação no fenótipo da variedade Co 740, as plantas de campo estavam ainda com 7 meses de idade, não sendo possível uma nova quantificação dos carboidratos para testar as hipóteses propostas.

4.5 Análises do proteoma

4.5.1 Formação dos *bulks*

Os *bulks* do material vegetal foram organizados de acordo com os dados fisiológicos disponíveis de forma a facilitar a seleção das plantas consideradas semelhantes para a composição dos mesmos. A determinação de um *bulk* homogêneo foi utilizada a fim de se evitar que divergências futuramente observadas nos resultados de proteômica fossem resultantes de fatores fisiológicos isolados como, menor desenvolvimento de uma determinada planta, por exemplo, não relacionados com a identidade genética das variedades. Outra finalidade deste agrupamento foi evitar possíveis efeitos do delineamento experimental em blocos que possam ter ocorrido durante o cultivo. Desta forma, a composição de um *bulk* seria representativa para cada variedade proveniente de cada um dos blocos.

Os parâmetros fisiológicos utilizados para a formação dos dendogramas (Figura 10) foram os que estavam prontamente disponíveis logo após a coleta (não sendo consideradas, assim, as informações sobre composição de carboidratos) e os parâmetros que forneciam informações sobre todas as plantas coletadas, descartando-se, dessa forma, os dados de condutância estomática, taxa de fotossíntese, transpiração e potencial hídrico foliar.

4.5.2 Extração proteica total do colmo

Os rendimentos das extrações de proteína total dos *bulks* apresentados na Tabela 16 refletem a relação entre carboidratos e proteína. O entrenó 5 que ainda está em processo de acúmulo de sacarose apresenta maior quantidade de proteína em relação ao entrenó 9 que está em estágio mais avançado de maturação. A quantidade de proteína obtida possibilitou a elaboração de géis 2D-PAGE em triplicata e análise de amostra complexa em espectrometria de massa.

Embora muitos esforços sejam concentrados no desenvolvimento de novas tecnologias de alta resolução/performance para a separação e identificação proteica, é importante ressaltar que a principal etapa para o sucesso do estudo de proteoma se refere à extração e preparação das amostras. Esta etapa é um

Figura 10 – Dendrograma das plantas coletadas das variedades Co 740 e SP 80-3280. As plantas selecionadas para a formação dos *bulks* estão destacadas pelos círculos vermelhos. Na identificação das plantas o número antes do ponto diz respeito ao bloco a que ela pertence e o número após o ponto a sua identificação no vaso

Tabela 16 – Quantidade de proteína obtida com a extração (mg) e rendimento em massa úmida (mg proteína/g M.U.) e em massa seca (mg proteína/g M.S.) para os entrenós 5 e 9 de plantas com 12 meses (análise em *bulk*)

Bulk	Quantidade de proteína (mg)	Rendimento (mg/g)	
		M.U.	M.S.
Co.5	37,61	1,68	9,40
SP.5	24,64	1,21	6,16
Co.9	15,71	0,74	3,93
SP.9	9,40	0,47	2,35

passo vital para uma abordagem proteômica baseada em gel 2D e é absolutamente essencial para resultados reprodutíveis.

A análise proteômica de materiais vegetais é normalmente mais trabalhosa em relação a outros organismos. Isto se deve ao fato das plantas possuírem uma menor concentração relativa de proteínas, da frequente presença de componentes não-proteicos específicos de plantas como ácidos orgânicos,

lipídios, polifenóis, pigmentos e terpenos, por exemplo. A presença desses componentes entre outros, como proteases, polissacarídeos de reserva, lipídeos e compostos fenólicos e secundários, interferem negativamente na estabilidade das proteínas, separação e análise. Tecidos de cana-de-açúcar são conhecidos pela sua rigidez, pela natureza fibrosa, altos níveis de enzimas oxidativas, compostos fenólicos, carboidratos (especialmente sacarose) e outros metabólitos interferentes especialmente no tecido do colmo. (AMALRAJ *et al.*, 2010).

Conforme descrito na literatura, a extração fenólica de proteínas resulta na obtenção de extrato proteico com maior pureza e consequentemente uma melhor resolução das proteínas nos géis 2D-PAGE (HURKMAN; TANAKA, 1986). Amalraj (2010) após testar diversos protocolos para extração proteica total do colmo de cana-de-açúcar concluiu que o método fenólico, semelhante ao proposto por Hurkman e Tanaka (1986), tem rendimento de proteínas consideravelmente maior que outras metodologias como TCA/acetona, por exemplo. Esta extração remove do extrato vegetal compostos secundários, sais, carboidratos e ácidos nucleicos, que interferem na eletroforese bidimensional provocando, após a coloração, o aparecimento de manchas nos géis (HURKMAN; TANAKA, 1986; SARAVANAN; ROSE, 2004; FAUROBERT *et al.*, 2006). Estes compostos são facilmente removidos da amostra por ficarem aderidos à fase solúvel do tampão de extração. Outro aspecto positivo deste método de extração é o fato da proteólise ser minimizada na presença do fenol (HURKMAN; TANAKA, 1986).

4.5.3 Análise unidimensional

A qualidade das extrações e confiabilidade da quantificação foi verificada através de gel de poliacrilamida contendo 10 µg de proteína total de cada *bulk* (Figura 11). Por ele foi possível constatar a boa qualidade dos extratos proteicos, sem sinais de degradação ou impurezas, e boa quantificação devido à coerência na intensidade das bandas entre as quatro amostras.

Figura 11 – SDS-PAGE (12,5%) corado com *coomassie brilliant blue* para avaliação de extração e confirmação de quantificação de proteínas de entrenó de cana-de-açúcar

4.5.4 Análise por géis bidimensionais

A partir de testes preliminares realizados no laboratório foi possível observar que a maioria das proteínas de colmo de cana-de-açúcar possuem pI entre os pH's 4 e 7. Assim, utilizou-se para a focalização isoeletrica fitas de poliacrilamida com gradiente de pH 4-7 imobilizado. Testes com gradiente de pH de 3 a 10 mostraram que essa grande amplitude de pH diminui a eficiência de separação das proteínas e dificulta a etapa de sequenciamento devido à presença de mais de um tipo proteico em um mesmo *spot*. A voltagem acumulada ideal para a melhor focalização isoeletrica das proteínas varia de acordo com o material vegetal e com o tecido, por isso é necessária a realização de testes iniciais que permitam a adequação das condições de focalização às diferentes situações. Tais testes preliminares demonstraram ser necessário o acúmulo de 80.000 V.h. para que ocorra migração satisfatória do mix proteico (dados não publicados). Os géis apresentaram boa qualidade (Figura 12), com *spots* isolados e bem definidos, essencial para uma boa análise de imagem.

Os perfis eletroforéticos de proteínas foram comparados entre as duas variedades, para os dois estádios de maturação dos entrenós, com a finalidade de quantificar os *spots* diferencial e preferencialmente expressos em cada uma delas.

Figura 12 – Géis bidimensionais ilustrando proteínas de colmo de cana-de-açúcar na faixa de pH de 4-7 e corados com *coomassie brilliant blue*

4.5.4.1 Análise de imagem dos 2D-PAGE

- **Entrenó 5**

Na média das repetições detectou-se 689 *spots* em cada uma das variedades. Na comparação entre as variedades, o programa de análise de imagem detectou 701 alinhamentos no total, dos quais 87 foram diferencialmente expressos entre as variedades pelo teste *t* ($p < 0,05$), sendo 42 com maior expressão em Co 740 e 45 com maior expressão em SP 80-3280 (Figura 13). Doze *spots* foram preferencialmente expressos em Co 740 e outros 12 foram preferencialmente expressos em SP 80-3280 (Figura 14).

Figura 13 – Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 5 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são diferencialmente expressos entre as duas variedades com maior nível de expressão na variedade correspondente ao gel onde estão destacados

Figura 14 - Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 5 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são preferencialmente expressos em cada uma das duas variedades

• Entrenó 9

Na média das repetições detectou-se 609 *spots* na variedade Co 740 e 614 *spots* na variedade SP 80-3280. Na comparação entre as variedades, o programa de análise de imagem detectou 625 alinhamentos ao todo, dos quais 85 foram diferencialmente expressos entre as variedades pelo teste *t* ($p < 0,05$), sendo 41 com maior expressão em Co 740 e 44 com maior expressão em SP 80-3280

(Figura 15). Onze *spots* foram preferencialmente expressos em Co 740 e 16 foram preferencialmente expressos em SP 80-3280 (Figura 16).

Figura 15 - Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 9 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são diferencialmente expressos entre as duas variedades com maior nível de expressão na variedade correspondente ao gel onde estão destacados

Figura 16 - Géis 2D-PAGE (12,5%) com gradiente de pH imobilizado 4-7, corados com *coomassie brilliant blue*, das proteínas totais de entrenós 9 de cana-de-açúcar. A: variedade Co 740; B: variedade SP 80-3280. Os *spots* destacados em verde são preferencialmente expressos em cada uma das duas variedades

Os volumes relativos dos *spots*, calculados pelo programa ImageMaster, para os *spots* diferencial e preferencialmente expressos, dos entrenós maduros e imaturos de todos os géis e o resultado da ANOVA, podem ser visualizados nas Tabelas 19 e 20 (Anexos A e B).

Os géis 2D-PAGE foram elaborados como uma alternativa para a MudPIT enquanto os protocolos para a análise de amostra complexa no espectrômetro de massas eram estabelecidos. Como optou-se preferencialmente para as análises por MudPIT, os *spots* dos géis identificados como diferencial e preferencialmente expressos não foram sequenciados para a identificação das proteínas correspondentes. Os resultados obtidos pela análise de imagem forneceram uma prévia do que poderia ser esperado nos resultados da análise das amostras complexas em termos de quantidade de proteínas identificadas e com diferença de expressão entre as amostras.

4.5.5 Quantificação por espectrometria de massas

A adição de uma concentração conhecida de padrão interno nas amostras permite que seja feita a quantificação das proteínas identificadas. Assim, a concentração total de peptídeos na amostra pôde ser aferida a partir da soma da concentração dos peptídeos individuais (Tabela 17).

Tabela 17 – Porcentagem de peptídeos quantificados em relação à quantidade identificada em espectrômetro de massas e quantidade de peptídeos obtido com a extração (mg) para os entrenós 5 e 9 de plantas com 12 meses (análise em *bulk*)

Bulk	% de peptídeos quantificados	Quantidade de peptídeos (mg)
Co.5	54,0	7,53
SP.5	57,5	4,88
Co.9	56,8	1,35
SP.9	52,7	1,05

A quantificação dos peptídeos presentes nas amostras permite realizar-se a comparação entre as mesmas, a fim de se verificar como se dá a expressão das proteínas em cada uma delas. A análise de expressão possibilita identificar as proteínas que são diferencialmente expressas e as que são preferencialmente expressas em uma ou outra amostra.

Somente para o *bulk* de amostra SP.5 foi feita a triplicata da técnica, após o processamento dos espectros de massa e identificação das proteínas com o auxílio do banco de dados do SUCEST, utilizou-se a ferramenta *Merge* do próprio programa *ProteinLinx* para gerar uma única tabela com as informações oriundas das três repetições. Como não foi possível realizar replicatas biológicas e técnicas das amostras, as informações obtidas, por se referirem a apenas uma análise, tem menor poder de detectar diferenças quando comparadas a dados obtidos a

partir de mais de uma avaliação. Por essa razão, a análise de expressão foi posposta até a realização das replicatas.

4.5.6 Caracterização dos proteomas

O *Gene Ontology* (<http://www.geneontology.org>) é o sistema de ontologias utilizado pelo programa de análise funcional de sequências Blast2GO. Este apresenta uma padronização da representação dos genes e seus produtos para todos os sistemas biológicos, subdividindo-os em três categorias: processo biológico – refere-se à atividade biológica a qual o gene ou seu produto, está relacionado; função molecular – atividade bioquímica do gene, ou produto; e componente celular – local na célula onde o gene ou seu produto é ativo (NODA *et al.*, 2010). As proteínas de cada *bulk* foram separadas quanto a essas três categorias, possibilitando identificar aquelas relacionadas diretamente com o metabolismo de carboidratos e visualizar a participação deste na biologia celular. A listagem de todas as proteínas identificadas neste trabalho se encontra na Tabela 21 (Anexo C). No total dos 4 *bulks* identificou-se 3.962 *clusters*, obtidos a partir do agrupamento dos ESTs de cana-de-açúcar (VETTORE *et al.*, 2001), com o auxílio da base de dados do SUCEST. Desconsiderando-se os que se repetiram entre as variedades, a partir dos 1.493 *clusters* restantes, foi possível identificar 822 proteínas diferentes através do algoritmo *blastp*, uma vez que *clusters* diferentes podem corresponder à mesma proteína, distribuídas em 84 vias metabólicas. Para 46 *clusters* não foi possível identificar a proteína correspondente.

As proteínas contabilizadas como participantes do metabolismo de carboidratos foram todas as classificadas pelo Blast2GO como sendo parte do processo biológico denominado “Metabolismo de carboidratos” e as que não foram abrangidas por essa classificação, mas possuíam ao menos uma das seguintes funções moleculares: “Transporte” (desde que relacionado a carboidrato), “Ligação a carboidrato/açúcar/manose”, “Ligação a nucleotídeo” (desde que UDP-glicose) e “Atividade transferase” (desde que UTP- ou UDP-glicose). Dessa forma, considerando-se os 4 *bulks* em conjunto selecionou-se 71 proteínas.

Após a seleção destas proteínas, fez-se uma busca pelo EC (*Enzyme Code*) de cada uma delas no *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes* (KEGG) para identificar a qual via, ou vias, metabólica elas pertencem (Tabela 18). Dezesesseis delas não puderam ser identificadas pelo banco de dados, as outras 55 foram distribuídas em 21 vias metabólicas.

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continua)						
Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCCCCL3001G11.b	2 dehydro 3 deoxyphosphonate aldolase	P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; P:lipid metabolic process; C:plastid; F:transferase activity	Lipopolysaccharide biosynthesis	EC:2.5.1.55	SP.5; Co.9	0,1165; 0,2348
SCMCRT2108A05; SCMCST1049F11	6 phosphogluconate dehydrogenase isoenzyme a	F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; F:catalytic activity	Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.44	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-
SCQSLR1018F09; SCBFAD1067A05	6 phosphogluconate dehydrogenase2	F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; F:catalytic activity	Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.44	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,8401; - ; -
SCCCLR1065E11; SCCCLR1065F02	aconitate cytoplasmic	C:cytoplasm; F:binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Glyoxylate and dicarboxylate metabolism	EC:4.2.1.3	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,3504; 2,1202; 1,3321; 1,6495
SCSGRT2066H06; SCSGRT2066C02	af444195 1 malate dehydrogenase	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:mitochondrion	Carbon fixation in photosynthetic organisms; Citrate cycle (TCA cycle); Pyruvate metabolism; Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; Methane metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.37	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,1204; - ; 1,71
SCJFRT1008E10; SCJFRT1007E09	af486280 1 cytosolic 6 phosphogluconate dehydrogenase	F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; F:catalytic activity	Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.44	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,5319; 0,635; 0,9373; -

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)						
Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCSBRZ3124A08; SCSBSB1096D03	alfc orysj ame full fructose bisphosphate chloroplastic short aldp flags precursor	P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; C:plastid; C:mitochondrion	Fructose and mannose metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms; Biosynthesis of secondary metabolites; Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Methane metabolism	EC:4.1.2.13	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,229; 0,1685; 0,2892; -
SCAGLR1021A12; SCAGHR1018G09	alpha glucan protein synthase	C:Golgi apparatus; C:plasma membrane; C:cell wall; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:transferase activity; C:extracellular region; P:cellular component organization	-	EC:2.4.1.18 6	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,2218; - ;-
SCBFAM2117B08; SCBFFL5074C09; SCBFFL5074C09; SCBFFL5074C09	alpha glucan protein synthase 1	C:plasma membrane; C:cell wall; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:transferase activity; P:cellular component organization	-	EC:2.4.1.18 6	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,5273; 0,128; 0,3369
SCUTAM2089E05; SCUTAM2089E05	amyb maize ame full beta amylase ame full alpha d glucan maltohydrolase	P:carbohydrate metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:binding	-	EC:3.2.1.2	SP.5; Co.9; Co.5	0,5009; 0,2279; 0,0652
SCCCLR1C07G09	apospory associated protein c	F:carbohydrate binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:5.1.3.15	Co.9	0,0613
SCCCLR1C05G08; SCCCLR1C06C11; SCCCLR1C06C11; SCCCLR1C06C11	atp citrate synthase beta chain protein 1 like	F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:transferase activity	Citrate cycle (TCA cycle); Propanoate metabolism; C5-Branched dibasic acid metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:6.2.1.5; EC:2.3.3.8	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,7864; 1,8698; 0,7427; 1,2662
SCJFLR1013A12; SCJFLR1013B03; SCJFLR1013B03; SCJFLR1013B03	bisphosphoglycer ate independent phosphoglycerat e mutase	C:cytoplasm; F:binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Glycine, serine and threonine metabolism; Methane metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:5.4.2.1	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 1,1548; 1,3006; 2,3611
SCCCL3001C03.b 4	citrate synthase 4	F:transferase activity; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Citrate cycle (TCA cycle)	EC:2.3.3.1	Co.9	-

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCCCLR1001E04; SCCCLR1001E04; SCCCLR1001E04	chloroplast ribulose bispophosphate carboxylase oxygenase small subunit	P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:photosynthesis; F:catalytic activity; P:cellular process; C:plastid; P:metabolic process	Biosynthesis of secondary metabolites; Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms	EC:4.1.1.39	SP.5; Co.9; SP.9	0,5473; 0,0696; 0,2294
SCCCCL3003D06.b	citrate glyoxysomal precursor	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:transferase activity; C:plastid	-	EC:2.3.3.0	Co.5	1,3224
SCCCCL3001C03	citrate synthase mitochondrial expressed	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:transferase activity; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:mitochondrion	Citrate cycle (TCA cycle)	EC:2.3.3.1	Co.9	0,1607
SCCCRZ1001D02; SCCCRZ1001D04; SCCCRZ1001D04; SCCCRZ1001D04	cytoplasmic 2	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:binding; F:catalytic activity	Amino sugar and nucleotide sugar metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites; Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Galactose metabolism; Purine metabolism; Starch and sucrose metabolism	EC:5.4.2.2	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	6,8948; 1,8223; 1,7148; 1,6527
SCCCLR1079A02; SCCCLR1079B06; SCCCLR1079B06; SCCCLR1079B06	cytosolic phosphoglycerat e kinase 1	C:cytoplasm; F:kinase activity; P:metabolic process; P:cellular process; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Carbon fixation in photosynthetic organisms; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:2.7.2.3	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,3467; 0,2291; 0,2566
SCCCCL4007C09; SCCCCL4007E05	diphosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransfer ase	F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Fructose and mannose metabolism; Galactose metabolism; Methane metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:2.7.1.11	Co.5; Co.9	-; 0,2442
SCJFLR1073H08; SCJFLR1073H09; SCJFLR1073H09; SCJFLR1073H09	enolase 1	C:cell; C:cytosol; F:catalytic activity; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Methane metabolism	EC:4.2.1.11	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	1,3072; 2,8962; 3,2571; 2,4468

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)						
Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCVPFL3049D03; SCVPHR1091H08; SCVPHR1091H08	enolase 2	C:cell; C:cytosol; F:catalytic activity; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Methane metabolism	EC:4.2.1.11	Co.5; SP.5; Co.9	-; 0,015; - -
SCCCCL3080G07; SCAGLR2011C02; SCAGLR2011C02; SCAGLR2011C02	fructokinase 2	F:kinase activity; P:carbohydrate metabolic process; F:nucleotide binding; P:metabolic process; P:cellular process	Starch and sucrose metabolism; Fructose and mannose metabolism	EC:2.7.1.4	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,3275; - ;-
SCCCCL3005C01.b; SCCCCL3005E06.b; SCCCCL3005E06.b; SCCCCL3120C03	fructose bisphosphate aldolase	P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity	Fructose and mannose metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms; Biosynthesis of secondary metabolites; Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Methane metabolism	EC:4.1.2.13	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,4519; 0,2849; 2,2445
SCCCRZ2001D09; SCACSB1037G08; SCACSB1037G08; SCACSB1037G08	fructose bisphosphate aldolase cytoplasmic isozyme	P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:cytoplasm; F:catalytic activity	Fructose and mannose metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms; Biosynthesis of secondary metabolites; Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Methane metabolism	EC:4.1.2.13	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	5,5214; 0,1491; 0,1633; 0,5927
SCMCLR1053D11; SCMCLV1030C12; SCMCLV1030C12	fructose bisphosphate chloroplast expressed	P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity	Fructose and mannose metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms; Biosynthesis of secondary metabolites; Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Methane metabolism	EC:4.1.2.13	Co.5; Co.9; SP.9	0,8673; - ;-
SCUTLR1037F12; SCUTLR1037G10; SCUTLR1037G10; SCUTLR1037G10	glucose 6 phosphate 1 cytoplasmic isoform	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:metabolic process; F:nucleotide binding	Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.49	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,6342; 0,6332; 0,4187; 0,8488
SCBFLR1026E02; SCBFLR1026E04	glucose 6 phosphate 1 epimerase like	F:carbohydrate binding; P:carbohydrate metabolic process; F:catalytic activity	-	-	Co.5; Co.9	1,3357; 0,1925

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCVPRT2077G09; SCVPRT2079H06; SCVPRT2079H06; SCVPRT2079H06	glucose 6 phosphate dehydrogenase	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; C:plastid; P:metabolic process	Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.49	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 0,2541; - ; 0,2676
SCQSLR1061D04; SCQSLR1061E07; SCQSLR1061E07	glucose 6 phosphate isomerase	C:cytoplasm; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Starch and sucrose metabolism; Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	EC:5.3.1.9	Co.5; Co.9; SP.9	1,3993; 0,2096; 0,6108
SCCCCL2001A05.b; SCCCCL2001B02.b; SCCCCL2001B02.b; SCCCCL2001B02.b	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:metabolic process	-	EC:1.2.1.0	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,7034; 0,6855; 0,0402; 0,0533
SCEPFL3080C01; SCEPFL3082A08; SCEPFL3082A08; SCEPFL3082A08	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic 1	C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; P:metabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.2.1.12	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	a-; -; -
SCCCLR1001D03; SCCCLR1001E06; SCCCLR1001E06; SCCCLR1001E06	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic 3	F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; P:metabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.2.1.12	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; 2,6854; 2,7314; 5,1365
SCCCCL3001G01.b; SCCCCL3001G02; SCCCCL3001G02; SCCCCL3001G02	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; P:metabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.2.1.12	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	a-; 6,3124; 5,5944; 4,3353
SCUTSD2025C12; SCCCLR1C01G07; SCCCLR1C01G07; SCCCLR1C01G07	glyceraldehyde 3 phosphate partial	C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; P:metabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.2.1.12	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,2004; - ; 0,0733; -
SCCCRZ2004H04; SCCCRZ2C01C04; SCVPRT2073F05	hexose transporter	F:transporter activity; C:membrane; P:transport; P:cellular process	-	-	Co.5; SP.9; SP.9	a-; 0,1574; 1,0597

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)						
Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCEQRT1029C02; SCEQRT1030E05; SCEQRT1030E05; SCEQRT1030E05	low expression of osmotically responsive genes 1	C:cell; C:cytosol; F:catalytic activity; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Methane metabolism	EC:4.2.1.11	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,5725; - ; 0,0064; 0,0227
SCCCLR1C02F03; SCCCLR1C02F07	inositol 3 phosphate synthase	P:transport; P:cellular process; C:membrane; F:hydrolase activity; F:transporter activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; F:catalytic activity; F:nucleotide binding; C:cytoplasm; P:lipid metabolic process	Inositol phosphate metabolism	EC:5.5.1.4	Co.5; Co.9	0,1338; 0,2981
SCCCLR1024D02; SCCCLR1024D03; SCCCLR1024D03; SCCCLR1024D03	malate cytoplasmic	C:cytoplasm; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Carbon fixation in photosynthetic organisms; Citrate cycle (TCA cycle); Pyruvate metabolism; Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; Methane metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.37	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	a-; 2,9561; 2,2074; 2,2802
SCCCCL4004C09; SCAGCL6015C11; SCAGCL6015C11; SCAGCL6015C11	malate dehydrogenase	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:mitochondrion	Carbon fixation in photosynthetic organisms; Citrate cycle (TCA cycle); Pyruvate metabolism; Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; Methane metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.37	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,6926; 0,5581; 0,0774; 0,1557
SCSBRZ3118E10; SCSBRZ3124A08; SCSBRZ3124A08	malate glyoxysomal	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Carbon fixation in photosynthetic organisms; Citrate cycle (TCA cycle); Pyruvate metabolism; Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; Methane metabolism; Biosynthesis of secondary metabolites	EC:1.1.1.37	Co.5; SP.5; Co.9	a-; 0,0981; -
SCCCFL4091E07	neutral alpha glucosidase ab like	F:carbohydrate binding; P:carbohydrate metabolic process; F:hydrolase activity	-	EC:3.2.1.0	Co.9	0,0245

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCSBSD1058G12	phosphoenolpyruvate carboxykinase	C:cytoplasm; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:kinase activity; P:metabolic process; F:catalytic activity; F:nucleotide binding	Glycolysis / Gluconeogenesis; Citrate cycle; Pyruvate metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms	EC:4.1.1.49	SP.9	0,5511
SCCCRZ1001B08; SCCCRZ1001C05; SCCCRZ1001C05; SCCCRZ1001C05	phosphoglycerate kinase	C:cytoplasm; F:kinase activity; P:metabolic process; P:cellular process; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Carbon fixation in photosynthetic organisms	EC:2.7.2.3	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	1,9571; 5,1287; 2,4413; 5,2536
SCEQRT1029G10	protein kinase	F:nucleotide binding; P:protein modification process; F:kinase activity; F:carbohydrate binding	-	EC:2.7.11.0	Co.9	0,023
SCCCCL4011G09	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransferase beta subunit	F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:plastid	Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Fructose and mannose metabolism; Galactose metabolism; Methane metabolism	EC:2.7.1.11 ; EC:2.7.1.90	Co.5	0,1069
SCVPLR2027B12	pyrophosphate dependent phosphofructose 1 kinase	P:metabolic process; P:cellular process; F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Fructose and mannose metabolism; Galactose metabolism; Methane metabolism	EC:2.7.1.11	SP.9	0,2562
SCCCCL3001B07.b; SCCCCL3001B07.b; SCCCCL3001B07.b	pyrophosphate dependent phosphofructokinase alpha subunit	F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:plastid	Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Fructose and mannose metabolism; Galactose metabolism; Methane metabolism	EC:2.7.1.11 ; EC:2.7.1.90	SP.5; Co.9; SP.9	0,4437; 0,2603; 0,6206
SCCCCL4011H08; SCCCCL4011H08; SCCCCL4011H08	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransferase beta subunit	F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:plastid	Glycolysis / Gluconeogenesis; Pentose phosphate pathway; Fructose and mannose metabolism; Galactose metabolism; Methane metabolism	EC:2.7.1.11 ; EC:2.7.1.90	SP.5; Co.9; SP.9	0,7102; 0,4899; 1,8344
SCCCLR1069H11; SCCCLR1070D04; SCCCFL3001D01; SCCCFL3001D01	pyruvate cytosolic isozyme	F:kinase activity; P:metabolic process; P:cellular process; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Carbon fixation in photosynthetic organisms; Pyruvate metabolism; Glycolysis / Gluconeogenesis; Purine metabolism	EC:2.7.1.40	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,1329; 1,1138

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)						
Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCJLRT1021D04; SCJLRT1023A07; SCJLRT1023A07; SCJLRT1023A07	pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Citrate cycle; Pyruvate metabolism; Valine, leucine and isoleucine biosynthesis; Butanoate metabolism / Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism	EC:1.2.4.1; EC:1.1.1.44	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,631; 0,525; 0,3969; 0,3636
SCCCCL1002A05.b; SCCCCL1002D10.b; SCCCCL1002D10.b	pyruvate dehydrogenase e1 component alpha subunit	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; C:intracellular; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy	Glycolysis / Gluconeogenesis; Citrate cycle (TCA cycle); Pyruvate metabolism; Valine, leucine and isoleucine biosynthesis; Butanoate metabolism / Pentose phosphate pathway; Glutathione metabolism	EC:1.2.4.1; EC:1.1.1.44	Co.5; Co.9; SP.9	0,5628; 1,5848; 0,6667
SCJFLR1073E09; SCJFLR1073E09; SCJFLR1073E09	ribulose biphosphate carboxylase oxygenase large subunit	P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:photosynthesis; F:catalytic activity; P:cellular process; F:binding; C:plastid; P:metabolic process	Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms	EC:4.1.1.39	SP.5; Co.9; SP.9	1,0019; 0,3253; 0,7388
SCCCLR1066F06; SCCCLR1066G06	ribulose phosphate 3 epimerase	P:carbohydrate metabolic process; F:catalytic activity	Pentose phosphate pathway; Pentose and glucuronate interconversions; Carbon fixation in photosynthetic organisms	EC:5.1.3.1	Co.5; Co.9	a-; 0,1166
SCCCLR1C03C10; SCCCLR1C03D07; SCCCLR1C03D07	salt gene product	F:mannose binding; C:apoplast; F:sugar binding; C:extracellular region	-	-	Co.5; SP.5; Co.9	a-; 0,1867; 0,2139
SCRFLR1012E06; SCRFLR1012E06; SCRFLR1012C07	scrk1 maize ame full fructokinase 1 ame full 1	F:kinase activity; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; P:metabolic process; F:nucleotide binding	Pentose phosphate pathway / Starch and sucrose metabolism; Fructose and mannose metabolism	EC:2.7.1.15 ; EC:2.7.1.4	Co.9; SP.9; Co.5	0,1486; 0,2243; -
SCCCLB2004C08; SCCCLR1001A05; SCCCLR1001A05; SCCCLR1001A05	sucrose synthase	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Starch and sucrose metabolism	EC:2.4.1.13	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,74; 1,9118; 2,0048; 2,4455
SCCCRZ1002G06; SCACSB1117F03; SCACSB1117F03; SCACSB1117F03	sucrose synthase 2	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Starch and sucrose metabolism	EC:2.4.1.13	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,4117; - ; -;
SCJFRZ1007A10	sucrose synthase 2 like	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Starch and sucrose metabolism	EC:2.4.1.13	Co.5	1,2158

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCEPCL6020A07; SCEPCL6023F02; SCEPCL6023F02; SCEPCL6023F02	sucrose synthase expressed	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Starch and sucrose metabolism	EC:2.4.1.13	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,4014; 0,1304; 0,1709; 0,2309
SCQGAM2030C12; SCQGLB1038B02; SCQGLB1038B02	sucrose synthase metabolism	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	Starch and sucrose metabolism	EC:2.4.1.13	Co.5; Co.9; SP.9	-
SCCCLR1022H03; SCCCLR1024A05; SCCCLR1024A05; SCCCLR1024A05	transaldolase 2	F:transferase activity; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; C:plastid	Pentose phosphate pathway	EC:2.2.1.2	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	1,3481; 0,555; 0,927; 1,4326
SCRFLR2034C11; SCCCRZ1001B08; SCCCRZ1001B08; SCCCRZ1001B08	triosephosphate cytosolic	C:cytoplasm; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy	Fructose and mannose metabolism; Glycolysis / Gluconeogenesis; Inositol phosphate metabolism; Carbon fixation in photosynthetic organisms	EC:5.3.1.1	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,5609; 1,2846; 0,7023; 1,0787
SCCCLR1022B05; SCQGLR1019F06	udp glucose 6 expressed	F:nucleotide binding; C:cytoplasm; P:metabolic process; F:catalytic activity	-	EC:1.1.1.0	Co.5; Co.5	-; 1,3663
SCJFLR1013E04; SCSBRZ3118E10; SCJFLR1013E04; SCSBRZ3118E10; SCJFLR1013E04; SCSBRZ3118E10; SCJFLR1013C11; SCSBRT3039F07	udp glucose 6 dehydrogenase	F:catalytic activity; P:metabolic process; F:nucleotide binding	-	EC:1.1.1.0	SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5	-
SCCCLR1022B08; SCQGLR1019G02; SCCCLR1022B08; SCQGLR1019G02; SCCCLR1022B08; SCQGLR1019G02	udp glucose 6 expressed	F:nucleotide binding; C:cytoplasm; P:metabolic process; F:catalytic activity	-	EC:1.1.1.0	SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9	-; 2,8818; - ; 1,6813; -; 2,083
SCJFLR1013H10; SCJFLR1013H10; SCJFLR1013H10; SCJFLR1013F02	udp glucose dehydrogenase	F:catalytic activity; P:metabolic process; F:nucleotide binding	-	EC:1.1.1.0	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	0,1182; 0,2722; 0,3552; 4,7919

Tabela 18 - Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280 envolvidas no metabolismo de carboidratos

(conclusão)						
Acesso SUCEST	Proteína	GOs	Metabolismo	EC	Bulk	ng (2µL)
SCQGLR1062D04; SCQSST1037F05; SCQGLR1062D04; SCQSST1037F05; SCQGLR1062D04; SCQGLR1062C03; SCQSST1037B06	utp glucose 1 phosphate uridylyltransferas e	P:metabolic process; F:transferase activity	Pentose and glucuronate interconversions; Galactose metabolism; Starch and sucrose metabolism; Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	EC:2.7.7.9	SP.5	3,8762; - ; 3,0948; -; 2,5613; - ; 0,3521
SCCCRZ2C04H01	uncharacterized protein LOC100191418 precursor [Zea mays]	P:carbohydrate metabolic process; F:hydrolase activity	-	EC:3.2.1.0	Co.5	0,4401
SCCCRZ1002E05; SCCCRZ1002F06; SCCCRZ1002F06; SCCCRZ1002F06	unknown [Zea mays]	C:cell; C:cytosol; F:catalytic activity; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	Glycolysis / Gluconeogenesis; Methane metabolism	EC:4.2.1.11	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	2,0026; 3,069; 3,2947; 2,5056
SCJLRT2050C09; SCJLRT2051F02; SCJLRT2051F02; SCJLRT2051F02	utp glucose 1 phosphate uridylyltransferas e like	F:transferase activity; P:metabolic process	-	EC:2.7.7.0	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9	-; -; 0,0747; 0,0899

C: componente celular; F: função molecular; P: processo biológico

No presente trabalho, a quantidade de proteínas cujo processo biológico está associado ao metabolismo de carboidratos, em cada amostra foi de 11,1% (Co.5), 12,5% (SP.5), 10,8% (Co.9) e 12,1% (SP.9). Casu *et al.* (2003) utilizaram ESTs e análise de microarranjo com hibridização de cDNA para estudar a abundância de enzimas putativas e proteínas transportadoras, associadas ao metabolismo de carboidratos em colmo de cana-de-açúcar. Estes autores obtiveram um total de 7.242 ESTs a partir de entrenós maduros e 1.082 ESTs de tecido imaturo de colmo, porém apenas 2,1% e 2,4% dos ESTs foram identificados como sendo sequências de genes do metabolismo de carboidratos em entrenós imaturo e maduro, respectivamente.

Diversas proteínas encontradas por Casu *et al.* (2003) também foram identificadas neste trabalho. Do total das 36 proteínas descritas por esses autores como atuantes no metabolismo de carboidratos, 21 foram identificadas em cada um dos *bulks* de amostra da variedade Co 740, 18 foram identificadas no *bulk* SP.5 e 19 no *bulk* SP.9, contemplando 45 das 71 proteínas aqui identificadas como participantes neste metabolismo.

Os autores sugerem que transcritos que codificam enzimas diretamente envolvidas no acúmulo de açúcar não são abundantes, mesmo em entrenós maduros. Os valores aqui encontrados sugerem uma maior participação das proteínas relacionadas ao metabolismo de carboidratos no proteoma do colmo do que o observado por Casu *et al.* (2003) para os transcritos relacionados com esse processo.

- **Entrenó 5, Co 740**

Foi possível identificar 1.076 *clusters* com o auxílio da base de dados do SUCEST, após a anotação realizada pelo Blast2GO foram identificadas 569 proteínas, das quais 63 são relacionadas ao metabolismo de carboidratos e atuam em 20 vias metabólicas.

- **Entrenó 9, Co 740**

Foi possível identificar 1.135 *clusters* com o auxílio da base de dados do SUCEST, correspondendo a 612 proteínas. Destas, 66 participam do metabolismo de carboidratos e atuam em 20 vias metabólicas.

- **Entrenó 5, SP 80-3280**

Foi possível identificar 797 *clusters* com o auxílio da base de dados do SUCEST a partir dos quais foram identificadas 418 proteínas. O grupo de proteínas participantes do metabolismo de carboidratos era formado por 52 proteínas atuantes em 19 vias metabólicas.

- **Entrenó 9, SP 80-3280**

Foi possível identificar 908 *clusters* com o auxílio da base de dados do SUCEST a partir dos quais foram identificadas 464 proteínas. Deste total, 55 atuam do metabolismo de carboidratos e estão distribuídas em 18 vias metabólicas.

A divisão de classes dentro das categorias “Componente celular”, “Função molecular” e “Processo biológico” e o número de *clusters* identificados em cada uma delas para os *bulks* de amostra Co.5, Co.9, SP.5 e SP.9 são mostrados nas Figuras 17 – 20, respectivamente.

Figura 17 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 5 da variedade Co 740. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico

Figura 18 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 9 da variedade Co 740. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico

Figura 19 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 5 da variedade SP 80-3280. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico

Figura 20 - Distribuição dos *clusters* identificados no entrenó 9 da variedade SP 80-3280. A: Componente celular; B: Função molecular; C: Processo biológico

Analisando-se os gráficos anteriores é possível notar algumas classes com diferenças significativas na quantidade de *clusters* identificados em cada amostra, como algumas dessas classes são importantes para o metabolismo de carboidratos essas diferenças podem indicar a presença de proteínas chaves para a ocorrência e desenvolvimento de tal processo biológico sinalizando, assim, pontos a serem melhor explorados.

Um desses pontos de interesse são os transportadores de membrana. Quando comparados entre os entrenós maduro e imaturo os componentes celulares “Membrana” e “Membrana plasmática”, a função molecular “Atividade transportadora” e o processo biológico “Transporte” apresentam um maior número de *clusters* identificados nos entrenós maduros das duas variedades.

De forma semelhante as funções moleculares “Atividade hidrolase” e “Atividade quinase” e os processos biológicos “Precursor metabólico e energia”, “Fotossíntese” e “Resposta a estresse” também apresentam maior quantidade de *clusters* identificados no entrenó maduro em relação ao imaturo nas duas variedades estudadas.

4.5.6.1 Vias metabólicas

O KEGG consiste em uma base de dados com recursos para a compreensão de funções de alto-nível e utilidades do sistema biológico, tais como a célula, o organismo e o ecossistema, a partir de informação de nível molecular, especialmente de conjuntos de dados moleculares em larga escala gerados por sequenciamento do genoma e outras tecnologias experimentais de alto rendimento (KEGG, 2012).

KEGG *Pathway* é uma coleção de mapas de vias manualmente desenhados que representam o conhecimento atual sobre a interação molecular e redes de reação para 8 categorias: Mapa global, Metabolismo, Processamento de informação genética, Processamento de informação ambiental, Processos celulares, *Organismal systems*, Doenças humanas e Desenvolvimento de drogas (KEGG, 2012).

A categoria “Metabolismo” é subdividida em 12 classes. Destas, seis foram representadas na lista das proteínas atuantes no metabolismo de carboidrato, foram elas: metabolismo e biossíntese de glicanos, metabolismo de outros

aminoácidos e metabolismo de nucleotídeos (1 via de cada), metabolismo de energia e metabolismo de aminoácidos (2 vias cada) e metabolismo de carboidrato (14 vias).

Baseado no foco deste trabalho, 3 dessas vias são as principais para o conteúdo de carboidrato nas células: a fotossíntese, responsável por fixar o CO₂ atmosférico, a gliconeogênese, que se utiliza de intermediários da fotossíntese para produzir glicose e frutose, e o metabolismo de sacarose, que converte este dois monossacarídeos em sacarose.

- **Fixação de carbono em organismos fotossintéticos**

Mais de 90% da biomassa das culturas é derivada de produtos fotossintéticos. A fotossíntese normalmente é limitada às folhas, mas muitas partes da planta contêm clorofila e, portanto, captam energia luminosa para realizar a fotossíntese (HU *et al.*, 2012), como por exemplo órgãos reprodutivos, flores verdes, frutos em desenvolvimento, caules e raízes (ASCHAN; PFANZ, 2003). Como evidência de atividade fotossintética em órgãos não-foliares pode-se citar como exemplo os trabalhos com cravo e copo-de-leite (YIOTIS; PSARAS, 2011), abacate (ESTEBAN *et al.*, 2010), algodão (HU *et al.*, 2012) e espécies arbóreas (PFANZ *et al.*, 2002).

A enzima ribulose 1,5-bifosfato carboxilase oxigenase (RuBisCO) catalisa a assimilação de CO₂ atmosférico e sua ligação com a proteína receptora ribulose-1,5-bifosfato (RuBP) formando duas moléculas de 3-fosfoglicerato. Esta reação é muito lenta, apenas cerca de três moléculas de CO₂ e RuBP são convertidas por segundo em um sítio catalítico da RuBisCO. Sua baixa eficiência de reação é suprimida pela sua elevada quantidade nas células, podendo representar mais de 50% do total de proteínas solúveis nas folhas (HELDT, 2005).

No perfil proteico das quatro amostras no gel bidimensional (Figura 12) não foi possível observar nenhum *spot* que se destaque dos demais nessas proporções, sugerindo que a expressão da RuBisCO no colmo seja semelhante ou menor que a maioria dos *spots*. Na quantificação por espectrometria de massas não foi detectada RuBisCO no *bulk* Co.5, para os demais *bulks* as quantidades dos peptídeos desta proteína em relação ao total quantificado foram 0,39% (SP.5), 0,11% (Co.9) e 0,22% (SP.9). Além da RuBisCO outras 7 proteínas

atuantes em diferentes etapas da fotossíntese foram detectadas (Figura 21). Através desses dados pode-se inferir que a fotossíntese esteja ocorrendo no colmo da cana-de-açúcar, porém o resultado de sua atuação não resulta em grandes incrementos na fixação de carbono.

- **Glicólise / Gliconeogênese**

A glicólise é o processo de conversão de glicose em piruvato e geração de ATP (energia) e NADH (poder redutor). Ela é a via central que produz importantes precursores metabólicos: compostos de seis carbonos (glicose-6-fosfato e frutose-6-fosfato) e de três carbonos (diidroxiacetona, gliceraldeído-3-fosfato, fosfoenolpiruvato e piruvato). Acetil-CoA, outro importante precursor metabólico é produzido por descaboxilação oxidativa do piruvato. Quando os genes das enzimas desta via são examinados em sequências de genomas completos, as etapas referentes a conversão de diidroxiacetona à piruvato formam o coração de um módulo conservado que é encontrado em quase todos os organismos. Gliconeogênese é a via de síntese de glicose a partir de precursores não-carboidratos. Ela é, essencialmente, a via reversa da glicólise com pequenas variações para contornar algumas etapas irreversíveis (NELSON; COX, 2002; HELDT, 2005; UNIPROT, 2012). Somando-se os 4 *bulks*, foram identificadas 13 proteínas atuantes nesta via metabólica (Figura 22).

- **Metabolismo de amido e sacarose**

Uma das enzimas identificadas no metabolismo da sacarose e amido (Figura 23) e no metabolismo de frutose e manose foi a fosfofrutoquinase 2. A fosforilação de hexoses livres não é apenas o ponto inicial da glicólise, mas também é necessária para a mobilização das hexoses pela célula. A frutoquinase realiza a fosforilação especificamente da frutose através de uma reação irreversível, que pode ser considerada um importante ponto para a regulação do metabolismo de carboidratos. Muitos trabalhos indicam a especificidade da fosfofrutoquinase 2 aos tecidos dreno (PEGO; SMEEKENS, 2000). A isoforma fosfofrutoquinase 2 em cana-de-açúcar é regulada principalmente pela inibição do substrato frutose, promovendo um ponto de controle sobre a fosforilação da frutose (HOEPFNER *et al.*, 2003).

Figura 21 – Rota da fixação de carbono em organismos fotossintéticos. As proteínas que foram identificadas em pelo menos um dos *bulks* estão destacadas em azul

Figura 22 - Rota da glicólise/gliconeogênese. As proteínas que foram identificadas em pelo menos um dos bulks estão destacadas em azul

Figura 23 - Rota do metabolismo de sacarose e amido. As proteínas que foram identificadas em pelo menos um dos *bulks* estão destacadas em azul.

As proteínas triosefosfato isomerase, frutose bifosfato aldolase e 6-fosfofrutoquinase atuam nas vias da glicólise/gliconeogênese e no metabolismo de frutose e manose, tendo sido identificadas nas duas vias.

As hexoses fosfato são mantidas em equilíbrio dentro da célula pela ação de duas enzimas, glicose-6-fosfato isomerase que realiza a interconversão de frutose-6-fosfato e glicose-6-fosfato, e fosfoglicomutase que atua sobre a glicose-6-fosfato e a glicose-1-fosfato. Antes de se ligar a frutose-6-fosfato para formar a sacarose, a glicose-6-fosfato é convertida no açúcar nucleotídeo UDP-glicose pela ação da UTP-glicose 1-fosfato uridiltransferase. Essas reações de interconversão das hexoses fosfato e formação de UDP-glicose são algumas das etapas do metabolismo de sacarose e que também ocorrem no metabolismo de açúcar nucleotídeo.

A enzima sacarose sintase (SuSy) é a enzima central do metabolismo de sacarose, ela catalisa a reação reversível de sacarose em glicose e frutose. Dado que a sacarose é o principal carboidrato transportado pela maioria das plantas, esta enzima está inserida em uma grande variedade de processos incluindo síntese de celulose, translocação pelo floema, acúmulo de carboidrato de estoque e mecanismos de resposta ao estresse (SCHARFER *et al.*, 2005).

A função de clivagem da SuSy ocorre principalmente em tecidos com grande suprimento de sacarose e com alta demanda por carbono para processos biossintéticos (VERMA *et al.*, 2011), por exemplo os entrenós imaturos. A atividade catalítica da enzima *in vivo*, depende da concentração de sacarose no interior da celular e da taxa em que a UDP-glicose e frutose são utilizadas, além da taxa de reciclagem do UDP (BOARETTO, 2012). Sua atividade tem sido detectada em todos os tecidos da cana-de-açúcar e seu pH ótimo de atuação se encontra na faixa de 7,0 a 7,5 (BUCZYNSKI *et al.*, 1993; SCHARFER *et al.*, 2004). A expressão do gene da SuSy é regulado a nível de desenvolvimento e ambiental, assim como pelo *status* de açúcar na planta (BARRATT *et al.*, 2001). De acordo com descoberta de SCHARFER *et al.* (2005) existem 3 isoformas de SuSy em cana-de-açúcar com possíveis envolvimento fisiológicos diferentes, pelo menos duas delas foram identificadas neste trabalho. Verma *et al.* (2011) avaliaram a atividade da SuSy em variedades de alto e baixo teor de sacarose em seus entrenós maduros e imaturos e comprovaram que a atividade da SuSy é

positivamente correlacionada com a concentração de hexoses e negativamente correlacionada com a concentração de sacarose. A atividade desta enzima é menor nas cultivares com maior acúmulo de carboidrato quando comparado com as cultivares de menor acúmulo, assim como, em entrenós imaturos, que tem maior demanda por glicose e frutose, sua atividade é maior que nos entrenós maduros, que estão em fase de acúmulo de sacarose.

A enzima β -amilase foi identificadas no entrenó 5 das duas variedades e no entrenó 9 da variedade Co 740. O amido ocorre em apenas pequena quantidade na cana-de-açúcar, entretanto não é um produto desejável pois reduz a quantidade de sacarose que pode ser cristalizada a partir do melaço. Ferreira *et al.* (2008) conseguiram produzir plantas transgênicas *in vitro* que expressassem maior quantidade de β -amilase, um aumento de 1,5-2 vezes na atividade da enzima levou a uma diminuição de 90% na quantidade de amido sem causar alteração na quantidade de sacarose.

• Outras vias e proteínas

O piruvato é formado pelo catabolismo glicolítico de carboidratos no citosol e é o composto inicial para degradação do substrato na respiração celular (HELDT, 2005). Quatro das proteínas identificadas fazem parte do metabolismo do piruvato: malato desidrogenase (conversão reversível de malato em oxaloacetato), piruvato desidrogenase (descarboxilação do piruvato e subsequente acetilação formando S-acetil-diidrolipoamina), piruvato quinase (formação de fosfoenolpiruvato a partir de piruvato) e fosfoenolpiruvato carboxiquinase (conversão reversível de fosfoenolpiruvato e oxaloacetato). Essas enzimas também atuam na fotossíntese, glicólise/gliconeogênese e respiração celular.

No ciclo de Krebs, também chamado de ciclo do citrato, o piruvato é primeiramente oxidado à acetato (na forma de acetil coenzima A), que é então completamente degradado à CO_2 , produzindo 10 equivalentes redutores [H] para serem oxidados pela cadeia respiratória e gerar ATP (HELD, 2005). Cinco enzimas desta via foram identificadas: malato desidrogenase, piruvato desidrogenase e fosfoenolpiruvato carboxiquinase (já descritas acima), citrato

sintase (condensação de acetil-CoA e oxaloacetato para formar citrato) e succinil-CoA ligase (produção de succinil-CoA a partir de succinil e acetil-CoA).

Foram identificadas 9 proteínas da via das pentoses fosfato. As já descritas glicose-6-fosfato isomerase, 6-fosfofrutoquinase, fosfoglicomutase e frutoquinase, e mais a frutose bifosfato aldolase (conversão de gliceraldeído-3-fosfato em frutose-1,6-bifosfato), transaldolase (transferência de um resíduo C_3 não fosforilado da sedoheptulose 7-fosfato para o gliceraldeído-3-fosfato formando frutose-6-fosfato e eritrose-4-fosfato), ribulose-fosfato 3-epimerase (epimerização reversível de D-ribulose-5-fosfato em D-xilulose-5-fosfato) e 6-fosfogliconato desidrogenase (descarboxilação oxidativa de 6-fosfo-D-gliconato em D-ribulose-5-fosfato). A última enzima identificada nesta via é a glicose-6-fosfato desidrogenase que catalisa a primeira e limitante etapa da via oxidativa das pentoses fosfato. Essa via representa uma rota para a assimilação de carboidratos além da glicólise. A principal função da enzima é prover poder redutor (NADPH) e pentoses fosfato para síntese de ácido graxos e ácidos nucleicos que estão envolvidos na síntese de membrana e divisão celular (UNIPROT, 2012).

Dez vias metabólicas foram representadas por poucas proteínas coincidentes com outras vias, tais como glicólise, fotossíntese e respiração celular. Talvez por esse motivo elas tenham sido detectadas e não por sua relevância no metabolismo de carboidratos.

Três proteínas foram encontradas exclusivamente em uma via metabólica diferente das já citadas. A proteína 2-dehidro-3-deoxyfosfoctanato aldolase pertence a via da biossíntese de lipopolisacarídeos e tem a função de catalisar a ligação entre fosfoenolpiruvato e D-arabinose 5-fosfato para a formação de 2-dehidro-3-deoxi-D-octonato 8-fosfato. A enzima inositol-3-fosfato sintase produz 1D-mio-inositol 3 fosfato a partir de glicose-6-fosfato no metabolismo do inositol fosfato e por fim a aconitase do metabolismo de glioxilato e dicarboxilato catalisa a conversão reversível de citrato e isocitrato.

A proteína *salt gene product* não foi classificada pelo KEGG como pertencente a nenhuma via. Ela localiza-se na região extracelular (apoplasto) e tem como funções moleculares ligação a açúcar e ligação a manose.

Dos três *clusters* correspondentes a transportador de hexose de membrana identificados dois deles, ambos do *bulk* de amostra SP.9, apresentam o domínio conservado MSF (*Major Facilitator Superfamily*). Esta superfamília é formada por 28 famílias (SAIER JR, 2000) e sua topologia característica apresenta 12 chaves transmembranas, das quais as 6 primeiras apresentam similaridade de sequência com as 6 últimas, acredita-se que estas proteínas surgiram por um (ou mais) evento de duplicação interna em *tandem* (PAO *et al.*, 1998). Cada família MFS inclui membros que são, em geral, específicos para uma diferente classe de compostos. Oito famílias realizam o transporte de açúcares e seus derivados, estes açúcares transportados são glicose, frutose, manose, galactose, arabinose, xilose, maltose, lactose, α -glicosídeos e mioinositol (SAIER JR, 2000).

Foram identificadas três subunidades (beta, gama e delta) de ATP sintase e três localizações diferentes (membrana plasmática, vacúolo e mitocôndria). Essa proteína é responsável pela formação de um gradiente de pH que resulta na geração de energia que, dentre outras aplicações celulares, é utilizada para o transporte da sacarose pela membrana plasmática e pelo tonoplasto contra o gradiente de concentração.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise do proteoma de entrenós de cana-de-açúcar através de amostra complexa analisada por espectrometria de massas combinada a ferramentas de bioinformática, possibilita uma visão global das vias metabólicas atuantes e o seu nível de expressão. Foi possível caracterizar o proteoma de entrenós maduro e imaturo de duas variedades de cana-de-açúcar quanto ao componente celular em que as proteínas se localizam, a função molecular que desempenham e o processo biológico do qual fazem parte.

Foi possível também identificar as proteínas participantes do metabolismo de carboidratos discriminando as vias metabólicas em que atuam. A proporção dessas proteínas identificadas neste trabalho tanto em entrenós maduros (10,8 a 12,1%) quanto imaturos (11,1 a 12,5%) é maior que a proporção dos transcritos relacionados a este processo (2,1 a 2,4%) descritos por CASU *et al.* (2003).

Devido a complexidade do proteoma dos entrenós de cana-de-açúcar, duas estratégias que não puderam ser empregadas neste trabalho devem ser subsequentemente realizadas. A primeira consiste em submeter a mistura de peptídeos a fracionamento por cromatografia líquida de alta eficiência para aumentar a identificação das proteínas utilizando espectrômetro de massas. A segunda estratégia se refere à realização de replicatas biológicas e técnicas para os dados de proteômica. Aumentando o poder de detectar diferenças dos resultados é possível realizar a análise de expressão das proteínas por comparação entre as amostras, identificando, assim, aquelas diferencial e preferencialmente expressas em cada uma delas.

As diferenças de fenótipo observadas em Co 740 entre o material utilizado para a seleção das variedades e o material coletado do experimento, baixo e alto teor de sacarose respectivamente, pode ser devido às condições de cultivo que favoreceram o fenótipo de alta sacarose. Tais condições ideais nem sempre ocorrem na produção comercial, assim a utilização de material oriundo de campo pode ser mais adequada para a avaliação desta característica por se aproximar mais da real produção das variedades.

O teor de sacarose não é uma característica que se define rapidamente, como é a resposta de defesa ao ataque de patógenos, por exemplo, pois a fase

de maturação da cana-de-açúcar, quando ela está efetivamente acumulando carboidrato, se estende por vários meses. Neste período a planta fica sujeita a diversas condições ambientais, que podem interferir no resultado final do processo de maturação, por essa razão é necessário acompanhar o desenvolvimento do vegetal desde antes dele iniciar a maturação. O acompanhamento do desenvolvimento fisiológico das plantas é muito importante para auxiliar na interpretação das observações moleculares de diferenças e semelhanças entre as amostras avaliadas.

A seleção dos entrenós maduro e imaturo feita através da contagem foliar é precisa e consistente em relação ao material que está sendo amostrado. Porém interferências individuais no desenvolvimento das plantas podem acarretar em estádios fisiológicos diferentes para o mesmo entrenó de várias plantas. Assim, sugere-se que a seleção do material a ser amostrado de colmo de cana-de-açúcar seja feita pelos terços inferior, mediano e superior da planta, identificados pelo desenvolvimento fisiológico dos entrenós que o compõem. Essa abordagem foi recentemente empregada com resultados positivos por Verma *et al.* (2011) e Cesarino *et al.* (2012).

REFERÊNCIAS

- ALBERTSON, P.L.; GROF, C.P.L. Application of high performance anion exchange-pulsed amperometric detection to measure the activity of key sucrose metabolizing enzymes in sugarcane. **Journal of Chromatography B**, Amsterdam, v.845, p.151-156, 2007.
- ALEXANDER, A.G. Sugarcane physiology: a comprehensive study of the *Saccharum* source-to-sink system. **Elsevier**, Amsterdam, 1973, 752p.
- AMALRAJ, R.S; SELVARAJ, N. VELUSWAMY, G.K RAMANUJAN, R.P.; MUTHURAJAN, R.; PALANIYANDI, M.; AGRAWAL, G.K.; RAKWAL, R.; VISWANATHAN, R. Sugarcane proteomics: establishment of a protein extraction method for 2-DE in stalk tissue and initiation of sugarcane proteome reference map. **Electrophoresis**, Weinheim, v.31, p.1959-1974, 2010.
- ASCHAN, G; PFANZ, H. Non-foliar photosynthesis – a strategy of additional carbon acquisition. **Flora**, Jena, v.198, n.81-97, 2003.
- BAE, S.H.; HARRIS, A.G.; HAINS, P.G.; CHEN, H.; GARFIN, D.E.; HAZELL, S.L.; PAIK, Y.K.; WALSH, B.J.; CORDWELL, S.J. Strategies for the enrichment and identification of basic proteins in proteome projects. **Proteomics**, Weinheim, v.3, p.568-579, 2003.
- BATTA, S.K.; PANT, N.C.; THIND, K.S.; UPPAL, S.K. Sucrose accumulation and expression of enzyme activities in early and mid-late maturing sugarcane genotypes. **Sugar Tech**, New Dehli, v.10, n.4, p.319-326, 2008.
- BARRATT, D.H.P.; BARBER, L.; KRUGER, N.J.; SMITH, A.M.; WANG; T.L.; MARTIN, C. Multiple distinct isoforms of sucrose synthase in pea. **Plant Physiology**, Waterbury, v.127, p.655-664, 2001.
- BERNARDES, M.S.; CÂMARA, G.M.S. **Cultura da cana-de-açúcar**. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Produção Vegetal, 2001. 20 p.
- BOARETTO, L.F. **Análise do transcriptoma e proteoma do colmo de cana-de-açúcar relacionada ao metabolismo de sacarose**. 2012. 178p. Tese (Doutorado em Fisiologia e Bioquímica de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.
- BONNETT, G.; CASU, R.; RAE, A.; GROF, C.; GLASSOP, D.; MCINTYRE, L.; MANNERS, J. Identification of genes contributing to high sucrose accumulation in sugarcane. In: PROCEEDINGS 4th INTERNATIONAL CROP SCIENCE, 2004, Brisbane. **Anais eletrônicos...** Brismane, 2004. Disponível em < http://www.cropscience.org.au/icsc2004/poster/3/2/1/1843_bonnett.htm>. Acesso em: 01 fev. 2010.
- BOSCH, S.; GROF, C. P. L.; BOTHA, F. C.; Expression of neutral invertase in sugarcane. **Plant Science**, Limerick, v.166, p.1125-1133, 2004.

BRADFORD, M. M. A rapid sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, New York, v.72, p.248-254, 1976.

BRAGATTO, J. **Avaliação da composição química da parede celular de plantas de tabaco (*Nicotiana tabacum*) que superexpressam o gene *ugdh* de soja, que codifica a enzima UDP-glicose desidrogenase (EC 1.1.1.22)**. 2007. 73p. Dissertação (Mestrado em Fisiologia e Bioquímica de Plantas), Escola Superior de Agricultura "Luiz e Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Desenvolvimento - MAPA. **Anuário estatístico da agroenergia**. Brasília, 2009. 161p.

BRAUN, D.M.; SLEWINSKY, T.L. Genetic control of carbon partitioning in grasses: roles of sucrose transporters and tie-dyed loci in phloem loading. **Plant Physiology**, Lancaster, v.149, p.71-81, 2009.

BRECHENMACHER, L.; LEE, J.; SACHDEV, S.; SONG, Z.; NGUYEN, T.H.N.; JOSHI, T.; OEHRLE, N.; LIBAULT, M.; MOONEY, B.; XU, D.; COOPER, B.; STACEY, G. Establishment of a protein reference map for soybean root cells. **Plant Physiology**, Lancaster, v.149, n. 6, p. 670-682, 2009.

BUCZYNSKI, S.R.; THOM, M.; CHOUREY, P.; MARETZKI, A. Tissue distribution and characterization of sucrose synthase isoenzymes in sugarcane. **Journal of Plant Physiology**, Collingwood, v.142, p.641-646, 1993.

CANDIANO, G.; BRUSCHI, M.; MUSANTE, L.; SANTUCCI, L.; GHIGGERI, G.M.; CARNEMOLLA, B.; ORECCHIA, P.; ZARDI, L.; RIGHETTI, P.G. Blue silver: a very sensitive colloidal Coomassie G-250 staining for proteome analysis. **Electrophoresis**, New York, v.25, n.9, p.1327-1333, 2004.

CASAGRANDE, A.A. **Tópicos de morfologia e fisiologia da cana-de-açúcar**. Jaboticabal: FUNEP, 1991. 175p.

CASAGRANDE, A.A.; VASCONCELOS, A.C.M. Fisiologia da parte aérea. In: DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2010. cap.3, p.57-78.

CASATI, P.; ZHANG, X.; BURLINGAME, A.L.; WALBOT, V. Analysis of leaf proteome after UV-B irradiation in maize lines differing in sensitivity. **Molecular Cell Proteomics**, Bethesda, v.4, n.11, p.1673-1685, 2005.

CASU, R.E.; GROF, C.P.L.; RAE, A.L.; MCINTYRE, C.L.; DIMMOCK, C.M.; MANNERS, J.M. Identification of a novel sugar transporter homologue strongly expressed in maturing stem vascular tissues of sugarcane by expressed sequence tag and microarray analysis. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v.52, p.371-386, 2003.

CASU, R.E.; DIMMOCK, C.M.; CHAPMAN, S.C.; GROF, C.P.L.; MCINTYRE, C.L.; BONNETT, G.; MANNERS, J.M. Identification of differentially expressed transcripts from maturing stem of sugarcane by *in silico* analysis of stem expressed sequence tags and gene expression profiling. **Plant Molecular Biology**, Boston, v.54, p.503-517, 2004.

CELEDON, P.A.F.; DE ANDRADE, A.; MEIRELES, K.G.; GALLO DE CARVALHO, M.C.; CALDAS, D.G.; MOON, D.H.; CARNEIRO, R.T.; FRANCESCHINI, L.M.; ODA, S.; LABATE, C.A. Proteomic analysis of the cambial region in juvenile *Eucalyptus grandis* at three ages. **Proteomics**, Weinheim, v.7, n.13, p.2258-2274, 2007.

CESARINO, I.; ARAÚJO, P.; MAYER, J.L.S.; LEME, A.P.L.; MAZZAFERA, P. Enzymatic activity and proteomic profile of class III peroxidases during sugarcane stem development. **Plant Physiology and Biochemistry**, Paris, v.55, p.66-76, 2012.

CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A.; DE ABREU, H.M.C.; ARRUDA, P.; BESPALHOK FILHO, J.C.; BURNQUIST, W.L.; CRESTE, S.; DI CIERO, L.; FERRO, J.A.; FIGUEIRA, A.V.O.; FILGUEIRAS, T.S.; GROSSI-DE-SÁ, M.F.; ELIO CESAR GUZZO, H.C.; HOFFMANN, H.P.; LANDELL, M.G.A.; MACEDO, N.; MATSUOKA, S.; REINACH, F.C.; ROMANO, E.; SILVA, W.J.; SILVA FILHO, M.C.; ULIAN, E.C. Sugarcane (*Saccharum x officinarum*): a reference study for the regulation of genetically modified cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, New York, v.4, n.1, p. 62-89, 2011.

CHEN, J.C.P.; CHOU, C. **Cane Sugar Handbook**: a manual for cane sugar manufacturers and their chemists. 12nd.ed. New York, John Wiley; Sons, 1993. 1090p.

CHEN, S.; HARMON, A. C. Advances in plant proteomics. **Proteomics**, Weinheim v.6, p.5504-5516, 2006.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira**: Cana-de-açúcar safra 2012/2013; Primeiro Levantamento. Brasília, abr/2012.

CONESA, A.; GÖTZ, S.; GARCÍA-GÓMEZ, J. M.; TEROL, J.; TALÓN, M.; ROBLES, M. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, Singapore, v.21, n.18, p.3674-3676, 2005.

COPLANA. **Variedades de cana-de-açúcar**: características agronômicas das variedades SP. Disponível em <<http://www.coplana.com/gxpsites/hgxpp001.aspx?1,5,316,O,P,0,MNU;E;32;5;MNU>>. Acesso em: 17 fev. 2010.

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE-AÇÚCAR, AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO. **Manual de instruções**. 4. ed. Piracicaba, 2003. 115p.

CUNHA, R.B.; CASTRO, M.S.; FONTES, W. Espectrometria de massa de proteínas: o papel-chave da espectrometria de massa na era pós-genômica. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, Brasília, n.36, p.40-46, 2006.

DA SILVA, J.A.; BRESSIANI, J.A. Sucrose synthase molecular markers associated with sugar content in elite sugarcane progeny. **Genetics Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.28, p.294-298, 2005.

DEUBER, R. Maturação da cana-de-açúcar na região Sudeste do Brasil. In: SEMINÁRIO DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA, 4, 1988, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Copersucar, 1988. p.33-40.

EMPRESA de Pesquisa Energética. **Balanco Energético Nacional**: ano base 2010. Rio de Janeiro, 2011. 48p.

ESCHRICHT, W. Free space invertase, its possible role in phloem unloading. **Berichte der Deutschen Botanischen Gesellschaft**, Eisenach, n.93, p.363-378, 1980.

ESTEBAN, R.; OLASCOAGA, B.; BECERRIL, J.M. GARCIA-PLAZAOLA, J.I. Insights into carotenoid dynamics in non-foliar photosynthetic tissues of avocado. **Physiologia Plantarum**, Sweden, v.140, n.1, p.69-78, 2010.

FAUROBERT, M.; PELPOIR, E.; CHAIB, J. Phenol extraction of proteins for proteomic studies of recalcitrant plant tissues. **Plant Proteomics: Methods and Protocols**, Totowa, v.355, p.9-14, 2006.

FELIX, J.M.; PAPINI-TERZI, F.S.; ROCHA, F.R.; VÊNCIO, R.Z.N.; VICENTINI, R.; NISHIYAMA JR, M.N.; ULIAN, E.C.; SOUZA, G.M.; MENOSSI, M. Expression profile of signal transduction components in a sugarcane population segregating for sugar content. **Tropical Plant Biology**, New York, v.2, p.98-109, 2009.

FERRAZ, E.C. Fisiologia da cultura do arroz. In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA DI ARROZ DE SEQUEIRO. 1983, Jaboticabal-SP. **Anais...** Piracicaba: Instituto de Potassa; Fosfato, 1983. p.26-30.

FERREIRA, S.J.; KOSSMANN, J.; LLOYD, J.R.; GROENEWALD, J.H. The reduction of starch accumulation in transgenic sugarcane cell suspension culture lines. **Biotechnology Journal**, Weinheim, v.3, n.11, p.1398-1406, 2008. Abstract.

FINNIE, C.; SVENSSON, B. Barley seed proteomics from *spots* to structures. **Journal Proteomics**, Amsterdam, v.72, n.3, p.315-324, 2009.

GASCHO, G.J.; SHIH, S.F. Sugarcane. In: TEARE, I.D.; PEET, M.M. (Ed). **Crop-water relations**. New York: Wiley-Interscience, 1983. p.445-479.

GAVA, G.J.C.; KÖLLN, O.T.; URIBE, R.A.M.; TRIVELIN, P. CANTARELLA, H. Interação entre água e nitrogênio na produtividade de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*). In: CRUSCIOL, C.A.C.; SILVA, M.A.; ROSSETTO, R. SORATTO, R.P. **Tópicos em ecofisiologia da cana-de-açúcar**. Botucatu: FEPAF, 2010. 111p.

GLASZIOU, K.T.; GAYLER, K.R. Sugar accumulation in sugarcane. **Plant Physiology**, Lancaster, v.49, p.912-913, 1972.

GROENEWALD, J.H.; BOTHA, F.C. Molecular kinetic characterization of sugarcane: fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase and its possible role in sucrose accumulation phenotype. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v.34, p.517-525, 2007.

GROF, C.P.L.; CAMPBELL, J.A. Sugarcane sucrose metabolism: scope for molecular manipulation. **Australian Journal of Plant Physiology**, Collingwood, v.28, p.1-12, 2001.

GROF, C.P.L.; ALBERTSON, P.L.; BURSLE, J.; PERROUX, J.M.; BONNETT, G.D.; MANNERS, J.M. Sucrose-phosphate synthase, a biochemical marker of high sucrose accumulation in sugarcane. **Crop Science**, Madison, v.47, p.1530-1539, 2007.

HARTT, C. E. Translocation as a factor in photosynthesis. **Naturwissenschaften**, Berlin, v.21, p.666-667, 1963.

HASHIMOTO, M.; TOORCHI, M.; MATSUSHITA, K.; IWASAKI, Y.; KOMATSU S. Proteome analysis of rice root plasma membrane and detection of cold stress responsive proteins. **Protein & Peptide Letters**, Schiphol, v.16, n.6, p.685-697, 2009.

HEERDEN, P.D.R.Van; DONALDSON, R.A.; WATT, D.A.; SINGELS, A. Biomass accumulation in sugarcane: unravelling the factors underpinning reduced growth phenomena. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.61, n.11, p.2877-2887, 2010.

HELDT, H. W. **Plant Biochemistry**. 3.ed. San Diego: Elsevier, 2005.258p.

HESSE, H.; SONNEWALD, U.; WILLMITZER, L. Cloning and expression analysis of sucrose-phosphate synthase from sugar beet (*Beta vulgaris*). **Molecular General Genetics**, Berlin, v.247, p.515-520, 1995.

HOEPFNER, S.; BOTHA, F.C. Expression of fructokinase isoforms in the sugarcane culm. **Plant Physiology and Biochemistry**, Paris, v.41, p.741-747, 2003.

HOFMEYR, J.H.S.; CORNISH-BOWDEN, A. Regulating the cellular economy of supply and demand. **FEBS Letters**, Amsterdam, v.476, p.47-51, 2000.

HU, Y.-Y.; ZHANG, Y.-L.; LUO, H.-H.; LI, W.; OGUCHI, R. FAN, D.-Y.; CHOW, W.S.; ZHANG, W.F. Important photosynthetic contribution from the non-foliar green organs in cotton at late growth stage. **Planta**, Berlin, v.235, p.325-336, 2012.

HUBER, S.C.; HUBER, J.L. Role and regulation of sucrose phosphate synthase in higher plants. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v.47, p.431-444, 1996.

HURKMAN, W. J.; TANAKA, C. K. Solubilization of plant membrane proteins for analysis by two-dimensional gel electrophoresis. **Plant Physiology**, Lancaster, v.81, p.802-806, 1986.

INDIAAGRONET. **Important varieties of sugarcane**. Disponível em <http://www.indiaagroneet.com/indiaagroneet/Crop_Husbandry/contents/important_varieties_of_sugarcane.htm>. Acesso em: 17 fev. 2010.

INMAN-BAMBER, N.G. Sugarcane water stress criteria for irrigation and drying off. **Field Crops Research**, Amsterdam v. 89, p.107-122, 2004.

INMAN-BAMBER, N.G.; BONNETT, G.D.; SPILLMAN, M.F.; HEWITT, M.L.; XU, J. Source-sink differences in genotypes and water regimes influencing sucrose accumulation in sugarcane stalks. **Crop & Pasture Science**, Collingwood, v.60, p.316-327, 2009.

JACKSON, P.A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.92, p.277-290, 2005.

KAMAL, A.H.M.; KIM, K.-H.; SHIN, D.-H.; SEO, H.-S.; SHIN, K.-H.; PARK, C.-S.; HEO, H.-Y.; WOO, S.-H. Proteomics profile of pre-harvest sprouting wheat by using MALDI-TOF Mass Spectrometry. **Plant Omics**, Lismore, v.2, n.3, p.110-119, 2009.

KATAYAMA, H.; TABATA, T.; ISHIHAMA, Y.; SATO, T.; ODA, Y.; NAGASU, T. Efficient in-gel digestion procedure using 5-cyclohexyl-1-pentyl- β -D-Maltoside as an additive for gel-based membrane proteomics. **Rapid Communications in Mass Spectrometry**, London, v.18, p.2388–2394, 2004.

KEEG. Disponível em < <http://www.genome.jp/kegg/>>. Acesso em: 31 jul 2012.

KINTER, M.; SHERMAN, N. E. Protein sequencing and identification using tandem mass spectrometry. **Wiley-Interscience**, New Your, 2000, 31p.

KOCH, K.E.; YING, Z.; WU, Y.; AVIGNE, W.T. Multiple paths of sugar-sensing and a sugar/oxygen overlap for genes of sucrose and ethanol metabolism. **Journal of Experimental Botany**, Oxfrod, v.261, p.3193–3199, 2000.

KOMOR, E.; THOM, M.; MARETZKI, A. The mechanism of sugar uptake by sugarcane suspension cells. **Planta**, Berlin, v.153, p.181-192, 1981.

KOMOR, E. The physiology of sucrose storage in sugarcane. In: GUPTA, A.K.; KAUR, N. (Ed.). **Carbohydrate reserve in plants: synthesis and regulation**. Amsterdam: Alsevier Science B.V., 2000. p.35-53.

KÜHN, C.; GROF, C.P.L. Sucrose transporters of higher plants. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v.13, p.288-298, 2010.

LAEMMLI, U. K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. **Nature**, London, v.227, p.680–685, 1970.

LALONDE, S.; TEGEDER, M.; THRONE-HOLST, M.; FROMMER, W.B.; PATRICK, J.W. Phloem loading and unloading of sugar and aminoacids. **Plant, Cell and Environment**, Oxford, v.26, p.37-56, 2003.

LARCHER, W. **Ecofisiologia Vegetal**. São Carlos, SP: RiMa, 2004. 531p.

LAVANHOLI, M.G.D.P. Qualidade da cana-de-açúcar como matéria-prima para produção de açúcar e álcool. In: DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2010. p.697-722.

LEE, J.; JIANG, W.; QIAO, Y.; CHO, Y.-I.; WOO, M.-O.; CHIN, J.-H.; KWON, S.-W.; HONG, S.S.; CHOI, I.-Y.; KOH, H.-J. *Shotgun* proteomic analysis for detecting differentially expressed proteins in the reduced culm number rice. **Proteomics**, Weinheim, v. 11, p. 455-468, 2011.

LINGLE, S.E.; R.C. SMITH. Sucrose metabolism related to growth and ripening in sugarcane internodes. **Crop Science**, Madison, v.31. p.172-177, 1991.

LINGLE, S.E. Sugar metabolism during growth and development in sugarcane internodes. **Crop Science**, Madison, v.39, p.480-486, 1999.

LIU, H.; LIU, Y.J.; YANG, M.F.; SHEN, S.H. A comparative analysis of embryo and endosperm proteome from seeds of *Jatropha curcas*. **Journal of Integrative Plant Biology**, Carlton South, v.51, n.9, p.850-857, 2009.

MA, H.; ALBERT, H.H.; PAULL, R.; MOORE, P.H. Metabolic engineering of invertase activities in different subcellular compartments affects sucrose accumulation in sugarcane cells. **Australian Journal of Plant Physiology**, Coollingwood, v.27, n.11, p.1021-1030, 2000.

MAGALHÃES, A.C.N. Ecofisiologia da cana-de-açúcar: aspectos do metabolismo do carbono na planta. In: CASTRO, P.R.C; FERREIRA, S.O.; YAMADA, T. (Ed.). **Ecofisiologia da produção**. Piracicaba: POTAFOS, 1987. p.113-118.

McCORMICK, A.J.; CRAMER, M.D.; WATT, D.A. Sink strength regulates photosynthesis in sugarcane. **New Phytologist**, New York v.171, p.759–70, 2006.

McCORMICK A.J.; CRAMER M.D.; WATT D.A. Culm sucrose accumulation promotes physiological decline of mature leaves in ripening sugarcane. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.108, p. 250-258, 2008.

McCORMICK, A.J.; WATT, D.A.; CRAMER, M.D. Supply and demand: sink regulation of sugar accumulation in sugarcane. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 60, n. 2, p.357-364, 2009.

McDONALD, W.H; RYOMA, O.; DAVID, T.M.; TIMOTHY, J.M.; YATES, J.R. Comparison of three directly coupled HPLC MS/MS strategies for identification of proteins from complex mixtures: single-dimension LC-MS/MS, 2-phase MudPIT, and 3-phase MudPIT. **International Journal of Mass Spectrometry**, Amsterdam, v.219, p.245-251, 2002a.

McDONALD, W.H.; Yates, J.R. *Shotgun* proteomics and biomarker discovery. **Disease Markers**, Chichester. v.18, p.99-105, 2002b.

MENOSSE, M.; SILVA-FILHO, M.C.; VINCENTZ, M.; VAN-SLUYS, M.-A.; SOUZA, G.M. Sugarcane functional genomics: gene discovery for agronomic trait development. **International Journal of Plant Genomic**, Chicago, v.2008, p.1-11, 2007.

MERWE, M.J.; GROENEWALD, J.H.; STITT, M.; KOSSMANN, J.; BOTHA, F.C. Downregulation of pyrophosphate: D-fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase activity in sugarcane culms enhances sucrose accumulation due to elevated hexose-phosphate. **Planta**, Berlin, v.231, p.595-608, 2010.

MOORE, P.H. Temporal and spatial regulation of sucrose accumulation in the sugarcane stem. **Australian Journal of Plant Physiology**, Sidney, v.22, n.4, p.661-679, 1995.

MOORE, P.H.; BOTHA, F.C.; FURBANK, R.T.; GROF, C.P.L. Potential for overcoming physio-biochemical limits to sucrose accumulation. In: KEATING, B.A.; WILSON, J.R. (Ed.). **Intensive sugarcane production: meeting the challenges beyond 2000**. Wallingford: CAB International, 1997. v.22, p.141-155.

MOORE, P.H. Integration of sucrose accumulation processes across hierarchical scales: towards developing an understanding of the genetic-crop continuum. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.92, p.119-135, 2005.

NATERA, S. H.; FORD, K.L.; CASSIN, A.M.; PATTERSON, J.H.; NEWBIGIN, E.J.; BACIC, A. Analysis of the *Oryza sativa* plasma membrane proteome using combined protein and peptide fractionation approaches in conjunction with mass spectrometry. **Journal Proteome Research**, Washington, v.7, n.3, p.1159-1187, 2009.

NGUYEN-QUOC, B.; FOYER, C.H. A role for “futile cycles” involving invertase and sucrose synthase in sucrose metabolism of tomato fruit. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.52, p.881-889, 2001.

NIITTYLA, T.; MESSERLI, G.; TREVISAN, M.; CHEN, J.; SMITH, A.M.; ZEEMAN, S.C. A previously unknown maltose transporter essential for starch degradation in leaves. **Science**, New York v.303, p.87-89, 2004.

NODA, R.W.; DAMSCENO, C.M.B.; SOUSA, S.M. **Anotação funcional de sequências com BLAST2GO**. Sete Lagoas: EMBRAPA, 2010. 9p. (EMBRAPA. Circular Técnica, 150).

NELSON, D.L.; COX, M.M. **Lehninger**: princípios de bioquímica. 3.ed. São Paulo: Artmed, 2002. 978p.

NUNES JR, D. M. S. Variedades de cana-de-açúcar. In: PARANHOS, S.B. **Cana-de-açúcar**: cultivo e utilização. São Paulo: Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.2 p.187-259.

PAO, S.S.; PAULSEN, I.T.; SAIER JR, M.H. Major facilitator superfamily. **Microbiology and Molecular Biology Review**, Washington, v.62, p.1-34, 1998.

PAPINI-TERZI, F. S.; FELIX, J.M.; ROCHA, F.R.; WACLAWOVSKY, A.J.; ULIAN, E.C.; CHABREGAS, S.M.; FALCO, M.C.; NISHIYAMA-JR, M.Y.; VÊNCIO, R.Z.N.; VICENTINI, R.; MENOSSI, M.; SOUZA, G.M. The Sucest-Fun project: identifying genes that regulate sucrose content in sugarcane plants. **Proceedings International Society of Sugar Cane Technologist**, Durban, v.26, p.1-10, 2007.

PAPINI-TERZI, F.S.; ROCHA, F.R.; VÊNCIO, R.Z.N.; FELIX, J.M.; BRANCO, D.S.; WACLAWOVSKY, A.J.; DEL BEM, L.E.V.; LEMBKE, C.G.; COSTA, M.D.L.; NISHIYAMA, M.Y.; VICENTINI, R.; VINCENTZ, M.G.A.; ULIAN, E.C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G.M. Sugarcane genes associated with sucrose content. **BMC Genomics**, London, v.10, p.1-21, 2009.

PARKER, K.C., GARRELS, J.I., HINES, W., BUTLER, E.M., MCKEE, A.H., PATTERSON, D., MARTIN, S. Identification of yeast proteins from two-dimensional gels: working out *spot* cross-contamination. **Electrophoresis**, Weinheim, v.19, p.1920–1932, 1998.

PEGO, J.V.; KORTSEE, A.J.; HUIJSER, C.; SMEEKENS, S.C.M.; Photosynthesis, sugars and the regulation of gene expression. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.51, p.407–416, 2000.

PEGO, J.V.; SMEEKENS, S.C.M. Plant frutokinase: a sweet family get-together. **Trends Plant Science**, Kidlington, v.5, p.531-539, 2000.

PENNINGTON, S.R.; DUNN, M.J. Proteomics: from protein sequence to function. In: Twyman, R.M. **Principles of proteomics**. New York: Springer-Verlag; BIOS Scientific, 2001. v.1, cap.1, p.1-21.

PEREIRA, L. L.; SEGATO, S. V. Colheita da cana-de-açúcar: corte manual. In: SEGATO, S. V. *et al.* **Atualizações em produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba: CP2, 2006. p.318-332.

PFANZ, H. Ecology and ecophysiology of tree stems: cortical and Wood photosynthesis. **Naturwissenschaften**, Berlin, v.89, p.147-162, 2002.

PIMENTA, A.M.C. Os desafios do proteoma. **Ciência Hoje**, São Paulo, v.32, n.192, p.16-22, 2003.

PRIESSER, J.; KOMOR, E. Sucrose uptake into vacuoles of sugarcane suspension cells. **Planta**, Berlin, v.186, p.109–114, 1991.

RABILLOUD, T. Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: old, old fashioned, but it still climbs up the mountains. **Proteomics**, Weinheim, v.2, p.3-10, 2002.

RAE, A. L.; GROF, C.P.L.; CASU, R.E.; BONNETT, G.D. Sucrose accumulation in the sugarcane stem: pathway and control points for transport and compartmentation. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.92, p.159-168, 2005.

RAE, A.L.; CASU, R.E.; PERROUX, J.M.; JACKSON, M.S.; GROF, C.P.L. A soluble acid invertase is directed to the vacuole by a signal anchor mechanism. **Journal of Plant Physiology**, Queensland, v.168, p.983-989, 2011.

ROBINSON-BEERS, K. EVERT, R.F. Ultrastructure of and plasmodesmatal frequency in mature leaves of sugarcane. **Planta**, Berlin v.184, p.291-306, 1991.

RODRIGUES, J.D. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, 1995. 101p.

RONTEIN, D; DIEUAIDE-NOUBHANI, M.; DUFOURC, E.J.; RAYMOND, P.; ROLIN, D. The metabolic architecture of plant cells. Stability of central metabolism and flexibility of anabolic pathways during the growth cycle of tomato cells. **The Journal of Biological Chemistry**, Baltimore, v.46, p.43946-43960, 2002.

ROSSETTO, R. **Maturação**. Disponível em <
<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br>>. Acesso em: 10 fev. 2010.

ROSSETTO, R.; SANTIAGO, A.D. **Plantio**. Disponível em <
<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br> >. Acesso em: 25 ago. 2011.

ROSSOUW, D.; KOSSMANN, J.; BOTHA, F.C.; GROENEWALD, J.H. Reduced neutral invertase activity in the culm tissues of transgenic sugarcane plants results in a decrease in respiration and sucrose cycling and an increase in the sucrose to hexose ratio. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v.37, n.1, p.22-31, 2010.

SAIER JR, M. H. Families of transmembrane sugar transport proteins. **Molecular Microbiology**, Oxford, v.35, n.4, p.699-710, 2000.

SARAVANAN, R.S., ROSE, J.K.C. A critical evaluation of sample extraction techniques for enhanced proteomic analysis of recalcitrant plant tissues. **Proteomics**, Weinheim. v. 4, p. 2522-2532, 2004.

SILVA, T.G.F.; MOURA, M.S.B.; ZOLNIER, S. CARMO, J.F.A. SOUZA, L.S.B. Biometria da parte aérea da cana soca irrigada no submédio do Vale do São Francisco. **Revista de Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.43, n.3, p.500-509, 2012.

STITT, M. Fructose 2,6-bisphosphate as a regulatory metabolite in plants. **Annual Review of Plant Physiology**, Palo Alto, v.41, p.153–185, 1990.

SUZUKI, J. **Biossíntese e acúmulo de sacarose em cana-de-açúcar (*Saccharum spp*)**: influência do íon potássio durante diferentes estágios de crescimento em solução nutritiva. 1982. 96p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1982.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. Fotossíntese: reações de carboxilação. In:_____. **Fisiologia Vegetal**. Porto Alegre: ArtMed, 2009. cap.8, p.182-219.

TAVARES, A.C.S. **Sensibilidade da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) ao excesso de água no solo**. 2009. 221p. Tese (Doutorado em Irrigação e Drenagem) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

TERAUCHI, T.; MATSUOKA, M.; KOBAYASHI, M.; NAKANO, H. Activity of sucrose phosphate synthase in relation to sucrose concentration in sugarcane internodes. **Japanese Journal of Tropical Agriculture**, Ibaraki, v.44, p.147-151, 2000.

TWYMAN, R. M. **Principles of Proteomics**, Cambridge: BIOS Scientific Publishers, 2004. 241p.

UEHARA, N.; SASAKI, H.; AOKI, N.; OHSUGI, R. Effects of the temperature lowered in the daytime and night-time on sugar accumulation in sugarcane. **Plant Production Science**, Tokyo, v.12, n.4, p.420-427, 2009.

UNIÃO DAS INDÚSTRIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR. Disponível em < <http://www.unica.com.br/>>. Acesso em: 14 de abr. 2012.

UNIPROT. Disponível em < <http://www.uniprot.org/> >. Acesso em: 25 jul. 2012.

UYS, L.; BOTHA, F.C.; HOFMEYER, J.H.S.; ROHWER, J.M. Kinetic model of sucrose accumulation in maturing sugarcane culm tissue. **Phytochemistry**, Oxford, v.68, p.2375-2392, 2007.

VAN DILLEWIJN, C. **Botany of sugarcane**. Waltham: Massm, 1952. 371p.

VERMA, A.K.; UPADHYAY, S.K.; VERMA, P.C.; SOLOMON, S.; SINGH, S.B. Functional analysis of sucrose phosphate synthase (SPS) and sucrose synthase (SS) in sugarcane (*Saccharum*) cultivars. **Plant Biology**, New York, v.13, p.325-332, 2011.

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

VICENTINI, R.; FELIX, J.M.; DORNELAS, M.C.; MENOSSI, M. Characterization of a sugarcane (*Saccharum* spp.) gene homolog to the brassinosteroid insensitive1-associated receptor kinase 1 that is associated to sugar content. **Plant Cell Reports**, Berlin, v.28, p.481-491, 2009.

VORSTER, D.J.; BOTHA, F.C. Partial purification and characterization of sugarcane neutral invertase. **Phytochemistry**, Oxford, v.49, n.3, p.651-655, 1998.

WALSH, K.B.; SKY, R.C.; BROWN, S.M. The anatomy of pathway of sucrose unloading within the sugarcane stalk. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v.32, p.367-374, 2005.

WATT, D.A.; McCORMICK, A.J.; GOVENDER, C.; CARSON, D.L.; CRAMER, M.D.; HUCKETT, B.I.; BOTHA, F.C. Increasing the utility of genomics in unraveling sucrose accumulation. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.92, p.149-158, 2005.

WHITTAKER, A.; BOTHA, F.C. Carbon partitioning during sucrose accumulation in sugarcane internodal tissue. **Plant Physiology**, Lancaster, v.115, p.1651-1659, 1997.

WILLIAMS, L.; THOM, M.; MARETZKI, A. Characterization of a proton translocating ATPase and sucrose uptake in a tonoplast-enriched vesicle fraction from sugarcane. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v.80, p.169–176, 1990.

WOLTERS, D.A.; WASHBURN, M.P.; YATES3RD, J.R. An automated multidimensional protein identification technology for *shotgun* proteomics. **Analytical Chemistry**, Washington, v.73, p.5683–5690, 2001.

WU, L.; BIRCH, R.G. Doubled sugar content in sugarcane plants modified to produce a sucrose isomer. **Plant Biotechnology Journal**, Oxford, v.5, p.109–117, 2007.

YAMORI, W.; NOGUCHI, K.; TERASHIMA, I. Temperature acclimation of photosynthesis in spinach leaves: analyses of photosynthetic components and temperature dependencies of photosynthetic partial reactions. **Plant Cell Environmental**, Utah, v.28 p.536–547, 2005.

YATES, J.R.; RUSE, C.I.; NAKORCHEVSKY, A. Proteomics by mass spectrometry: approaches, advances, and applications. **Annual Review of Biomedical Engineering**, Palo Alto, v.11, p.49–79, 2009.

YEUNG, Y.-G.; STANLEY, E.R. Rapid detergent removal from peptide samples with ethyl acetate for mass spectrometry analysis. **Current Protocols in Protein Science**, Hoboken, v.16, p.1–6, 2010.

YIOTIS, C.; PSARAS, G.K. *Dianthus caryophyllus* stems and *Zinnia aethiopica* petioles/pedicels show anatomical features indicating efficient photosynthesis. **Flora**, Jena, v.206, n.4, p.360–364, 2011.

ZHANG, N.; LI, L. Effects of common surfactants on protein digestion and matrix-assisted laser desorption/ionization mass spectrometric analysis of the digested peptides using two-layer sample preparation. **Rapid Communications in Mass Spectrometry**, London, v.18, p.889–896, 2004.

ZHOU, Y.; QU, H.; DIBLEY, K.E.; OFFLER, C.E.; PATRICK, J.W. A suite of sucrose transporters expressed in coats of developing legume seeds includes novel pH-independent facilitators. **Plant Journal**, Oxford, v.49, p.750–764, 2007.

ZHU, Y.J.; KOMOR, E.; MOORE, P.H. Sucrose accumulation in the sugarcane stem is regulated by the difference between the activities of soluble acid invertase and sucrose phosphate synthase. **Plant Physiology**, Lancaster, v.115, p.609–616, 1997.

ZHU, Y. J.; ALBERT, H. H.; MOORE, P. H. Differential expression of soluble acid invertase genes in the shoots of high-sucrose and low-sucrose species of *Saccharum* and their hybrids. **Australian Journal of Plant Physiology**, Collingwood, v.27, p.193–199, 2000.

ANEXOS

ANEXO A

Tabela 19 – Volume dos spots identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 5 das variedades SP 80-3280 e Co 740

(continua)

Match ID	SP 80-3280				Co 740				Anova
	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	
3	0,375	0,368	0,361	0,368	0,272	0,262	0,274	0,269	5,66e-05
5	0,084	0,071	0,088	0,081	0,061	0,054	0,047	0,054	0,013
13	0,106	0,180	0,135	0,140	0,087	0,058	0,063	0,069	0,038
18	0,027	0,030	0,033	0,030	0,100	0,079	0,058	0,079	0,015
25	0,080	0,056	0,061	0,066	0,084	0,098	0,086	0,089	0,046
34	0,061	0,051	0,070	0,060	0,091	0,094	0,090	0,092	0,005
40	0,182	0,138	0,128	0,149	0,233	0,219	0,197	0,216	0,027
44	0,048	0,018	0,021	0,029	0,082	0,068	0,119	0,090	0,028
65	0,166	0,243	0,264	0,225	0,096	0,129	0,139	0,121	0,033
76	0,105	0,159	0,174	0,146	0,474	0,353	0,286	0,371	0,019
77	0,180	0,188	0,182	0,183	0,368	0,348	0,277	0,331	0,006
78	0,101	0,153	0,172	0,142	0,214	0,229	0,190	0,211	0,046
86	-	0,061	-	0,020	0,149	0,130	0,101	0,127	0,012
93	0,307	0,223	0,230	0,253	0,177	0,085	0,158	0,140	0,043
96	0,179	0,159	0,186	0,175	0,203	0,199	0,201	0,201	0,033
108	0,084	0,097	0,072	0,085	0,123	0,151	0,107	0,127	0,048
123	0,063	0,051	0,044	0,053	0,092	0,087	0,070	0,083	0,025
128	0,064	0,054	0,043	0,054	-	-	0,038	0,013	0,045
141	0,097	0,085	0,104	0,095	0,151	0,142	0,109	0,134	0,049
157	0,118	0,123	0,173	0,138	0,075	0,084	0,097	0,085	0,047
160	0,050	0,055	0,054	0,053	0,096	0,106	0,089	0,097	0,001
161	0,040	0,028	0,039	0,036	0,113	0,107	0,090	0,103	9,62e-04
185	0,090	0,097	0,148	0,112	0,370	0,374	0,295	0,346	0,002
186	0,039	0,047	0,082	0,056	0,159	0,147	0,163	0,157	0,002
187	0,052	0,054	0,042	0,049	0,033	0,028	0,035	0,032	0,016
202	0,089	0,166	0,081	0,112	0,463	0,328	0,294	0,362	0,013
203	0,109	0,214	0,137	0,153	0,302	0,283	0,264	0,283	0,017
205	0,056	0,063	0,049	0,056	0,251	0,133	0,136	0,173	0,040
210	0,058	-	-	0,019	0,198	0,072	0,138	0,136	0,048
214	0,035	0,045	0,034	0,038	0,090	0,074	0,096	0,087	0,003
242	0,061	0,026	0,023	0,037	0,082	0,124	0,112	0,106	0,017
259	0,034	0,064	0,052	0,050	0,113	0,113	0,131	0,119	0,003
263	0,201	0,107	0,124	0,144	-	0,047	0,048	0,032	0,027
270	0,033	0,040	-	0,024	0,078	0,090	0,071	0,080	0,015
278	0,086	0,095	0,075	0,086	0,050	0,048	0,056	0,051	0,005
298	0,326	0,278	0,288	0,297	0,194	0,211	0,203	0,203	0,004

Tabela 19 – Volume dos *spots* identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 5 das variedades SP 80-3280 e Co 740

(continuação)

Match	SP 80-3280				Co 740				Anova
ID	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	
299	0,256	0,278	0,211	0,248	0,133	0,157	0,138	0,143	0,007
302	0,061	0,056	0,051	0,056	0,093	0,087	0,083	0,088	0,001
312	0,077	0,090	0,118	0,095	0,236	0,140	0,210	0,195	0,031
316	0,277	0,243	0,233	0,251	0,178	0,162	0,143	0,161	0,006
317	0,088	0,055	0,117	0,087	0,261	0,272	0,250	0,261	7,76e-04
323	0,184	0,225	0,208	0,206	0,161	0,151	0,171	0,161	0,029
326	0,192	0,219	0,161	0,191	0,149	0,110	0,128	0,129	0,037
335	0,319	0,310	0,396	0,342	0,159	0,218	0,159	0,179	0,008
338	0,318	0,271	0,384	0,324	0,181	0,134	0,176	0,164	0,011
340	0,225	0,156	0,143	0,175	0,048	-	0,097	0,048	0,029
348	0,143	0,155	0,154	0,151	0,102	0,091	0,130	0,108	0,025
353	0,173	0,104	0,142	0,140	0,427	0,419	0,449	0,432	0,186
356	0,917	0,659	0,715	0,764	0,471	0,523	0,448	0,481	0,025
372	0,190	0,165	0,168	0,175	0,134	0,127	0,149	0,136	0,021
375	0,053	0,092	0,058	0,068	0,094	0,158	0,143	0,132	0,048
376	0,123	0,123	0,142	0,129	0,087	0,064	0,085	0,078	0,007
387	0,125	0,135	0,131	0,130	0,078	0,091	0,106	0,092	0,010
397	0,231	0,129	0,185	0,182	0,315	0,437	0,326	0,359	0,022
414	0,077	0,075	0,076	0,076	0,140	0,103	0,164	0,136	0,029
419	0,189	-	-	0,063	0,298	0,471	0,435	0,401	0,015
420	0,353	0,224	0,312	0,296	0,135	0,119	0,207	0,154	0,037
422	0,441	0,375	0,486	0,434	0,327	0,287	0,345	0,320	0,035
438	0,071	0,080	0,068	0,073	0,199	0,153	0,229	0,194	0,006
458	0,233	0,192	0,106	0,177	0,309	0,319	0,333	0,320	0,020
462	0,221	0,245	0,209	0,225	0,191	0,140	0,180	0,170	0,044
466	0,141	0,166	0,212	0,173	0,082	0,100	0,075	0,086	0,017
472	0,081	0,103	0,076	0,086	0,130	0,124	0,107	0,120	0,037
478	-	0,062	0,032	0,032	0,093	0,139	0,151	0,127	0,019
490	0,257	0,165	0,164	0,195	0,055	0,115	0,092	0,087	0,038
498	0,782	0,826	0,987	0,865	0,502	0,518	0,488	0,503	0,004
506	0,043	0,065	0,036	0,048	0,068	0,086	0,091	0,082	0,041
511	0,044	0,030	0,042	0,039	0,061	0,063	0,047	0,057	0,045
535	0,163	0,129	0,168	0,153	0,086	0,083	0,115	0,095	0,022
551	0,143	0,133	0,114	0,130	0,158	0,160	0,176	0,165	0,027
562	0,125	0,108	0,104	0,112	0,035	0,057	0,067	0,053	0,007
570	0,098	0,074	0,115	0,096	0,060	0,050	0,031	0,047	0,029
574	0,198	0,167	0,072	0,146	-	-	0,044	0,015	0,032
578	0,120	0,148	0,078	0,115	0,452	0,593	0,244	0,430	0,038
596	0,069	0,099	0,092	0,087	-	-	0,057	0,019	0,033

Tabela 19 – Volume dos *spots* identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 5 das variedades SP 80-3280 e Co 740

Match ID	SP 80-3280				Co 740				Anova
	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	
600	0,026	0,045	0,043	0,038	0,073	0,063	0,074	0,070	0,010
603	0,143	0,144	0,104	0,130	0,066	0,093	0,076	0,078	0,026
618	0,055	0,029	0,062	0,049	0,119	0,096	0,106	0,107	0,009
620	0,136	0,113	0,123	0,124	0,067	0,052	0,067	0,062	0,002
621	0,154	0,098	0,093	0,115	0,208	0,173	0,171	0,184	0,039
637	0,061	0,059	0,060	0,060	0,042	-	-	0,014	0,031
642	0,198	0,237	0,198	0,211	0,149	0,144	0,131	0,141	0,008
644	0,153	0,111	0,090	0,118	0,069	0,050	0,052	0,057	0,036
648	0,080	0,089	0,075	0,081	0,045	0,026	0,048	0,039	0,006
665	0,094	0,088	0,102	0,094	0,031	-	-	0,010	0,002
670	0,097	0,069	0,086	0,084	-	-	0,062	0,021	0,046
676	0,110	0,081	0,086	0,092	0,062	0,064	0,043	0,056	0,031
677	-	-	-	-	0,228	0,333	0,269	0,277	8,34e-04
678	-	-	-	-	0,213	0,248	0,240	0,234	2,35e-05
679	-	-	-	-	0,158	0,256	0,106	0,174	0,017
680	-	-	-	-	0,216	0,209	0,275	0,233	3,58e-04
681	-	-	-	-	0,082	0,091	0,073	0,082	8,19e-05
682	-	-	-	-	0,088	0,092	0,105	0,095	4,48e-05
683	-	-	-	-	0,057	0,048	0,050	0,051	5,55e-05
684	-	-	-	-	0,076	0,082	0,052	0,070	0,002
685	-	-	-	-	0,153	0,139	0,224	0,172	0,003
686	-	-	-	-	0,033	0,055	0,041	0,043	0,003
687	-	-	-	-	0,096	0,060	0,068	0,075	0,002
688	-	-	-	-	0,037	0,046	0,064	0,049	0,004
689	0,044	0,056	0,026	0,042	-	-	-	-	0,008
690	0,077	0,033	0,080	0,063	-	-	-	-	0,014
691	0,049	0,050	0,044	0,048	-	-	-	-	1,71e-05
692	0,047	0,115	0,066	0,076	-	-	-	-	0,020
693	0,064	0,047	0,092	0,068	-	-	-	-	0,007
694	0,066	0,077	0,070	0,071	-	-	-	-	2,43e-05
695	0,079	0,090	0,054	0,074	-	-	-	-	0,002
696	0,051	0,040	0,049	0,047	-	-	-	-	1,53e-04
697	0,079	0,081	0,054	0,071	-	-	-	-	0,001
698	0,068	0,051	0,052	0,057	-	-	-	-	4,47e-04
699	0,062	0,243	0,145	0,150	-	-	-	-	0,046
700	0,043	-	0,056	0,033	-	-	-	-	0,122

ANEXO B

Tabela 20 – Volume dos *spots* identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 9 das variedades SP 80-3280 e Co 740

(continua)

Match ID	SP 80-3280				Co 740				Anova
	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	
1	0,346	0,166	0,311	0,274	0,064	-	0,155	0,073	0,047
4	0,488	0,208	0,304	0,333	0,090	-	0,088	0,059	0,035
9	0,070	-	0,036	0,035	0,201	0,230	0,132	0,188	0,012
11	0,105	0,095	0,222	0,141	0,294	0,332	0,366	0,331	0,014
12	0,120	0,142	0,127	0,130	0,269	0,205	0,211	0,228	0,010
15	0,054	-	-	0,018	0,073	0,081	0,107	0,087	0,028
26	0,278	0,305	0,215	0,266	0,193	0,185	0,185	0,188	0,043
34	0,223	0,164	0,175	0,187	0,110	-	0,109	0,073	0,049
43	0,227	0,321	0,242	0,263	0,158	-	0,088	0,082	0,029
53	0,249	0,305	0,135	0,230	0,109	0,073	0,059	0,081	0,047
58	0,379	0,347	0,139	0,288	-	0,069	0,068	0,045	0,037
77	0,253	0,288	0,311	0,284	0,152	0,110	0,112	0,125	0,002
82	0,343	0,398	0,324	0,355	0,308	0,242	0,244	0,265	0,043
93	0,573	0,687	0,592	0,617	0,333	0,395	0,325	0,351	0,003
99	0,126	0,245	0,141	0,171	0,377	0,296	0,269	0,314	0,044
108	0,050	-	0,024	0,025	0,087	0,117	0,061	0,088	0,042
111	0,085	-	0,044	0,043	0,173	0,153	0,095	0,140	0,045
116	0,059	0,045	0,073	0,059	0,093	0,083	0,082	0,086	0,034
120	0,271	0,206	0,170	0,215	0,093	0,087	0,154	0,112	0,047
131	0,457	0,441	0,440	0,446	0,274	0,267	0,276	0,273	1,05e-05
141	0,190	0,105	0,128	0,141	0,088	-	-	0,029	0,045
163	0,542	0,719	0,579	0,613	1,115	0,862	0,844	0,940	0,034
169	0,280	0,158	0,228	0,222	0,107	0,070	0,103	0,093	0,026
170	0,150	0,132	0,158	0,147	0,219	0,380	0,401	0,334	0,032
175	0,343	0,320	0,292	0,318	0,118	-	0,204	0,107	0,026
177	0,067	0,037	0,051	0,052	0,227	0,179	0,293	0,233	0,006
184	0,046	0,058	0,054	0,052	0,105	0,087	0,082	0,091	0,008
189	0,120	0,101	0,116	0,112	0,044	-	-	0,015	0,003
198	0,068	0,049	0,035	0,051	0,092	0,087	0,074	0,084	0,039
216	0,080	0,045	0,097	0,074	0,143	0,168	0,166	0,159	0,008
224	0,162	0,295	0,312	0,256	0,128	-	0,059	0,062	0,032
238	0,280	0,337	0,294	0,304	0,230	-	-	0,077	0,045
241	0,316	0,218	0,247	0,260	0,571	0,695	0,365	0,544	0,048
259	0,120	0,162	0,103	0,128	0,185	0,335	0,337	0,285	0,042
260	0,049	0,084	0,058	0,063	0,186	0,200	0,200	0,195	3,27e-04
261	0,102	0,087	0,127	0,105	0,159	0,170	0,134	0,154	0,038
275	0,417	0,339	0,421	0,393	0,459	0,508	0,482	0,483	0,040
277	0,081	0,082	0,130	0,098	0,231	0,406	0,246	0,294	0,028

Tabela 20 – Volume dos spots identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 9 das variedades SP 80-3280 e Co 740

(continuação)

Match	SP 80-3280				Co 740				Anova
ID	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	
280	0,170	0,138	0,163	0,157	0,209	0,229	0,213	0,217	0,007
295	0,079	0,169	0,145	0,131	0,063	-	0,032	0,032	0,038
313	-	0,012	0,028	0,013	0,062	0,237	0,202	0,167	0,047
326	0,038	-	0,069	0,036	0,115	0,188	0,168	0,157	0,015
334	0,047	0,051	0,044	0,047	0,145	0,209	0,124	0,159	0,012
337	0,101	-	-	0,034	0,116	0,177	0,207	0,167	0,037
346	0,111	0,109	0,090	0,103	0,070	0,064	0,077	0,071	0,013
359	0,194	0,147	0,186	0,176	0,029	0,028	0,037	0,032	5,88e-04
360	0,089	0,141	0,258	0,162	-	0,045	-	0,015	0,048
367	0,031	-	-	0,010	0,043	0,070	0,086	0,066	0,027
368	0,212	0,281	0,318	0,270	0,034	0,091	0,156	0,094	0,020
380	0,055	0,053	0,038	0,049	0,097	0,104	0,123	0,108	0,003
390	0,061	0,076	0,056	0,064	0,017	-	0,038	0,018	0,021
405	0,257	0,306	0,239	0,267	0,212	0,130	0,182	0,175	0,041
414	0,286	0,350	0,275	0,304	0,207	-	0,055	0,087	0,031
437	1,204	0,872	0,739	0,938	0,561	0,230	0,281	0,357	0,028
439	0,072	0,148	0,039	0,086	0,185	0,213	0,270	0,222	0,029
452	0,564	0,495	0,704	0,588	0,834	0,860	0,811	0,835	0,017
455	0,052	0,036	0,064	0,051	0,280	0,181	0,176	0,212	0,010
465	0,736	0,678	0,692	0,702	0,802	0,751	0,768	0,774	0,035
467	0,631	0,532	0,653	0,606	0,863	0,861	0,858	0,861	0,002
471	0,343	0,301	0,278	0,308	0,386	0,384	0,368	0,380	0,022
475	0,762	0,629	0,698	0,696	0,323	0,304	0,571	0,399	0,034
479	-	0,028	0,045	0,024	0,097	0,226	0,187	0,170	0,022
484	0,063	0,116	0,090	0,090	0,242	0,202	0,189	0,211	0,005
489	0,173	0,171	0,173	0,172	0,136	0,117	0,135	0,129	0,002
491	0,194	0,253	0,358	0,268	0,069	0,114	0,125	0,103	0,031
498	0,114	-	0,181	0,099	0,220	0,339	0,400	0,320	0,042
499	0,101	0,148	0,085	0,111	0,251	0,187	0,221	0,219	0,015
501	0,531	0,529	0,375	0,478	0,302	0,242	0,229	0,257	0,017
504	0,627	0,431	0,889	0,649	-	-	0,157	0,052	0,014
507	0,030	0,074	0,038	0,048	0,138	0,137	0,107	0,127	0,009
535	0,092	0,102	0,058	0,084	0,128	0,184	0,137	0,150	0,040
537	-	0,023	0,021	0,015	0,073	0,150	0,192	0,138	0,026
550	-	-	0,045	0,015	0,163	0,191	0,152	0,169	0,001
569	-	0,073	0,066	0,046	0,225	0,265	0,152	0,214	0,014
582	0,086	0,072	0,086	0,081	0,042	-	-	0,014	0,011
583	0,113	0,084	0,122	0,106	0,025	-	-	0,008	0,002
585	0,274	0,180	0,164	0,206	0,115	-	-	0,038	0,031
586	0,133	0,209	0,381	0,241	0,072	-	-	0,024	0,048

Tabela 20 – Volume dos *spots* identificados como diferencialmente ($p < 0,05$) e preferencialmente expressos nos géis 2D-PAGE após análise de imagem feita através do programa ImageMaster para o entrenó 9 das variedades SP 80-3280 e Co 740

Match ID	SP 80-3280				Co 740				Anova
	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	Gel 1	Gel 2	Gel 3	Média	
587	0,340	0,265	0,316	0,307	0,119	-	-	0,040	0,004
588	0,198	0,100	0,148	0,149	0,072	-	-	0,024	0,028
590	0,094	0,059	0,053	0,069	0,035	-	-	0,012	0,030
591	0,094	0,113	0,057	0,088	0,035	-	-	0,012	0,020
594	0,086	0,122	0,084	0,097	-	-	0,034	0,011	0,007
595	0,039	0,058	0,050	0,049	0,026	-	-	0,009	0,016
596	0,134	0,082	0,159	0,125	-	-	0,032	0,011	0,010
598	-	-	-	-	0,284	0,221	0,219	0,241	0,359
599	-	-	-	-	0,081	0,123	0,107	0,104	0,001
600	-	-	-	-	0,129	0,091	0,063	0,094	0,008
601	-	-	-	-	0,122	0,178	0,113	0,138	0,002
602	-	-	-	-	0,122	-	0,066	0,063	0,150
603	-	-	-	-	0,094	0,070	0,071	0,078	5,91e-04
604	-	-	-	-	0,045	-	0,086	0,044	0,153
605	-	-	-	-	0,056	-	0,043	0,033	0,123
606	-	-	-	-	0,040	0,150	0,160	0,117	0,039
607	-	-	-	-	0,106	-	0,309	0,138	0,202
608	-	-	-	-	-	0,240	0,222	0,154	0,117
609	0,075	0,354	0,257	0,228	-	-	-	-	0,049
610	0,110	0,151	0,105	0,122	-	-	-	-	0,001
611	0,316	0,441	0,277	0,345	-	-	-	-	0,002
612	0,083	-	0,134	0,072	-	-	-	-	0,137
613	0,087	0,158	0,069	0,105	-	-	-	-	0,018
614	0,190	0,155	0,113	0,152	-	-	-	-	0,002
615	0,044	0,174	-	0,073	-	-	-	-	0,236
616	0,113	0,105	0,093	0,104	-	-	-	-	5,42e-05
617	0,047	0,056	-	0,034	-	-	-	-	0,119
618	0,066	0,086	-	0,050	-	-	-	-	0,123
619	0,074	0,070	-	0,048	-	-	-	-	0,116
620	0,151	-	0,128	0,093	-	-	-	-	0,119
621	0,194	-	0,192	0,128	-	-	-	-	0,116
622	0,166	0,141	0,138	0,149	-	-	-	-	7,13e-05
623	-	0,086	0,099	0,062	-	-	-	-	0,118
624	0,119	0,069	-	0,063	-	-	-	-	0,144

ANEXO C

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continua)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCILLR1054A06; SCSBAD1050C06;	1 aminocyclopropane 1 carboxylate oxidase 1	P:metabolic process; F:binding; F:catalytic activity	EC1.14.11.0	SP9; SP9;	0,06; 0,10;
SCAGLB1069G08; SCACLR1127F10; SCEQRT1031D02; SCEQRT1031D02; SCAGLB1069G08; SCEQRT1031D02; SCAGLB1069G08; SCEQRT1024E12; SCQGSB1144H02; SCBFLR1026E02; SCBFLR1026E02; SCCCLR1048F12; SCCCLR1048F11; SCCCLR1048F12; SCCCLR1048F12; SCBFLR1026E02; SCAGLB1069E02; SCCCL4017A09; SCCQRZ1001D02; SCCCL5072E02; SCCQRZ1001D02; SCMCRT2105C11; SCQGST1034A08; SCCCL5072E02; SCCQRZ1001D02; SCEQRT1025D06; SCMCRT2105C11; SCQGST1034A08; SCCCL5072E02; SCEQRT1025D06; SCMCRT2105C11; SCQGST1034A08; SCCQRZ1001C08; SCMCRT2102A01; SCEQRT1030G04; SCBFLR1026E01	14 33 like protein	F:protein binding	-	SP9; SP9; SP9; SP5; Co9; Co9; SP5; Co5; Co5; Co9; SP5; SP9; Co5; SP5; Co9; SP9; Co5; Co5; SP9; SP5; SP5; SP5; SP5; Co9; Co9; Co9; Co9; Co9; SP9; SP9; SP9; SP9; Co5; Co5; Co5; Co5;	0,08; 0,12; 0,14; 0,17; 0,20; 0,24; 0,37; 0,39; 0,42; 0,52; 0,55; 0,56; 0,67; 0,77; 0,96; 1,43; 1,75; 1,86; 2,16; SP9; Co5;
SCCCL4011G09; SCMCRT2102A01; SCCCL4011G09; SCCCL4011G09; SCEQRT2028E03; SCCCL4011D12; SCEQRT2094B01; SCMCRT2102A01; SCEQRT2094B01; SCMCRT2102A01; SCMVCLV1030C12;	14 33 like protein a	F:protein binding	-	Co9; SP5; SP9; SP5; Co5; Co5; Co9; Co9; SP9; SP9; Co5;	0,06; 0,08; 0,11; 0,18; 1,42; 3,65; ; ; ; ; ; SP9; Co5;
SCRUF1017E10.b; SCRUF1017E10.b; SCCCLR1022D02; SCCCLR1022D05; SCCCLR1022D05; SCCCLR1022D05; SCRUF1017E10.b; SCRUF1016B03;	14 33 like protein gf14 6	F:hydrolase activity; F:protein binding; F:nucleotide binding; C:nucleus; P:transcription	EC3.6.1.0	Co9; SP5; Co5; SP9; Co9; SP5; SP9; Co5;	0,03; 0,06; 0,34; 1,47; 1,71; 2,65; ; ;
SCEQLR1007G11; SCEQLR1007H12; SCEQLR1007H12;	14 33 protein	F:protein binding	-	Co5; Co9; SP9;	1,19; ; ;
SCILLR1033F07; SCILLR1033F07; SCILLR1011H09; SCILLR1033F07;	2 cys peroxidoxin bas1	P:metabolic process; F:molecular_function; F:catalytic activity	EC1.11.1.15	SP5; Co9; Co5; SP9;	0,19; 0,22; 0,69; 0,82;
SCCCL3001G11.b; SCCCL3001G11.b;	2 dehydro 3 deoxyphosphoconat e aldolase	P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; P:lipid metabolic process; C:plastid; F:transferase activity	EC2.5.1.55	SP5; Co9;	0,12; 0,23;
SCRURT2011B01;	2 dehydro 3 deoxyphosphoconat e expressed	P:biosynthetic process; C:plastid	-	Co9;	-
SCCCL4011B08;	2 isopropylmalate synthase b	P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:transferase activity	EC2.3.3.13	Co9;	0,20;
SCBGST3104H11; SCCCLR1C03B07;	23 kda polypeptide of photosystem ii	C:membrane; F:binding; C:plastid; P:photosynthesis; C:thylakoid	-	SP5; SP5;	0,12; 0,17;
SCQGHR1013C08; SCQGHR1013C08;	26s protease regulatory subunit 4	C:cytoplasm; F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:nucleotide binding; C:nucleus	EC3.6.1.15	SP5; Co9;	-
SCCCL3080B05; SCCCL3080A11.b;	26s protease regulatory subunit 6a	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	Co9; Co5;	0,07; ; ;
SCCCLR1077D09; SCCCLR1077B12;	26s protease regulatory subunit 6b	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	Co9; Co5;	0,14; 0,34;
SCCCLR1C07H11; SCCCLR1C07H02; SCCCLR1C07H11;	26s protease regulatory subunit 6b homolog	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	SP9; Co5; Co9;	0,42; ; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCLR1065G03; SCCCLR1065G03; SCCCLR1065F10;	26s protease regulatory subunit 7	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	Co.9; SP.9; Co.5;	0,27; 0,38; -;
SCCCLR1C04H06;	26s proteasome non atpase regulatory subunit 1 like	P:protein metabolic process; P:catabolic process; C:intracellular; F:binding; P:biological_process; F:enzyme regulator activity	-	Co.9;	0,19;
SCEZLR1052D02;	26s proteasome non atpase regulatory subunit 11	C:intracellular; F:binding	-	Co.9;	0,18;
SCCZR1C01D11; SCCZR1004C09; SCCZR1C02B12; SCCZR1004C05;	26s proteasome non atpase regulatory subunit 13	C:intracellular	-	Co.5; Co.9; Co.9; Co.5;	0,15; 0,16; -;
SCCCLR1048F08; SCCCLR1048F07;	26s proteasome non atpase regulatory subunit 14	C:intracellular	-	SP.5; Co.5;	0,07; -;
SCCCLR1048G11;	26s proteasome non atpase regulatory subunit 3	P:protein metabolic process; P:catabolic process; C:intracellular; P:biological_process; F:enzyme regulator activity	-	Co.9;	0,47;
SCQGLR1019H01; SCQGLR1019H01; SCCCL4002H01; SCCCL4002H01;	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4	C:intracellular	-	Co.9; SP.9; Co.9; SP.9;	0,16; 0,31; -;
SCEPCL6029B10; SCEPCL6023F02;	26s proteasome regulatory particle triple a atpase subunit 1b	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	Co.9; Co.5;	-
SCCCLR1022E06; SCCCLR1022E06; SCCCLR1022D05;	26s proteasome regulatory particle triple a atpase subunit 4	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	SP.5; Co.9; Co.5;	0,34; 0,40; 4,73;
SCVPLR1049F01; SCVPLR1049D05;	26s proteasome regulatory particle triple a atpase subunit 5a	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	Co.9; Co.5;	0,16; -;
SCCCCL4006C07; SCCCL4006C07; SCEZLB1010G08; SCEZLB1010G08; SCCCL4006A03; SCEZLB1009E10;	26s proteasome regulatory particle triple a atpase subunit 6	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.6.1.15	Co.9; SP.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,18; 0,33; -;
SCCCCL4004E02;	26s proteasome regulatory subunit	P:translation; F:translation factor activity, nucleic acid binding	-	Co.5;	0,40;
SCEZRZ1015F05; SCEZRZ1015F05; SCEZRZ1014C09; SCEPLB1043C03;	26s proteasome regulatory subunit s2	P:protein metabolic process; P:catabolic process; C:intracellular; F:binding; P:biological_process; F:enzyme regulator activity	-	SP.9; Co.9; Co.5; Co.9;	0,35; 0,44; 0,56; -;
SCCCLR1065E09; SCCCLR1065E09;	3 dehydroquinate synthase	C:cytoplasm; P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:catalytic activity	EC4.2.3.4	Co.9; SP.5;	0,15; 0,27;
SCILLR1011H09; SCILLR1011E11;	3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphate synthase	P:biosynthetic process; P:cellular process; F:transferase activity; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; C:plastid	EC2.5.1.54	SP.5; Co.5;	0,30; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenos 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCCL3080E11;	3 hydroxyisobutyryl coenzyme A hydrolase	Fcatalytic activity; Pmetabolic process	-	SP 9;	0,22;
SCCCLR1C05G02; SCEQLR1050G11;	3 ketoacylthiolase peroxisomal precursor	Ftransferase activity; Pmetabolic process	EC2.3.1.0	SP 5; SP 5;	0,40; -;
SCIFRZ1005C03; SCIFRZ1005C03; SCIFRT2059E04; SCIFRZ1005C03; SCEQLR1007G01; SCEQLR1007G01; SCEQLR1007G01; SCEQLR1007A06;	3 n debenzoyl 2 deoxytaxol n benzoyltransferase	Ftransferase activity; Cplastid	EC2.3.1.0	Co 9; SP 9; Co 5; SP 5; Co 9; SP 9; SP 5; Co 5;	0,26; 0,27; 0,36; 0,48; 0,52; 0,58; 0,65; 1,00;
SCIFRT1062H07;	3 n debenzoyl 2 deoxytaxol n benzoyltransferase like	Ftransferase activity	EC2.3.1.0	Co 5;	-
SCUTLR1058E09;	3 oxoacyl synthase i	Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pcellular process; Plipid metabolic process; Cplastid	EC2.3.1.0	Co 5;	1,02;
SCSFRT2067F07;	4 coumarate coenzyme A ligase 1	Pmetabolic process; Fcatalytic activity	EC6.2.1.12	Co 5;	0,73;
SCCCCL3002A03.b; SCCCL3002A03.b; SCCCL3002A03.b; SCCCL3002A02.b;	4 coumarate ligase	Pmetabolic process; Fcatalytic activity	EC6.2.1.12	Co 9; SP 9; SP 5; Co 5;	0,15; 0,46; 0,58; 1,03;
SCAGLR2026C06;	4 methyl 5 b hydroxyethyl thiazol monophosphate biosynthesis enzyme	Cplastid	-	SP 9;	0,59;
SCVPRT2080E04; SCVPRT2079H06; SCEZLB1007D07; SCCCRZ2003B04; SCCCRZ2003E04; SCVPRT2080E04; SCCCRZ2003E04; SCVPRT2080E04; SCCCRZ2003E04;	40s ribosomal protein	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	SP 9; Co 5; Co 5; Co 5; SP 5; SP 5; Co 9; Co 9; SP 9;	0,05; 0,66; 0,85; -;-;-;-;-;
SCCCLR2C01F11; SCCCLR2C01F11; SCCCLR2C01A08;	40s ribosomal protein s10	Cribosome	-	Co 9; SP 9; Co 5;	0,16; 0,17; 2,17;
SCEQLR1091B11; SCAGFL3022B11; SCQSAV12047D10; SCQSLF3031F01; SCILLR1054F11; SCCCLR1C01C07; SCEQLR1091B11; SCCCLR1C01C07; SCEQLR1091B11; SCEQLR1091A10; SCCCLR1C01C02; SCILLR1054F05; SCAGFL3020B06; SCAGFL3022B11; SCCCLR1C01C07; SCILLR1054F11; SCILLR1054F11; SCAGFL3022B11; SCQSLF3031F01;	40s ribosomal protein s12	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co 9; Co 9; Co 5; Co 9; SP 9; Co 9; SP 9; SP 5; SP 5; Co 5; Co 5; Co 5; Co 5; SP 5; SP 5; SP 5; Co 9; SP 9; SP 9;	0,02; 0,06; 0,11; 0,13; 0,14; 0,27; 0,32; 0,36; 0,39; 0,48; 0,63; 2,63; -;-;-;-;-;
SCUTLR1058E09; SCCCLR1024D10; SCUTLR1058E09; SCCCLR1024D10; SCUTLR1058B02; SCCCLR1024D03;	40s ribosomal protein s13	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; FRNA binding; Cmitochondrion	-	Co 9; Co 9; SP 5; SP 5; Co 5; Co 5;	0,16; 0,16; 0,27; 0,27; 3,89; 4,30;
SCCCLR1048A02; SCCCLR1C03A02; SCCCRT2002B03; SCSBSB1096D03; SCCCLR1024H08; SCRUF13064G06.b; SCCCLR1C02H11; SCCCRT2001H11; SCCCLR1048A02; SCILRZ1022H11; SCRUF13066B06.b; SCSBSD2054A09; SCCCLR1C03A02; SCCCRT2002B03; SCRUF13066B06.b;	40s ribosomal protein s14	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP 9; Co 9; Co 9; Co 5; Co 5; Co 5; Co 5; Co 5; Co 9; Co 9; Co 9; SP 9; SP 9; SP 9;	0,06; 0,11; 0,18; 0,27; 0,57; -;-;-;-;-;
SCCCLR2C02A08; SCCCLR2C02A08; SCCCLR1079G05; SCILHR1028G02; SCCCLR1079G05; SCSFSB1104A06;	40s ribosomal protein s15	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	Co 9; SP 9; Co 9; Co 9; SP 9; SP 9;	0,11; 0,33; -;-;-;-;-;
SCMCST1058E10; SCMCST1057B07; SCMCST1058E10; SCCCRZ2C01G01; SCCCLR2004C07; SCCCLR2004D07; SCCCRZ2C01G03;	40s ribosomal protein s15a	Fstructural molecule activity; Cplasma membrane; Ccell wall; Cmembrane; Cvacuole; Cribosome; Ccytosol; Ptranslation; Cmitochondrion	-	Co 9; Co 5; SP 9; Co 5; Co 5; Co 9; Co 9;	0,11; 0,24; 0,28; -;-;-;-;-;
SCEPLR1030C12; SCCCLR2002A05; SCEPLR1030C12; SCCCLR2002A05;	40s ribosomal protein s16	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co 9; SP 5; SP 5; Co 9;	0,09; 0,16; -;-;-;-;-;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCUTSD1025H06;	40s ribosomal protein s17	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9;	0,04;
SCCCLR1C05C08; SCRLFL1011G08; SCBGLR1002D11; SCCCLR1C05F01; SCRLFL1005C02; SCBGLR1002D06;	40s ribosomal protein s174	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.5; SP.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,09; 0,18; ; ; ; ;
SCCCRZ2002C12; SCCCLR1001H01; SCCCLR1001H01; SCCCRZ2002C11; SCCCLR1001G06; SCCCRZ2002C12; SCCCLR1001H01; SCCCRZ2002C12;	40s ribosomal protein s18	Cribosome; Fstructural molecule activity; FRNA binding; Ptranslation	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,18; 0,28; 0,32; 0,94; 2,75; ; ; ;
SCQGLB1038F11; SCCCLR1048G12; SCCCLR1001C01; SCCCLR1001B07; SCVPLB1047D06; SCQGLB1038B02; SCVPLB1019D09; SCCCLR1048H12; SCQGLB1038F11; SCVPLB1020B05; SCCCLR1001C01; SCCCLR1048H12; SCVPLB1020B05;	40s ribosomal protein s19	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.9; Co.5; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.9; SP.9; SP.9;	0,26; 0,29; 0,38; 0,87; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCRZ2002H09; SCCCRZ2002H09; SCEPRZ1009G03; SCEPRZ1009G03; SCEPRZ1009G01; SCCCRZ2002H06;	40s ribosomal protein s2	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	Co.9; SP.5; SP.5; Co.9; Co.5; Co.5;	0,15; 0,22; 0,39; 0,55; 0,74; 1,42;
SCCCLR2001F07; SCCCLR2001F07;	40s ribosomal protein s20	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation	-	Co.9; SP.5;	0,30; 0,31;
SCMCRT2088H11; SCILLR1054C12;	40s ribosomal protein s24	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; FRnucleotide binding	-	Co.9; Co.9;	0,12; ;
SCEPRZ1010A03; SCBGLR1095G03; SCSGAM2076D04; SCCCCL3080F02.b; SCRLLR1110G08; SCBGLR1096B07; SCCCCL3080G07; SCEPRZ1010A10; SCRLLR1131E01; SCSGAM2102F10; SCBGLR1096B07; SCCCL3080G07; SCEPRZ1010A10; SCRLLR1131E01; SCSGAM2102F10; SCBGLR1096B07; SCCCL3080G07; SCEPRZ1010A10; SCRLLR1131E01; SCSGAM2102F10;	40s ribosomal protein s27a	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,76; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCLR1C07D10; SCEQLR1050E10;	40s ribosomal protein s28	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.5; SP.5;	0,20; ;
SCCCCL3001F09; SCCCL3001F09; SCCCL3001F09; SCAGLR1043F02; SCIFFL1C01G03; SCCCL3001F05; SCAGLR1043G11; SCIFFL1C05F09.b; SCAGLR1043G11;	40s ribosomal protein s3	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	SP.5; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,41; 0,56; 0,64; 1,59; ; ; ; ; ;
SCCCCL4006A03; SCCCL3005C01.b; SCCCL4005D12; SCCCCL4006A03; SCCCL3005C01.b; SCBGLR1023G09; SCCCCL3004H02.b; SCSFST1064C10; SCCCLR2001F08; SCCCLR2001F09; SCRLAM1014C12; SCBGLR1047A12; SCCCLR2001F09; SCMLR1032F10; SCRLAM1014C12; SCSFST3074H02;	40s ribosomal protein s3a	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; Co.9; Co.5; SP.5; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9;	0,09; 0,16; 0,22; 0,23; 0,24; 0,31; 1,33; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCIFRZ2033C02; SCIFRZ2033C02; SCCCL3080E05; SCCCCL3080C11; SCCCL3003G05.b; SCEQLR1092B12; SCIFRZ2029G06; SCCCL3080E05; SCCCL3004E04.b; SCIFRZ2033C02; SCCCL3080E05;	40s ribosomal protein s4	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; FRNA binding	-	SP.5; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,31; 0,36; 0,58; 0,59; 1,42; ; ; ; ; ;
SCUTSD2088D06; SCCCL3001E09.b; SCUTSD2088D06; SCRLR2037A12; SCACL1127E08; SCACL1127E08; SCUTSD2028F03; SCACL1057F07; SCCCL3001C07.b; SCACL1127E08; SCRLR2038B04; SCCCL3001E09.b; SCRLR2038B04; SCUTSD2088D06; SCCCL3001E09.b;	40s ribosomal protein s5	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	SP.5; SP.5; SP.9; Co.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9;	0,16; 0,21; 0,25; 0,41; 0,43; 0,46; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCLR1066A08;	40s ribosomal protein s6	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.5;	0,21;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenos 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCCL4010B12;SCCCCL4010B12;SCCCCL4010A09; SCVPLR1049H03;SCVPLR2005E09;SCVPLR2005E09; SCVPLR2005E09;	40s ribosomal protein s7	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP9; SP5; Co5; Co5; Co9; SP9; SP5;	0,05; 0,13; 0,18; 0,27; 0,28; 0,38; 0,45;
SCCCLR1048F11;SCCCRZ2002D10;SCCCLR1048F08; SCCCRZ2002D10;SCCCRZ2002D10;SCQST3104E11; SCCCRZ2002D07;SCCCLR1048F11;SCQST3114E08; SCCCLR1048F11;SCQST3114E08;SCQST3114E08;	40s ribosomal protein s8	Cribosome; Fstructural molecule activity; Cplastid; Ptranslation; FRNA binding	-	SP9; Co9; Co5; SP5; SP9; Co5; Co5; SP5; SP5; Co9; Co9; SP9;	0,01; 0,31; 0,37; 0,38; 0,38; 1,63; 1,91; ; ; ; ; ; ;
SCQGLR2017B10;SCCCLR2002C01;SCCCLR2002C01; SCCCLR2002C01;SCBFLR1083E03;SCCCLR2002A03; SCQGLR2010A04;SCBFLR1083F02;SCQGLR2017B10;	40s ribosomal protein s9	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation; FRNA binding	-	SP5; Co9; SP5; SP9; Co5; Co5; Co5; Co9; Co9;	0,07; 0,23; 0,23; 0,27; 0,86; ; ; ; ; ;
SCSGAM1094H05;SCEPLR1051C09;SCCCST1001B11; SCSGLR1045A06;SCEPLR1051E04;SCSGAM1094H05; SCSGAM1094D05;SCSGHR1071H12b; SCCCLR1001C11;SCCCLR1001D03;SCCCST1001H07; SCEPLR1051E04;SCSGAM1094H05;SCCCLR1001D03; SCCCST1001H07;SCSGLR1045A06;SCCCLR1001D03; SCCCST1001H07;SCEPLR1051E04;SCSGLR1045A06;	40s ribosomal protein sa	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation	-	Co9; Co5; Co5; SP5; Co9; SP9; Co5; Co5; Co5; SP5; SP5; SP5; SP5; Co9; Co9; Co9; SP9; SP9; SP9; SP9;	0,01; 0,31; 0,36; 0,36; 0,42; 0,43; 0,52; ;
SCRLSD2011E04;SCCCCL4015D05;SCCCCL4015F02; SCCCRZ2001G03;SCCCCL4015F02;SCCCCL4015F02; SCCCRZ2003A09;SCCCRZ2003A09;SCCCRZ2003A09; SCRLST3165G08;SCRLST3165G08;SCRLST3165G08;	5 methyltetrahydroptero yltriglutamate homocysteine expressed	Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Fbinding; Ftransferase activity	EC:2.1.1.14	Co5; Co5; Co9; Co5; SP9; SP5; SP5; SP9; Co9; SP5; Co9; SP9;	0,18; 0,37; 0,62; 0,84; 5,08; 5,98; 17,99; 19,03; 22,66; ; ; ; ;
SCVMCST1049F11;SCVMCST1049F11;SCVMCST1049F11; SCVMCST1049F11;	6 phosphogluconate dehydrogenase isoenzyme a	Fnucleotide binding; Pcarbohydrate metabolic process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Psecondary metabolic process; Fcatalytic activity	EC:1.1.1.44	SP5; Co9; SP9; Co5;	-
SCQSLR1018F09;SCQSLR1040E09;SCQSLR1040E09; SCQSLR1040E09;SCBFAD1067A05;SCBFAD1067A05; SCBFAD1067A05;SCBFAD1045H11;	6 phosphogluconate dehydrogenase2	Fnucleotide binding; Pcarbohydrate metabolic process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Psecondary metabolic process; Fcatalytic activity	EC:1.1.1.44	Co5; Co9; SP5; SP9; SP5; Co9; SP9; Co5;	0,84; 3,07; 3,40; 4,54; ; ; ; ;
SCCCLR1048A10;SCCCLR1048A10;SCCCLR1001E09; SCCCLR1048A09;SCCCLR1003D03;SCCCLR1003D03;	60 ribosomal protein l14	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co9; SP9; Co5; Co5; Co9; SP9;	0,08; 0,18; 0,21; 0,36; ; ;
SCVPLR1006A03;SCACLR1036B11;SCACLR1036B11; SCACLR1036B11;SCACFL5033A09;	60s acidic ribosomal protein p0	Cribosome; Fstructural molecule activity; Pcellular process; Ptranslation	-	Co9; SP5; Co9; SP9; Co5;	0,04; 1,10; 1,13; 1,41; ;
SCRLFL4108D12;SCRLFL4027D01;SCRLFL4108D12; SCRLFL4108D12;	60s acidic ribosomal protein p1	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co9; Co5; SP5; SP9;	0,25; 0,32; ; ;
SCCCFL8002D09;SCEQLB1066C12;SCCCHR1003C05; SCEQLB1068G05;	60s acidic ribosomal protein p2a	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co5; Co5; Co9; Co9;	-
SCVPLR1049H03;SCVPLR1049H03;SCVPLR1049F01;	60s acidic ribosomal protein p2b	Cribosome; Fstructural molecule activity; Cmitochondrion; Ptranslation	-	Co9; SP9; Co5;	0,08; 0,24; ;
SCRFLR1012C07;SCRFLR1012C07;SCRFLR1012B07; SCCCCL4004C11;SCCCCL4004E02;SCCCCL4004E02;	60s ribosomal protein	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation	-	SP9; Co9; Co5; Co5; Co9; SP9;	0,11; 0,12; 0,81; 0,84; ; ;
SCEZRZ1017F07;SCEZRZ1017F07;SCEZRZ1016E12;	60s ribosomal protein l10	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co9; SP5; Co5;	0,10; 0,47; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCBFRZ2016G12; SCBGLR1119H10; SCBFLR1026D07; SCBFLR1026E01; SCBFRZ2016G12; SCBFLR1026E01; SCBFRZ2016G12; SCBGLR1119H10; SCBFLR1026E01; SCBGLR1117C08; SCBFRZ2016G05;	60s ribosomal protein l10 3	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.9; SP.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,02; 0,02; 3,52; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCIFRZ2025G07; SCCCLR1C05G05; SCIFRZ2029G06; SCQSAM2047A11.b; SCQSAM1032E01; SCCCLR1C05F01;	60s ribosomal protein l10a 1	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	Co.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.5; Co.5;	0,28; 0,38; ; ; ; ; ;
SCCCRZ2001F06; SCVPLR2019F01; SCVPLR2019F01; SCCCRZ2001F03; SCCCRZ2001F06; SCVPLR2019F01; SCCCRZ2001F06; SCVPLR2019A02;	60s ribosomal protein l11 1	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,22; 0,24; 0,31; 12,10; ; ; ; ; ;
SCACLR2014B04; SCACLR2014B04; SCACLR2014B04; SCCCLR1C01C07; SCACLR2007G05; SCAGLR1021D05; SCAGLR1021E04; SCCCLR1C01C09; SCAGLR1021E04; SCCCLR1C01C09; SCEQRT1024D04; SCAGLR1021E04; SCCCLR1C01C09;	60s ribosomal protein l12	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9;	0,27; 0,34; 0,40; 0,81; 0,92; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCCL3003G05.b; SCCCL3003F11.b; SCAGLR2033E03; SCAGLR2033E09; SCIFRZ2013D07; SCVPLR3047D06; SCIFRZ2010E12; SCVPLR3046H12;	60s ribosomal protein l13 2	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.5; Co.5;	0,09; 0,43; 0,61; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCIFLR1017B11;	60s ribosomal protein l17	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation	-	Co.5;	6,46;
SCIFRZ2009G01; SCEPRZ1009C02; SCIFRZ2015G01; SCBFLR1046F11; SCEPRZ1009B12; SCIFRZ2015D05; SCBFLR1039E06; SCBFLR1046F11; SCIFRZ2009F02; SCIFRZ2015G01; SCBFLR1046F11; SCIFRZ2015G01;	60s ribosomal protein l18	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; Co.9; Co.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.9; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,06; 0,07; 0,08; 0,13; 0,29; 0,44; 0,53; 0,56; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCEQLB1066H08; SCIFLR1013D01; SCQGLR2025D05; SCUTLR1058F06;	60s ribosomal protein l18a	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,14; ; ; ; ; ;
SCVPLB1018H01; SCEFRZ1013H01;	60s ribosomal protein l19 3	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.5; Co.5;	5,19; 1,254;
SCCCLR2002C08;	60s ribosomal protein l19 like protein	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; Cmitochondrion	-	Co.5;	-
SCCCLR2004E03; SCCCLR2004E06; SCCCLR2004E06; SCVPLR2027C10; SCCCLR2004E06; SCVPLR2027H04; SCVPLR2027H04; SCVPLR2027H04;	60s ribosomal protein l2	Fstructural molecule activity; FRNA binding; Cribosome; Ptranslation	-	Co.5; SP.5; Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.9; SP.9;	0,22; 0,34; 0,57; 0,86; 0,87; ; ; ; ; ;
SCCCLR1C02E07; SCCCLR1C02B02;	60s ribosomal protein l22 2	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; Co.5;	0,13; 0,34;
SCCCLR2004E03; SCCCLR1C02E07; SCCCLR2004D07; SCCCLR1C02F03; SCCCRZ2001C12;	60s ribosomal protein l23	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; Cmitochondrion	-	SP.9; Co.5; Co.5; SP.9; SP.9;	0,15; 0,37; ; ; ; ; ;
SCCCLR1C03A02; SCBGLR4053D05; SCEQLR1050H09;	60s ribosomal protein l23a	Cribosome; Fstructural molecule activity; FRNA binding; Ptranslation; Fnuclotide binding	-	Co.5; Co.5; Co.5;	0,61; ; ; ; ; ;
SCBGLR1023G09; SCCCLR1C05C08; SCCCLR1C05C08; SCCCLR1C04G09; SCBGLR1023F03; SCBGLR1023G09;	60s ribosomal protein l27	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; Cmitochondrion	-	Co.9; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5; SP.9;	0,02; 0,08; 0,09; 0,54; ; ; ; ; ;
SCCCLR2003G02; SCAGLR2033D11; SCCCLR2003G02; SCAGLR2033D10; SCCCLR2003E01; SCAGLR2033D11;	60s ribosomal protein l3	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; SP.9;	0,17; 0,34; 0,62; 1,25; ; ; ; ; ;
SCCCLR1072G10; SCCCLR1072G10; SCCCLR1072G07;	60s ribosomal protein l30	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.9; Co.9; Co.5;	0,06; 0,07; 2,32;
SCBGLR1120H01; SCCCRZ3002F01; SCBGLR1119H10;	60s ribosomal protein l33 b	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.5; SP.5; Co.5;	-

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCVPLR2005E09; SCCCLR2001H12; SCCCLR2002A03; SCVPLR2005F12;	60s ribosomal protein l35	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.5; Co.5; Co.9; Co.9;	0,64; 2,86; -;-;
SCCCRZ1001C08; SCCCL3140B12; SCCCL3140B12; SCCCRZ1001C08; SCCCL3120G07; SCCCRZ1001C05; SCIFRT1010H03; SCCCRZ1001C08; SCIFRT1011A02; SCCCL3140B12; SCIFRT1011A02;	60s ribosomal protein l4	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.5; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9;	0,44; 0,45; 0,99; 1,20; 2,15; 6,29; -;-;-;-;
SCEQLR1091D05; SCUTLR1037F12; SCCCLR1048A09; SCUTLR1037F12; SCCCLR1048A06; SCUTLR1037F10; SCEQLR1091D05; SCEQLR1091B11;	60s ribosomal protein l5 1	Cribosome; FRNA binding; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	SP.9; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9; Co.5;	0,15; 0,21; 0,21; 0,27; 1,18; 2,55; -;-;
SCEQLB1063E01; SCEQLB1063E01; SCEQLHR1080E08;	60s ribosomal protein l6	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,08; 0,09; -;
SCCCCL3080C04; SCCCL3080C04; SCCCL3080B05;	60s ribosomal protein l6 like isoform 1	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,10; 0,21; 0,55;
SCCLR1C10E12; SCCLR1C08E09; SCCLR1C05H09;	60s ribosomal protein l7 1	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation	-	Co.9; Co.5; Co.9;	0,10; 0,21; -;
SCCLR2004C07; SCCLR2004C07; SCCLR2004B02; SCCLR2002D12; SCCLR2002E05;	60s ribosomal protein l7 2	Fstructural molecule activity; Cribosome; Ptranslation	-	SP.5; Co.9; Co.5; Co.5; Co.9;	0,22; 0,24; 1,41; 7,59; -;
SCVPLR1028C12; SCCCRZ2001H04;	60s ribosomal protein l7a	Cribosome; Fstructural molecule activity; Pcellular process; Ptranslation	-	Co.9; Co.9;	0,22; 0,25;
SCCLR1069A12; SCCLR1069A12; SCCLR1068G11;	60s ribosomal protein l9	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation; FRNA binding	-	SP.9; Co.9; Co.5;	0,27; 0,28; -;
SCAGLR1043F02; SCAGLR1043F02; SCAGLR1043F02; SCAGLR1043E06;	70kda heat shock protein	Fnucleotide binding	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5;	0,47; 0,79; 3,09; 3,29;
SCSBHR1052E03; SCBGSD2053C08; SCCLR1001C12; SCCCRT2004B11; SCCSRT2035D10;	abscisic stress ripening protein 2	Presponse to stress	-	SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5;	0,33; -;-;-;-;
SCQGLR1062G12;	ac026815 7 ma binding protein	Fnucleic acid binding; Fnucleotide binding	-	Co.9;	0,17;
SCIFRT1013H05;	ac090882 14 dehydratase deaminase	Fbinding; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Fcatalytic activity; Cplastid	EC:4.3.1.19	Co.5;	0,18;
SCEZLR1009F06; SCACLR2014E12;	acetyl cytosolic 1	Ftransferase activity; Pmetabolic process	EC:2.3.1.0	Co.5; Co.5;	0,35; -;
SCIFHR1034E09; SCCCRZ1004G02; SCCCRZ1004G02; SCCCRZ1004F04; SCIFHR1032D11; SCIFHR1034E09;	acetylornithine deacetylase	Pmetabolic process; Fhydrolase activity	-	Co.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; SP.9;	0,02; 0,33; 0,56; -;-;-;
SCEZHR1049B08; SCVICAM2082H11; SCCLR2C02F10; SCEZLB1006B07; SCVICL6049H03; SCCCLR2C02F10; SCEZLB1006B07; SCVICL6049H03; SCCCLR2C02F10; SCEZLB1006B07; SCVICL6049H03; SCCCLR2C02E10;	achain complex of hsp90 n terminal and sgt1 cs domain	Pprotein metabolic process; Pcellular process; Cytoplasm; Fprotein binding; Fnucleotide binding; Presponse to stress	-	Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,08; 0,14; -;-;-;-;-;
SCBGLR1023C09; SCCCLR2001B08; SCQSLR1061E07; SCCCLR2001A12; SCCST3006A03; SCQSLR1089F07;	acidic ribosomal protein p2a 2	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co.9; Co.9; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9;	0,00; 0,05; 0,61; 0,86; -;-;
SCCCCL3001A05; SCCCL3001A05; SCCCL3001A05; SCEPL4174E05; SCEPL4174E05; SCRULB2062A03.b; SCEPL4174E05; SCRULB2062A03.b; SCCCL2001H02.b; SCRULHR1076A04; SCEPL3089E10;	aconitys jame full aconitate cytoplasmic short aconitase ame full citrate hydro lyase	Pmetabolic process; Fbinding; Cmitochondrion; Cplastid	-	Co.9; SP.5; SP.9; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5;	2,94; 3,44; 3,78; -;-;-;-;-;-;-;
SCCCCL3001B09.b; SCCCL3001B09.b; SCCCL3001B09.b; SCCCL3001B04.b;	aconitate hydratase 1	Pmetabolic process; Fbinding; Cplastid	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,89; 0,90; 1,08; 1,16;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCLR1C02B02; SCCCLR1065E11; SCCCLR1C02A03; SCCCLR1065F02; SCCCLR1065F02; SCCCLR1065F02; SCJFRZ1005F03; SCJFRZ2033C02; SCSGFL5C05H11; SCJFRZ1005G06; SCJFRZ3C04G04.b; SCCCLR1C02B02; SCJFRZ1005G06; SCJFRZ3C04G04.b; SCJFRZ1005G06;	aconitate cytoplasmic	F:binding; P:metabolic process	-	SP.5; Co.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9;	0,17; 0,35; 1,06; 1,33; 1,65; 2,12; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCRFLR1012H05; SCRFLR1012H05; SCRFLR1012F12; SCRFLR1012H05;	act1 ory.sjame full actin 1.ame full 1	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP.9; SP.5; Co.5; Co.9;	0,73; 1,85; 19,53; ;
SCOQLR1018C05; SCOQLR1018C05; SCOQLB1052H09; SCOQLR1018C05;	act2 ory.sjame full actin 2	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP.9; SP.5; Co.5; Co.9;	0,21; 1,44; 1,81; ;
SCCCRZ1002G03; SCCCRZ1002G03; SCCCRZ1002G01; SCCCRZ1002G03;	act3 ory.sjame full actin 3	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	Co.9; SP.9; Co.5; SP.5;	0,18; 0,35; 5,32; ;
SCCCLR1076G12; SCCCLR1076G12; SCCCLR1076G12; SCCCLR1076D05;	act7 ory.sjame full actin 7	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP.5; SP.9; Co.9; Co.5;	2,10; 2,32; 2,60; ;
SCEZLR1009B09; SCEZLR1009B09; SCEZLB1014F09;	actin 1	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,31; 0,57; 1,02;
SCSBFL4012F03; SCSBFL4061D06;	actin 7	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	Co.5; SP.9;	0,16; ;
SCJFRZ2014H10; SCJFRZ2014H10; SCJFRZ2014H10; SCJFRZ2014A08;	actin 7 like partial	Fnucleotide binding	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	-
SCEPAM2055B09; SCSFST3082D02; SCSGAM2076D04; SCEPAM2055B09; SCSFST3082D02; SCSGAM2076D04; SCEPAM2055B09; SCSGAM2076D04; SCSFST3077C11; SCEPAM2053F09; SCSGAM2075D12.b;	actin Brassica napus var napus	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5;	; ; ; ; ; ; ; ; 0,10; 0,15; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCCL4002E12; SCCCLR1001F01; SCBGLR1082H03; SCCCCL4002F05; SCCCL4002F05; SCCCLR1001E06; SCBGLR1095G03; SCCCL4002F05; SCBGLR1095G03; SCCCLR1001F01; SCBGLR1095G03; SCCCLR1001F01; SCRFR3057C02;	actin depolymerizing factor 3	F:protein binding; Ccytoplasm	-	Co.5; SP.5; Co.5; Co.9; SP.9; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,08; 0,19; 0,23; 0,26; 0,55; 6,52; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCLR1069D05; SCBFLR1039B12; SCBFLR1026E05; SCCCLR1069D05; SCCCLR1069D05; SCCCLR1069D01; SCBFLR1039B12; SCBFLR1039B12;	actin expressed	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	Co.9; Co.9; Co.5; SP.5; SP.9; Co.5; SP.5; SP.9;	0,03; 1,07; 1,23; 1,60; 2,42; ; ; ;
SCJFRZ1007E09; SCJFRZ1005D04; SCOQLR1089G05; SCQSRT1034B11;	actin iii partial	P:signal transduction; F:transcription regulator activity; F:signal transducer activity; Fnucleotide binding; P:transcription	-	SP.9; Co.5; Co.5; SP.9;	0,25; 0,87; ; ;
SCRURT3064F04; SCJFRZ1058A12; SCJFRZ1058A12; SCJFRZ1011A02;	actin Ipomoea nil acyl activating enzyme	Fnucleotide binding P:metabolic process; C:plastid; Fcatalytic activity	- -	Co.5; Co.9; SP.9; Co.5;	2,13; 0,28; 0,42; ;
SCJLRZ1027C07;	acyl carrier protein	P:biosynthetic process; P:cellular process; P:lipid metabolic process; F:transporter activity; F:binding; C:mitochondrion	-	Co.9;	0,02;
SCOQLB1049G04;	acyl carrier protein 3	P:biosynthetic process; P:lipid metabolic process; F:binding	-	Co.5;	0,63;
SCEQLR1007C02;	adapter related protein complex 1 beta 1 expressed	F:binding; F:transporter activity; P:transport; P:cellular process; C:membrane; Ccytoplasm	-	Co.9;	0,44;
SCUTRZ3104C02; SCCCLR1024H05; SCCCLR1024G01; SCCCLR1024H05; SCEZSB1090E08; SCEZSB1090E08;	adenine nucleotide translocator	F:binding; C:membrane; C:mitochondrion; P:transport; F:transporter activity	-	Co.9; Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.9;	0,03; 0,74; 0,82; 0,96; 1,45; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCIFRT1008E10; SCIFRT1008E10; SCIFRT1008E10; SCIFRT1007E09	af486280.1 cytosolic 6 phosphogluconate dehydrogenase	F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; F:catalytic activity	EC:1.1.1.44	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5	0,5319; 0,635; 0,9373; -
SCCCCL3002A09.b	alanine aminotransferase	F:binding; P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:transferase activity; F:catalytic activity; C:mitochondrion	EC:2.6.1.0; EC:4.4.1.14	Co.9	0,2251
SCCCLR2001G09; SCCCST2002D08; SCIFRT1010F04; SCBFAD1067E10; SCCCL5003D06; SCBGLR1002F11; SCBFAM2117B08; SCBGLR1002G12; SCCCL5061A01; SCCCLR2001H05; SCCCST2003C12; SCIFRT1010H03; SCBFAM2117B08; SCBGLR1002G12; SCCCL5061A01; SCCCLR2001H05; SCCCST2003C12; SCIFRT1010H03; SCBFAM2117B08; SCBGLR1002G12; SCCCL5061A01;; CCCLR2001H05; SCCCST2003C12; SCIFRT1010H03	alcohol dehydrogenase 1	C:cytoplasm; P:metabolic process; F:binding; F:catalytic activity	EC:1.1.1.1	Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9	-; 4,8515; 0,349; -; -; 0,3533; -; -; 0,4605; 1,6883; 0,079; - ;-; 1,9; 76; 0,49; -; -; -; 2,5302; 1,6251; -
SCCCCL4006H08; SCCCL4006C07; SCCCL4006H08; SCCCCL4006H08;	alcohol dehydrogenase 2	C:cytoplasm; P:metabolic process; F:binding; F:catalytic activity	EC:1.1.1.1	SP.5; Co.5; Co.9; SP.9;	0,18; 0,49; 0,61; 1,57;
SCCCLR1066H09; SCCCLR1066H09; SCCCLR1066G06;	alcohol dehydrogenase class 3	C:cytoplasm; F:catalytic activity; F:binding; P:metabolic process	EC:1.1.1.284; EC:1.1.1.1	Co.9; SP.5; Co.5;	0,19; 0,26; 0,39;
SCRCL6033B02; SCSFRT2068E07; SCRCL6033B02; SCSFRT2068E07; SCRCL6033B02; SCSFRT2068E07; SCSFRT2068D11; SCRCL6031D05;	alcohol dehydrogenase family 2	F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	-	SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5;	-
SCUTLR2023D11;	aldehyde dehydrogenase family 7 member a1	F:catalytic activity; P:metabolic process	EC:1.2.1.0	Co.9;	0,25;
SCCCLR2004B02; SCCCLR2003G02;	aldose reductase	P:metabolic process; F:catalytic activity	-	SP.9; Co.5;	0,42; 1,20;
SCSBSB1096D03; SCSBSB1096D03; SCSBSB1096D03; SCSBRZ3124A08;	alficorys jame full fructose biphosphate chloroplastic short aldp flag precursor	P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; C:plastid; C:mitochondrion	EC:4.1.2.13	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5;	0,17; 0,23; 0,29; -;
SCRLLR1038A10; SCRLLR1038C12; SCRLLR1038C12; SCCCLR2002H05;	allene oxide cyclase 4	C:plastid; F:catalytic activity	-	Co.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,01; 0,12; 0,41; -;
SCEQRT2098D07;	allene oxide synthase 1	F:binding; P:metabolic process; F:catalytic activity; F:molecular_function	-	Co.5;	-
SCEZAM2059H12; SCAGLR1021A12; SCAGLR1043A03;	alpha glucan protein synthase	C:plasma membrane; C:cell; P:cellular process; F:transferase activity	EC:2.4.1.0	Co.5; Co.5; Co.5;	-
SCBFAM2117B08;	alpha glucan protein synthase 1	C:plasma membrane; C:cell wall; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:transferase activity; P:cellular component organization	EC:2.4.1.186	Co.5;	-
SCCCLR1001B04;	alpha 1 subunit of 20s proteasome	C:cytoplasm; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus; F:hydrolase activity	EC:3.4.25.0	Co.9;	0,30;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCBGLR1002F11; SCEQAM2036D10; SCBGLR1002E03; SCEQHR1080E08;	alpha 3 subunit of 20s proteasome	Cintracellular; Pprotein metabolic process; Pcatabolic process; Pcellular process; Cnucleus; Fhydrolase activity; Cmitochondrion	EC3.4.25.0	SP9; Co5; Co5; SP9;	0,30; 0,31; ; ;
SCAGHR1018G09; SCRFLR1012F02; SCAGLR1021B05; SCAGLR1021B05; SCAGLR1021B05; SCEZHR1049B08; SCEZHR1049B08; SCEZHR1049B08; SCAGHR1018G09; SCAGHR1018G09;	alpha glucan protein synthase	CGolgi apparatus; Cplasma membrane; Ccell wall; Pbiosynthetic process; Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Ftransferase activity; Cextracellular region; Pcellular component organization	EC2.4.1.186	SP5; SP5; Co9; SP5; SP9; SP5; Co9; SP9; Co9; SP9;	0,22; 0,37; 1,12; 1,15; 1,29; ; ; ; ;
SCBFFL5074C09; SCBFFL5074C09; SCBFFL5074C09;	alpha glucan protein synthase 1	Cplasma membrane; Ccell wall; Pbiosynthetic process; Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Ftransferase activity; Pcellular component organization	EC2.4.1.186	Co9; SP9; SP5;	0,13; 0,34; 0,53;
SCSGRT2062A10; SCSGRT2065G08.b; SCSGRT2065G08.b; SCSGST1069F07.b;	alpha partial	CCytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Fnucleotide binding	-	Co5; SP5; Co9; Co9;	1,33; ; ; ;
SCMCLR1123A09;	alpha soluble nsf attachment protein	Cintracellular; Ptransport; Pcellular process; Fbinding	-	SP5;	0,10;
SCCCCL3001C07.b; SCCCCL3001C07.b; SCRURT3065A10.b; SCCCCL3001C07; SCSBAD1053F01; SCCCCL3001C07.b; SCSBAD1053F01;	alpha tubulin	CCytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; CCytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP5; SP9; Co5; Co5; SP5; Co9; Co9;	0,61; 0,62; ; ; ; ; ;
SCCCRZ2002H09;	aminopeptidase m	Ptransport; Ftransporter activity; Fhydrolase activity; Pprotein metabolic process; Pcatabolic process; Fbinding	-	Co5;	-
SCAGLR2018D03; SCCCRT1004F06;	aminotransferase y4ub	Fbinding; Pmetabolic process; Cmitochondrion; Ftransferase activity	EC2.6.1.0	Co9; Co9;	0,15; 0,28;
SCUTAM2088D10; SCUTAM2089E05; SCUTAM2089E05;	amyb maize ame full beta amylase ame full alpha d glucan maltohydrolase	Pcarbohydrate metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fbinding	EC3.2.1.2	Co5; Co9; SP5;	0,07; 0,23; 0,50;
SCCCRZ1001E09; SCIFRZ2015G01; SCSFHR1043G09;	ankyrin repeat domain containing protein 2	-	-	Co5; Co5; Co5;	1,67; ; ;
SCSFST3074H02; SCRFLA006E01;	ankyrin repeat domain protein expressed	-	-	Co5; Co5;	0,02; 1,75;
SCIFLR1073D07;	annexin d3 like	Fbinding; Flipid binding	-	Co9;	0,16;
SCEZLB1010C01; SCIFRZ2015C05; SCIFRZ2015C05; SCIFRZ2015C05; SCIFRZ2015B10;	annexin d4 like	Fbinding; Flipid binding	-	Co9; Co9; SP5; SP9; Co5;	0,09; 0,27; 0,63; 0,66; ;
SCCCRZ2004A11; SCCCZ2003E04; SCCCLR2C03D05;	annexin p33	Fbinding; Flipid binding	-	Co9; Co5; Co5;	0,11; 0,12; 1,52;
SCSBST3098G08; SCSBST3098G08; SCSBST3098G08; SCSBST3096H07;	annexin p35	Fbinding; Flipid binding	-	SP9; Co9; SP5; Co5;	0,18; 0,33; 0,56; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCLR1069H11; SCCCLR1069H11; SCCCLR1069H11; SCCCLR1069D05;	aphid transmission factor	Fstructural molecule activity; Ccellular_component	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5;	0,03; 0,07; 0,11; 2,71;
SCCCLR1C07G09;	apospory associated protein c	Fcarbohydrate binding; Fcatalytic activity; Pcarbohydrate metabolic process	EC5.1.3.15	Co.9;	0,06;
SCRURT2012H06; SCSGRT2066A01; SCSGSB1005E04; SCSGSB1008B01; SCRURT3064F04; SCRURT3064F04; SCSGRT2066C02; SCSGRT2066C02; SCRURT3064F04; SCSGRT2066C02; SCSGSB1008B01; SCSGSB1008B01;	apx1 cytosolic ascorbate peroxidase	Fbinding; Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Presponse to stress	EC1.11.1.7	Co.5; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.5; SP.5; Co.9; SP.5; SP.9;	0,25; 0,82; -; 0,08; 0,65; 0,83; 1,05; 1,05; 1,08; 1,33; -; -;
SCEQRT1025D06; SCAGLR1021E04; SCEQRT1025E05; SCEQRT1025E05; SCEQRT1025E05; SCAGLR1043C02; SCAGLR1043C02; SCAGLR1043C02;	apx2 cytosolic ascorbate peroxidase	Fbinding; Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Presponse to stress	EC1.11.1.7	Co.5; Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.9; SP.5; SP.9;	-; -; 0,01; 0,01; 0,84; 0,98; 1,02; 1,23;
SCAGLR2033E03; SCAGLR2033E03; SCAGLR2033D11;	aquaporin pip1.2	Cmembrane; Ptransport; Cplasma membrane; Pcellular process; Ftransporter activity	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,17; 0,30; 1,26;
SCCCLR1065E06; SCCCLR1065E06; SCCCLR1065B07; SCQGLR1041H04; SCRFLR1012A08; SCVICAM2084B07; SCQGLR1041H04; SCRFLR1012A08; SCVPST1061H08; SCQGLR1041C10; SCRFLB1053B01;	aquaporin pip2.1	Cmembrane; Ptransport; Cplasma membrane; Pcellular process; Ftransporter activity	-	Co.9; SP.9; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,09; 0,45; 0,57; -; -; -; -; -; -; -; -;
SCIFRT2060F02;	aquaporin pip2.6	Cmembrane; Ptransport; Cplasma membrane; Pcellular process; Ftransporter activity	-	SP.5;	0,01;
SCBFRZ2017C10; SCBFRZ2017C10; SCBFRZ2016G12;	arf1.salba.ame full adp ribosylation factor.1	Cintracellular; Ptransport; Pcellular process; Fnucleotide binding	-	Co.9; SP.9; Co.5;	-
SCAGLR1021F12;	argininosuccinate synthase	Ccytoplasm; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Fnucleotide binding; Fcatalytic activity	EC6.3.4.5	SP.9;	0,16;
SCSBST3100B04;	armadillo repeat containing protein 7 like	Cmitochondrion; Fbinding	-	Co.9;	0,29;
SCAGRT2039A02;	asparagine synthetase	Fcatalytic activity; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process	EC6.3.5.4	SP.9;	0,39;
SCCCLR1048G01; SCCCLR1048F12;	asparaginyl tRNA cytoplasmic 3	Ccytoplasm; Fnucleic acid binding; Fcatalytic activity; Fnucleotide binding; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Ptranslation; Pcellular amino acid and derivative metabolic process	EC6.1.1.22	Co.9; Co.5;	0,46; 1,64;
SCQSLR1090G03; SCQSLR1090G03; SCQSLR1090G03; SCILLR1011C10; SCILLR1011C10; SCILLR1011C10; SCILRT1016F11; SCILHR1028C12; SCCFL5061A01; SCILRT2051F02; SCCFL8002D09; SCILRT2052H10; SCCFL8002D09; SCILRT2052H10; SCCFL8002D09; SCILRT2052H10;	aspartate aminotransferase	Fbinding; Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Cplastid	EC2.6.1.1	Co.9; SP.9; SP.5; SP.5; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,21; 0,37; 0,44; 0,63; 0,69; 0,70; -; -; -; -; -; -;
SCMCRT2105F08;	aspartate semialdehyde dehydrogenase	Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Fnucleotide binding; Fcatalytic activity; Fprotein binding; Cplastid; Pmetabolic process	EC1.2.1.11; EC1.2.1.38	Co.5;	-

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCRZ2002H03;	aspartic proteinase oryzasin 1 precursor	C:cytoplasm; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; P:lipid metabolic process	EC3.4.23.0	Co.5;	0,77;
SCCCCL3080C05.b; SCCCCL3080C04;	aspartyl expressed	F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding	EC3.4.11.0	Co.9; Co.5;	0,21; 0,35;
SCIFRT2057C03;	aspartyl tma synthetase	C:cytoplasm; F:nucleic acid binding; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:translation; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:nucleotide binding; F:catalytic activity	EC6.1.1.12	SP.5;	0,11;
SCEZRZ1016E12; SCCST1002D07; SCEZRZ1016D05; SCCCLR1024D02; SCCST1004A01; SCVICAM2082D06; SCCCLR1024D02; SCEZRZ1016E12; SCVICAM2082D06; SCCCLR1024C05;	atp citrate expressed	F:catalytic activity; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.5;	0,08; 0,16; 0,22; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCVPLR2012F11; SCVPLR2012F11; SCVPLR2012F11; SCVPLR2012D09;	atp citrate synthase	F:catalytic activity; F:nucleotide binding	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,39; 0,74; 0,92; ;
SCCCLR1C06C11; SCCCLR1C05G08; SCCCLR1C06C11; SCCCLR1C06C11;	atp citrate synthase beta chain protein 1 like	F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:transferase activity	EC6.2.1.5; EC2.3.3.8	Co.9; Co.5; SP.9; SP.5;	0,74; 0,79; 1,27; 1,87;
SCCCRZ2002G01; SCCCRZ2002G01; SCCCRZ2002G01; SCCCRZ2001D06; SCCCRZ2001D03; SCCCRZ2001D06; SCCCRZ2001D06; SCCCRZ1003A11; SCCCRZ1003G06; SCCCRZ1003G06; SCCCRZ1003G06; SCCCRZ2002D10;	atp synthase beta chain	P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:hydrolase activity; F:transporter activity; P:catabolic process; F:nucleotide binding; C:membrane; C:mitochondrion; P:cellular process	EC3.6.3.6	Co.9; SP.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,90; 1,01; 1,17; 1,26; 1,44; 1,63; 2,03; ; ; ; ; ;
SCCCLR1072A03; SCCCLR1072A03; SCILRT1023F02; SCILRT1023B09; SCILRT1023F02; SCCCLR1001B07; SCCCLR1001A07; SCILRT1023F02; SCCCLR1001B07; SCCCLR1001B07;	atp synthase delta chain	F:transporter activity; P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; C:membrane; C:mitochondrion; C:plasma membrane	-	Co.9; SP.9; Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,12; 0,16; 0,27; 0,28; 0,34; 0,40; ; ; ; ;
SCIFLR1013C03; SCIFLR1013C03; SCIFLR1013B03; SCVPRZ2043F04;	atp synthase gamma chain	C:membrane; C:intracellular; F:transporter activity; C:mitochondrion; P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity	-	Co.9; SP.5; Co.5; SP.5;	0,38; 0,50; 3,16; ;
SCEQRT1029C02; SCEQRT1029C02; SCEQRT1026G11; SCVPRT2077G09; SCVPRT2077G09; SCVPLR2027H04;	atp synthase subunit mitochondrial like isoform 1	F:transporter activity; C:membrane; C:mitochondrion; P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process	-	Co.9; SP.9; Co.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,17; 0,17; 1,40; ; ; ; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCLB1004B02; SCCCLB1004B02; SCCCLB1004B02; SCCCLB1003G10;	atpase subunit 1	Cmembrane; Cintracellular; Ptransport; Pbiosynthetic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Ptransporter activity; Cmitochondrion; Fnucleotide binding; Fhydrolase activity; Pcellular process	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5;	0,91; 0,92; 0,96; -;
SCCCFL1003H07; SCCCRT1001H04; SCCCLR2001A06; SCILLR1107G01; SCCCRT1001H04; SCCCLR2001A06; SCCCLR2001A06;	auxin induced protein pont1.15	-	-	Co.9; SP.9; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,03; 0,09; 0,14; 0,14; 0,17; 0,17; 0,19;
SCSBLB2036C10; SCSBLB2036C10; SCSBLB1033H09;	beta 1 tubulin	Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Fnucleotide binding	-	SP.5; SP.9; Co.5;	-
SCRUFL1021F10.b; SCRUF11023C12;	beta actin	-	-	Co.5; SP.9;	-
SCQGSB1140A11; SCQGSB1082C10;	beta bisabolene synthase like	Pmetabolic process; Fcatalytic activity; Fbinding	-	SP.9; Co.5;	0,23; -;
SCRUF11016B03; SCRUF11015F05; SCUTSD2088D06; SCCCRZ1001H04; SCCCRZ1001H08; SCRUF11016B03; SCUTST3087F08; SCCCRZ1001H08; SCRUF11016B03; SCCCRZ1001H08; SCUTST3087F08;	beta chain	Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Fnucleotide binding	-	SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9;	0,13; 0,16; -;-;-; -;-;-;-;-;
SCRUF11114C02.b; SCQSRT1035A03; SCQSHR1022C01;	beta partial	Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Fnucleotide binding	-	SP.5; SP.5; SP.5;	0,03; 0,04; -;
SCRUHR1076A04; SCRHR1076A04; SCRUF14024E08;	beta tubulin	Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Fnucleotide binding	-	Co.9; SP.9; Co.5;	-
SCILLR1054B02; SCILLR1054B02; SCILLR1054B02; SCILLR1033H01.b;	beta tubulin 4	Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Cytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5;	0,84; 1,44; 1,49; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCIFRZ1006E06; SCIFRZ1006E06; SCCCRZ1002F11; SCIFRZ1006E06; SCCCRZ1002F11; SCCCRZ1002F11; SCVPLR1049D09; SCCCRZ1002F06; SCVPLR1049D05; SCVPLR1049D05; SCVPLR1049D05; SCIFRZ1005G06;	beta tubulin r2242	Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	SP9; Co9; Co9; SP5; SP5; SP9; Co5; Co5; SP5; Co9; SP9; Co5;	0,90; 1,40; 1,49; 1,58; 2,01; 2,05; 2,63; 5,17; ; ; ;
SCAGL3022B11; SCIFRZ1007A10; SCIFRZ1007A10; SCIFRZ1007A10; SCIFRZ1006E06;	betaine aldehyde dehydrogenase	Pmetabolic process; Fcatalytic activity	EC1.5.1.35; EC1.2.1.19	Co5; SP5; Co9; SP9; Co5;	0,35; 0,80; 0,81; 1,05; 2,76;
SCIFLR1013B03; SCIFLR1013B03; SCIFLR1013B03; SCIFLR1013A12;	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	Ccytoplasm; Fbinding; Fcatalytic activity; Pcarbohydrate metabolic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process	EC5.4.2.1	SP5; Co9; SP9; Co5;	1,15; 1,30; 2,36; ;
SCSBS2058D04; SCBGSB1029H10;	blue copper protein	Fbinding; Fmolecular_function	-	Co5; Co5;	0,30; ;
SCCCLR1076E03;	brassinosteroid biosynthesis like protein	Fnucleotide binding; Pmetabolic process; Fcatalytic activity	EC1.1.1.158	Co9;	0,30;
SCCORT1002F09;	bzip transcription factor	Ftranscription factor activity; FDNA binding; Fprotein binding; Cnucleus; Ptranscription	-	Co9;	0,05;
SCILRT1023B09; SCSGST3118A01.b; SCRFLR1012F09; SCSGST3118A01.b; SCSGST3118A01.b; SCILRT1023A07; SCRFLR1012F12; SCRFLR1012F12; SCRFLR1012F12; SCILRT1023B09; SCILRT1023B09; SCSGST1072B08;	caffeic acid 3 o methyltransferase	Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Psecondary metabolic process; Fprotein binding; Pmetabolic process; Pcellular process	EC2.1.1.68; EC2.1.1.6	SP9; SP5; Co5; Co9; SP9; Co5; SP9; SP5; Co9; SP5; Co9; Co5;	0,05; 0,16; 0,18; 0,19; 0,19; 0,36; 9,82; 10,22; 12,38; ; ; ;
SCIFRT1061B07; SCIFRT1061B07; SCIFRT1061B07; SCIFRT1060F07.b;	caffeic acid o methyltransferase	Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Psecondary metabolic process; Fprotein binding; Pmetabolic process; Pcellular process	EC2.1.1.68; EC2.1.1.6	SP9; SP5; Co9; Co5;	0,09; 0,10; ; ; ;
SCRUFL4024C06.b; SCAGAM2018C08; SCCCHR1003C05; SCAGCL6012G12; SCAGCL6012G12; SCCCLR1078H05; SCCCLR1069B09; SCCCLR1069B09; SCCCLR1069B09; SCCCLR1069B04; SCCCHR1004C07; SCCCHR1004C07; SCCCHR1004C07; SCRUFL3066B06.b; SCCCLR1079A02; SCAGCL6012G12; SCCCLR1079A02; SCRUFL4024C06.b; SCCCLR1079A02; SCRUFL4024C06.b;	caffeoyl 3 o methyltransferase 1	Ftransferase activity; Fbinding; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Psecondary metabolic process; Pmetabolic process; Pcellular process	EC2.1.1.104	SP5; Co5; Co5; SP5; SP9; Co5; Co9; SP9; SP5; Co5; SP5; Co9; SP9; Co5; SP5; Co9; Co9; Co9; SP9; SP9;	0,09; 0,09; 0,19; 0,45; 0,57; 0,63; 0,68; 0,70; 1,24; 1,24; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCQSRT1034C09; SCILRT1023F02; SCQSRT1034B11; SCILRT2050C09;	caffeoyl o methyltransferase 1	Ftransferase activity; Pmetabolic process; Pcellular process	-	Co9; Co5; Co5; Co9;	0,20; ; ; ;
SCCCLR1004E01;	calcium dependent protein kinase	Fbinding; Pprotein modification process; Fnucleotide binding; Fkinase activity	EC2.7.11.0	Co5;	15,26;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCILHR1028B09; SCAGLR2011D03; SCCCLR1078F05; SCMVCLR1053D11; SCCCLR1078F05; SCCCLR1C07G11; SCIIFL1C04C12.b; SCMVCLR1032D12; SCCCLR1077D10; SCCCRZ2001G08; SCILFL3013A02; SCAGLR2011F07; SCCCRL1078F05; SCCCLR1C07H02; SCCCRZ2001H12; SCAGLR2011F07; SCCCLR1C07H02; SCCCRZ2001H12; SCILHR1028B09; SCMVCLR1053D11; SCAGLR2011F07; SCCCRL1C07H02; SCCCRZ2001H12; SCILHR1028B09; SCMVCLR1053D11;	calmodulin	Psignal transduction; Fprotein binding; Fbinding; Ppost-embryonic development; Presponse to abiotic stimulus; Fcatalytic activity; Cytosol; Pbiological_process; Pmetabolic process	EC1.3.1.74	SP.5; Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,05; 0,36; 0,42; 0,63; 0,64; 1,67; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCRL1070F12; SCEQAD1018A08; SCCCLR1070F12; SCCCRL1070E06;	calnexin precursor	Pprotein metabolic process; Pcellular process; Ccytoplasm; Cendoplasmic reticulum; Fprotein binding; Fbinding	-	Co.9; Co.5; SP.9; Co.5;	0,34; 0,51; 0,56; ;
SCIFST1010G02;	capp1 sacyame full phosphoenolpyruvate housekeeping isozyme short pepc short pepcase	Ccytoplasm; Pmetabolic process; Pcellular process; Fbinding; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Pphotosynthesis; Fcatalytic activity	EC4.1.1.31	SP.9;	-
SCCCRL1048H09; SCCCLR1048H09;	catalase cata	Presponse to stress; Pcatabolic process; Pcellular process; Fbinding; Fcatalytic activity; Cmitochondrion; Pmetabolic process	EC1.11.1.6	Co.9; SP.9;	0,59; 1,01;
SCCCLB1023F09;	cathepsin b like	Pprotein metabolic process; Pcatabolic process; Pbiological_process; Fhydrolase activity	EC3.4.22.0	Co.9;	0,11;
SCIFRZ1005F03; SCIFRZ1005F03; SCIFRZ1005F03;	cb22 orysj ame full chlorophyll a b binding protein chloroplastic amefull thci type i cab 2 shor	Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pphotosynthesis; Cmembrane; Cplastid; Cthylakoid	-	SP.5; Co.9; SP.9;	-
SCIFRZ1005C03;	cb22 orysj ame full chlorophyll a b binding protein chloroplastic amefull thci type i cab 2 short lhq flags precursor	Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pphotosynthesis; Cmembrane; Cthylakoid; Cplastid	-	Co.5;	0,79;
SCCCCL3003B01.b; SCAGLR1043G12; SCCCCL3003B01.b; SCAGLR1043G12; SCAGLR1043G12; SCCCCL3003A08.b; SCRUF.L4024C06.b; SCILFL3012G11; SCAGLR1043G11; SCILFL3013A02; SCRUF.L4024E08; SCILFL3013A02; SCRUF.L4024E08; SCCCL3003B01.b; SCILFL3013A02; SCRUF.L4024E08;	cbs domain protein	Fcatalytic activity; Pmetabolic process	-	SP.5; Co.9; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,11; 0,51; 0,51; 0,55; 0,56; 1,22; ; ; ; ;
SCILFR1074A11;	cct motif family protein	-	-	Co.5;	0,27;
SCILLR1101E05; SCILLR1101E05; SCILLR1101A02;	cell death associated protein	Pmetabolic process; Fhydrolase activity	-	SP.5; SP.9; Co.5;	0,10; 0,20; ;
SCCCRZ1003A10; SCCCRZ1003A10; SCCCRZ1003A10; SCVPLR1049C09; SCVPLR1049C09; SCVPLR1049C09; SCCCRZ1002H03; SCCCL3001F10.b; SCVPLR1049C05; SCCCCL3001G01.b; SCCCL3001G01.b; SCCCCL3001G01.b;	cell division cycle protein expressed	Fhydrolase activity; Fnucleotide binding; Pcellular process	EC3.6.1.15	SP.9; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,49; 0,57; 0,79; 1,41; 1,65; 1,80; 3,54; 6,78; ; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCEZRT2022A12;	cf maize ame full chalcone flavanone isomerase short chalcone isomerase	F:catalytic activity; P:biosynthetic process; P:cellular process	-	SP.5;	-
SCEPAM11053F09; SCVICAM2080D01.b; SCEPAM11053F09;	chalcone flavanone isomerase family expressed	-	-	Co.9; SP.5; SP.5;	0,11; 0,34; -;
SCCQLR1C03G09;	chalcone flavanone isomerase.1	P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; P:secondary metabolic process; F:catalytic activity	EC.5.5.1.6	SP.5;	0,22;
SCCQLR2002B07;	chaperone protein dna j 10	P:protein metabolic process; P:cellular process; F:protein binding	-	Co.9;	0,08;
SCCQLR2001H07;	chaperonin 21 precursor	P:protein metabolic process; P:cellular process; F:nucleotide binding; C:plastid	-	Co.9;	0,17;
SCCCRZ1004G05; SCCCRZ1004G02; SCBGRT3071E11; SCBGSB1029H10; SCCCRZ1004G05;	chaperonin 60 beta precursor	F:nucleotide binding; F:protein binding; P:protein metabolic process; P:cellular process; C:plastid	-	SP.5; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9;	0,37; 0,39; -; -;
SCVPRT2078D02;	chaperonin cpn60 mitochondrial precursor	P:response to stress; F:nucleotide binding; F:protein binding; P:protein metabolic process; P:cellular process; C:mitochondrion	-	Co.9;	0,57;
SCCCCL3002A02.b; SCCCL3002A02.b; SCRURT2005F01; SCCCL3002A02.b; SCRURT2005F01; SCRURT2005F01; SCCCL3001G02.b; SCRULR1042G12;	chloride intracellular channel 6	-	-	SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5;	0,21; 0,21; 0,26; 0,65; 0,66; 0,75; 4,04; -;
SCCQLR2C02D12; SCCQLR2C02D12; SCRLSD1009B10; SCCQLR2C02D02;	chlorophyll a b binding apo protein cp26 precursor	C:membrane; C:mitochondrion; P:generation of precursor metabolites and energy; P:photosynthesis; C:plastid	-	SP.5; SP.9; SP.9; Co.5;	0,33; 0,34; -; -;
SCUTST3086G11; SCUTST3086G11;	chlorophyll a b binding protein	C:membrane; P:generation of precursor metabolites and energy; P:photosynthesis; C:plastid	-	SP.9; SP.5;	0,19; 0,19;
SCCCSB1003H06; SCCCST1001B11; SCCCST1001B11; SCCCST1001B11;	chlorophyll a b binding protein 1	F:binding; P:generation of precursor metabolites and energy; P:photosynthesis; C:membrane; C:thylakoid; P:protein modification process; C:plastid	-	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9;	0,26; 0,58; 1,03; 1,21;
SCIFLR1074A11; SCCQLR1066F06; SCIFLR1074A11; SCIFLR1074A11; SCCQLR1066F06; SCCQLR1066F06; SCCQLR1066D10; SCIFLR1074A06;	chlorophyll a b binding protein 2	F:binding; P:generation of precursor metabolites and energy; P:photosynthesis; C:membrane; C:thylakoid; P:protein modification process; C:plastid	-	Co.9; SP.5; SP.5; SP.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,13; 0,20; 0,25; 0,71; -; -; -;
SCCQLR1001E04; SCCQLR1001E04; SCCQLR1001E04;	chloroplast ribulose bisphosphate carboxylase oxygenase small subunit	P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:photosynthesis; F:catalytic activity; P:cellular process; C:plastid; P:metabolic process	EC.4.1.1.39	Co.9; SP.9; SP.5;	0,07; 0,23; 0,55;
SCAQLR2007B12; SCAQLR2007B12; SCAQLR2007B12;	chloroplastic quinone oxidoreductase	F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	-	Co.9; SP.5; SP.9;	0,21; 0,55; 0,56;
SCAGLR1021D02; SCAGLR1021D05; SCAGLR1021D05;	chp rich zinc finger	P:response to stress	-	Co.5; Co.9; SP.9;	0,13; -; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCEPRZ1011A02; SCEPRZ1011A02; SCEPRZ1011A01; SCBFAM2021E08; SCBFAM2021E08;	cinnamyl alcohol dehydrogenase	Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Psecondary metabolic process; Pcatalytic activity; Pmetabolic process; Fbinding	EC1.1.1.195	Co.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9;	0,19; 0,43; -; -;
SCCCCL3003D06.b;	citrate glyoxysomal precursor	Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Ftransferase activity; Cplastid	EC2.3.3.0	Co.5;	1,32;
SCCCCL3001C03.b;	citrate synthase 4	Ftransferase activity; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process	EC2.3.3.1	Co.9;	-
SCCCCL3001C03;	citrate synthase mitochondrial expressed	Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Ftransferase activity; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Cmitochondrion	EC2.3.3.1	Co.9;	0,16;
SCCCCL4014A03; SCEPL4178F08; SCCRZ2002F04; SCCRZ2002F04;	dh1 or yjame full dathrin heavy chain 1	-	-	Co.9; SP.9; SP.9; Co.9;	0,15; 0,17; 1,59; 2,32;
SCQGL4080D04;	dh2 or yjame full dathrin heavy chain 2	Ptransport; Pcellular process; Fbinding	-	Co.9;	0,12;
SCACSB1117H03; SCACSD1017D11; SCACSD1017D11; SCACSD1017D11;	done 205 like isoform 1	Ccytoskeleton; Ccytoplasm; Fnucleotide binding	-	Co.5; SP.9; SP.5; Co.9;	0,21; 0,25; 0,49; 1,38;
SCSGLR1045G11; SCSGLR1045G11; SCSGLR1045C03;	cm17 or yjame full probable calcium binding protein cm17 ame full calmodulin like protein 7	Fbinding	-	Co.9; SP.5; Co.5;	0,07; 0,10; -;
SCBGFL4048C01;	co chaperone protein sba1	-	-	SP.5;	0,17;
SCCRZ1002B05;	coatome subunit delta	Cmembrane; Ccytoplasm; Ptransport; Pcellular process	-	SP.5;	0,34;
SCCCCL3001D10.b; SCCCCL4005B02; SCCCCL7001D08;	cold shock protein 1	FDNA binding; Fbinding; Ptranscription	-	SP.5; SP.5; SP.5;	0,43; -;
SCVPLB1020F02; SCVPLB1020E07;	copa3 or yjame full coatome subunit alpha 3 ame full alpha coat protein 3 short alpha cop 3	Ptransport; Pcellular process; Cmitochondrion; Cmembrane; CGolgi apparatus; Fstructural molecule activity	-	Co.9; Co.5;	0,17; -;
SCAGLB1070B12;	crooked neck protein	Cintracellular; Fbinding; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process	-	Co.9;	0,26;
SCCCCL6005C03;	ctd phosphatase like protein	Pmetabolic process; Pcellular process; Fhydrolase activity	EC3.1.3.0	SP.5;	0,10;
SCEPAM1051D07;	cyclase dehydrase family protein	-	-	Co.5;	0,78;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCRZ2001C11;SCCCRZ2001D03;SCCCRZ2001D03; SCCCRZ2001D03;SCRUSB1064E09;SCRUSB1064E09; SCRUSB1064E09;	cysp2 maize ame full cysteine proteinase 2 flags precursor	C:vacuole; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity	EC3.4.22.0	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; SP.5; Co.9; SP.9;	0,55; 0,60; 0,98; 1,73; ; ; ;
SCBFRZ3006E06;SCCCLR1022B11;SCCCLR1022B11; SCCCLR1022B09;SCCCLR1022B11;SCBFST3134G03; SCBFST3134G03;	cysteine protease 1 precursor	F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.4.22.0	Co.5; Co.9; SP.5; Co.5; SP.9; Co.9; SP.9;	0,58; 1,16; 1,66; 2,01; 3,57; ; ;
SCCCCL3140C10;SCCCCL3140C10;SCCCCL3140C10; SCCCCL3140B12;	cysteine synthase precursor	F:binding; F:catalytic activity; P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:transferase activity; C:mitochondrion	EC2.5.1.47	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,34; 0,42; 0,65; 4,07;
SCCCLR1072D06;	cysteine synthase1	F:binding; F:catalytic activity; P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:transferase activity; C:plastid	EC2.5.1.47	SP.9;	0,41;
SCILLR1011D01;	cytochrome bc1 complex subunit mitochondrial precursor	F:binding; C:membrane; C:mitochondrion; F:catalytic activity; F:transporter activity; P:transport; P:generation of precursor metabolites and energy	EC1.10.2.2	Co.9;	0,14;
SCILRT1014B04;SCCCSD1094H05;SCCCSD1094H05; SCCCSD1094H05;SCCCHR1003C12;SCQGLR2025G04; SCCCHR1003C12;SCILRT1014B04;SCQGLR2025G04; SCCCHR1003C12;SCILRT1014B04;SCQGLR2025G04; SCILRZ1018A02;SCCCRZ1001D04;	cytochrome b5	F:binding; P:generation of precursor metabolites and energy; C:cell	-	SP.5; Co.9; SP.9; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,09; 0,13; 0,13; 0,25; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCSFLR2031H06;SCSFLR2031H06;SCSFLR2009H11;	cytochrome c oxidase subunit vb precursor	C:membrane; F:molecular_function; F:binding; P:transport; C:mitochondrion; P:generation of precursor metabolites and energy P:generation of precursor metabolites and energy; C:membrane; C:mitochondrion; F:catalytic activity; F:transporter activity	EC1.9.3.1	SP.5; Co.9; Co.5;	0,10; 0,10; ;
SCUTLR1058A12;SCUTLR1058A12;	cytochrome heme protein	F:binding; F:molecular_function	-	SP.5; SP.9;	0,26; 0,41;
SCAGLR1043D06;	cytochrome p450 cyp74a19	F:binding; P:metabolic process; F:catalytic activity; F:molecular_function	-	Co.5;	0,29;
SCVPRT2074B04;	cytochrome p450 cyp86a36	F:binding; F:catalytic activity; F:molecular_function; P:metabolic process	-	Co.9;	0,02;
SCCCRZ1001D04;SCCCRZ1001D04;SCCCRZ1001D04; SCCCRZ1001D02;	cytoplasmic 2	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:binding; F:catalytic activity	EC5.4.2.2	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5;	1,65; 1,71; 1,82; 6,89;
SCSGFL5C04H01;	cytoplasmic ribosomal protein l18	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	Co.9;	-
SCSGST1072B08;SCSGST1072B08;SCSGST1070D06; SCSGST1072B08;	cytosol aminopeptidase	F:binding; F:hydrolase activity; C:cytoplasm; P:protein metabolic process; P:catabolic process; C:plastid	EC3.4.11.0	Co.9; SP.9; Co.5; SP.5;	0,01; 0,02; ; ;
SCILRT1017E09;SCILRT1017E09;	cytosolic chaperonin delta subunit	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; F:nucleotide binding	-	Co.9; SP.9;	0,07; 0,40;
SCQGAD1066A05;SCCCRZ2002C11;SCCCRZ2002C11; SCCCRZ2002C11;SCCCRZ2002C09;	cytosolic factor like protein	C:integral to membrane; P:transport	-	SP.9; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,24; 0,35; 0,65; 0,90; 7,59;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

[illegible]

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

[illegible]

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCEPAM1024D04; SCCCLR1048B08; SCCCLR1048B12; SCCCLR1048B12; SCCCLR1048B12; SCSFRT2072B04; SCEPAM1024D04; SCSFRT2072B04; SCEPAM1024D04; SCSFRT2072B04; SCSFRT2068E07; SCEPAM1020H08;	elongation factor 1 gamma 3	F:translation factor activity, nucleic acid binding; C:cytoplasm; P:translation	-	SP 5; Co 5; Co 9; SP 5; SP 9; SP 5; Co 9; Co 9; SP 9; SP 9; Co 5; Co 5;	0,26; 0,42; 0,95; 1,14; 1,31; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCEQRT1030E05; SCCCL3002G02.b; SCCCL3003D04.b; SCCCLR1072E04; SCCCL4011C02; SCCCL4011C02; SCCCLR1072F05; SCCCLR1072F05; SCCCLR1072F05; SCCCL4010B12; SCCCL3003B01.b; SCCCL3002G07.b; SCEQRT1030G04; SCCCL3002G07.b; SCCCL3003D04.b; SCCCL4011C02; SCEQRT1030G04; SCCCL3002G07.b; SCCCL3003D04.b; SCEQRT1030G04;	elongation factor 2	F:translation factor activity, nucleic acid binding; F:nucleotide binding; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:translation; F:hydrolase activity	-	Co 5; Co 5; SP 5; Co 5; SP 5; SP 9; Co 9; SP 5; SP 9; Co 5; Co 9; Co 9; Co 9; Co 9; SP 9; SP 9;	0,09; 0,50; 0,60; 1,36; 2,29; 2,44; 2,75; 3,41; 5,84; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCLR2C01H02; SCCLR2C01F11; SCCLR2C01H02;	endo beta d glucanase precursor	F:hydrolase activity	-	SP 9; Co 5; Co 9;	0,34; 0,46; 0,76;
SCCLR1068D10; SCCLR1068D10; SCCLR1068C05; SCSGAM2102F10;	endoplasmic precursor	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; P:response to stress; F:nucleotide binding; F:protein binding	-	SP 9; Co 9; Co 5; Co 5;	0,39; 0,58; ; ;
SCACCL6008H07;	enhancer of zeste like protein 3	P:cellular component organization; P:protein modification process; P:transcription; F:transferase activity; F:DNA binding; C:nucleus	EC2.1.1.43	SP 9;	0,17;
SCIFLR1073H08; SCIFLR1073H09; SCIFLR1073H09; SCIFLR1073H09;	enolase 1	C:cell; C:cytosol; F:catalytic activity; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	EC4.2.1.11	Co 5; SP 9; SP 5; Co 9;	1,31; 2,45; 2,90; 3,26;
SCVPHR1091H08; SCVPFL3049D03; SCVPHR1091H08;	enolase 2	C:cell; C:cytosol; F:catalytic activity; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	EC4.2.1.11	SP 5; Co 5; Co 9;	0,02; ; ;
SCCCCL1002F12.b;	enoyl acp reductase	F:binding; C:plastid	-	Co 9;	0,12;
SCEPCL6029B10; SCEPFL3080C01; SCEPFL3080C01;	er6 protein	P:response to stress; C:plastid	-	Co 5; Co 9; SP 9;	-
SCIFRZ2028D05;	esterase d	C:cytoplasm; F:hydrolase activity; C:plastid	EC3.1.2.12; EC3.1.1.1	SP 5;	0,17;
SCBFRZ2017E05; SCBFRZ2018H03; SCBFRZ2018H03;	ethylene responsive small gtp binding protein	P:transport; F:nucleotide binding; P:signal transduction	-	Co 5; SP 9; Co 9;	0,15; 0,15; ; ;
SCCLR1C07G11; SCCLR1C07G11; SCCLR1C07G11; SCSGRT2066H06; SCCLR1C07G05; SCSGSB1005E04; SCSGSB1005E04; SCSGSB1005E04;	eukaryotic initiation factor 4a	P:translation; F:hydrolase activity; F:nucleotide binding; F:translation factor activity, nucleic acid binding	-	SP 5; SP 9; Co 9; Co 5; Co 5; SP 5; Co 9; SP 9;	0,30; 0,40; 0,57; 1,35; 5,69; ; ; ;
SCCCCL6005C02; SCCCL6002E08;	eukaryotic translation initiation factor 2 alpha subunit	C:cytoplasm; P:translation; F:translation factor activity, nucleic acid binding	-	Co 9; Co 5;	0,56; ; ;
SCCCCL3002G03.b;	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 6	C:cytoplasm; P:translation; F:translation factor activity, nucleic acid binding	-	Co 9;	0,57;
SCQSLR1018C05; SCQSLR1018F09; SCILLR1033F07;	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit a	C:cytoplasm; P:translation; F:translation factor activity, nucleic acid binding	-	Co 5; Co 9; Co 5;	0,49; 0,97; 1,12;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCMQLR1053D11; SCMQLV1030C12; SCMQLV1030C12;	fructose bisphosphate chloroplast expressed	P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity	EC4.1.2.13	Co.5; Co.9; SP.9;	0,87; -; -;
SCIFRT1010A12; SCIFRT1010A12; SCIFRT1010A12; SCIFRT1009G06;	fumarylacetoacetase Zea mays	F:hydrolase activity; P:cellular amino acid and derivative metabolic process	EC3.7.1.2	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	-; -; -; 0,11;
SCSGRT2066A01; SCSGRT2066A01; SCSGRT2066A01; SCSGRT2065G08.b;	fumarylacetoacetate hydrolase	F:hydrolase activity; P:cellular amino acid and derivative metabolic process	EC3.7.1.2	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,18; 0,44; 0,64; -;
SCCCLR1001G12; SCCCLR1001G12;	gdp dissociation inhibitor	P:transport; F:enzyme regulator activity	-	SP.9; Co.9;	0,28; -;
SCVPRZ2035E02; SCILRT1015H03; SCQGLR1041H04;	gibberellin receptor gid112	F:receptor activity; P:metabolic process; F:hydrolase activity	-	Co.9; SP.5; Co.5;	0,05; 0,19; -;
SCUTLR1037G10; SCUTLR1037G10; SCUTLR1037F12; SCUTLR1037G10;	glucose 6 phosphate 1 cytoplasmic isoform	P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:metabolic process; F:nucleotide binding	EC1.1.1.49	Co.9; SP.5; Co.5; SP.9;	0,42; 0,63; 0,63; 0,85;
SCBFLR1026E04; SCBFLR1026E02;	glucose 6 phosphate 1 epimerase like	F:carbohydrate binding; P:carbohydrate metabolic process; F:catalytic activity	-	Co.9; Co.5;	0,19; 1,34;
SCVPRT2079H06; SCVPRT2079H06; SCVPRT2079H06; SCVPRT2077G09;	glucose 6 phosphate dehydrogenase	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; C:plastid; P:metabolic process	EC1.1.1.49	SP.5; SP.9; Co.9; Co.5;	0,25; 0,27; -; -;
SCQSLR1061E07; SCQSLR1061E07; SCQSLR1061D04;	glucose 6 phosphate isomerase	C:cytoplasm; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	EC5.3.1.9	Co.9; SP.9; Co.5;	0,21; 0,61; 1,40;
SCEQRT1029F09; SCIFRZ2007H09; SCCCRZ2003D05; SCCCRZ2003D05; SCIFRZ2007H09; SCIFRZ2007H09; SCCCRZ2003D05; SCIFRZ2006G04; SCCCRZ2003C04; SCBAD1086D10; SCILFL4099F08;	glutamate decarboxylase	F:binding; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:catalytic activity	EC4.1.1.15	Co.9; SP.5; Co.9; SP.5; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9; SP.9;	0,03; 0,11; 0,36; 0,39; 0,40; 0,58; 0,78; 2,50; -; -;
SCCCCL3080H03;	glutamate dehydrogenase	F:catalytic activity; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:binding; P:metabolic process	EC1.4.1.3	Co.9;	0,10;
SCCCAM2004G06;	glutamate receptor like	F:receptor activity; F:transporter activity; P:transport; P:signal transduction; C:membrane; C:external encapsulating structure	-	Co.9;	0,26;
SCBGAM1089C01;	glutamine partial	F:catalytic activity; F:nucleotide binding; P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process	EC6.3.1.2	Co.9;	0,16;
SCIFHR1032D11; SCCCRZ1003A11; SCCCAM2001F02; SCCCRZ1003A11; SCBGST3106D08; SCIFLR1013F02; SCCCRZ1003A10; SCIFLR1013F02; SCIFLR1013F02; SCIFLR1013E04; SCIFFL1005F09.b; SCCCAM2001F02; SCCCRZ1003A11; SCIFHR1032D11; SCVPRT2075G12; SCCCAM2001F02; SCIFHR1032D11; SCVPRT2075G12;	glutamine synthetase	C:cytoplasm; F:catalytic activity; F:nucleotide binding; P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process	EC6.3.1.2	Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.9; SP.9; SP.9;	0,02; 0,03; 0,04; 0,29; 0,32; 0,91; 1,51; 3,73; 5,77; -; -; -; -; -; -; -; -;
SCCCRZ1004G05;	glutaredoxin subgroup i	P:cellular homeostasis; F:molecular_function; F:catalytic activity	-	Co.5;	0,45;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCRZ2C01F01; SCCCRZ2C01F01; SCCCRZ2C01C04;	glutathione peroxidase	F: catalytic activity; P: response to stress; P: metabolic process	EC1.11.1.9	Co9; SP9; Co5;	0,10; 0,22; 1,07;
SCUTFL1064A11; SCUTLR1037F10; SCUTLR1037F10; SCUTLR1037F10;	glutathione S-terminal domain containing protein	F: transferase activity	-	Co5; Co9; SP5; SP9;	0,05; 0,62; 1,30; 1,58;
SCILST1021C02; SCILST1027D09; SCILST1027D09; SCVPLR2012H12; SCVPLR2012H07; SCVPLR2012H12; SCVPLR2012H12; SCILRZ1027G11; SCILST1021C02; SCILST1021C02; SCILST1025D02;	glutathione S-transferase	F: transferase activity	EC2.5.1.18	Co9; Co9; SP9; Co9; Co5; SP9; SP5; Co5; SP5; SP9; Co5;	0,05; 0,10; 0,29; 0,32; 0,66; 1,03; 1,18; 1,73; ; ; - ;
SCILRT2049A08; SCCCL4013G01; SCCCL4013G01; SCCCL5003C11; SCCCRT1001H02; SCILRT1021D09; SCILRT1021D09;	glutathione S-transferase 4	F: transferase activity	EC2.5.1.18	Co9; SP9; Co9; Co9; Co9; Co9; SP9;	0,01; 0,02; ; ; - ; ; ;
SCQSLB1049C04; SCQSLB1049C04; SCQSLB1049C04; SCQSLB1049C04;	glutathione S-transferase 6	F: transferase activity	EC2.5.1.18	Co9; SP5; SP9; Co5;	0,47; 0,66; 1,03; ; ;
SCAGFL1089C03; SCEPAM1018F06; SCAGFL1089C03; SCACAD1036F01; SCCCL3002C09.b; SCRULR1020D11; SCCCL3002C09.b; SCCCL3002A03.b; SCCCL3002C09.b; SCAGFL1089C03; SCACCL6007A08; SCQSLB1049C07; SCRULR1042G12; SCACCL6007A08; SCRULR1042G12; SCAGCL6016H07;	glutathione S-transferase gsf2	F: transferase activity	EC2.5.1.18	Co9; Co9; SP5; Co5; SP9; Co5; Co9; SP5; Co9; Co9; SP9; Co9; SP9; Co5;	0,01; 0,02; 0,02; 0,03; 0,19; 0,62; 0,88; 1,04; 1,12; 1,14; ; ; - ; ; ; ;
SCCCLR1001A07; SCCCLR1001A07; SCIFLR1073H08; SCIFLR1073D12; SCCCLR1001A05; SCBGRT3014F08; SCEPLB1042A02; SCEZRT2019C05; SCEZRT3070A09; SCIFLR1073H08; SCEZRT3070A09; SCIFLR1073H08; SCBGRT3071E11; SCCCLR1001A07; SCEPLB1042F08; SCEZRT3070A09;	glutathione transferase iii	F: transferase activity	EC2.5.1.18	Co9; SP5; SP9; Co5; Co5; Co5; Co5; Co5; SP5; SP5; Co9; Co9; SP9; SP9; SP9;	0,13; 0,41; 0,59; 1,39; 5,90; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCCL4003D01; SCCCL4003D01; SCCCL4003D01;	glutathione transferase 30	F: transferase activity	EC2.5.1.18	Co9; SP5; SP9;	0,11; 0,23; 0,35;
SCCCCL2001B02.b; SCCCL2001B02.b; SCCCL2001B02.b; SCCCL2001A05.b;	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	F: nucleotide binding; P: carbohydrate metabolic process; P: cellular process; F: catalytic activity; P: metabolic process	EC1.2.1.0	Co9; SP9; SP5; Co5;	0,04; 0,05; 0,69; 0,70;
SCEPFL3082A08; SCEPFL3082A08; SCEPFL3082A08; SCEPFL3080C01;	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic 1	C: cytoplasm; F: nucleotide binding; P: carbohydrate metabolic process; P: generation of precursor metabolites and energy; P: catabolic process; F: catalytic activity; P: metabolic process	EC1.2.1.12	SP5; Co9; SP9; Co5;	-
SCCCLR1001E06; SCCCLR1001E06; SCCCLR1001E06; SCCCLR1001D03;	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic 3	F: nucleotide binding; P: carbohydrate metabolic process; P: generation of precursor metabolites and energy; P: catabolic process; F: catalytic activity; P: metabolic process	EC1.2.1.12	SP5; Co9; SP9; Co5;	2,69; 2,73; 5,14; ; ;
SCQGAM2027G09; SCCCLR1072A12; SCCCL3001G02.b; SCCCL3001G02.b; SCCCL3001G02; SCCCL3001G02.b; SCCCL3001G02; SCCCL3001G02; SCCCLR1072B04; SCCCL3001G02; SCQGAM2027G09; SCCCLR1072B04; SCQGAM2027G09; SCCCLR1072B04; SCCCL3001G01.b; SCVMST1058E10;	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	C: cytoplasm; F: nucleotide binding; P: carbohydrate metabolic process; P: generation of precursor metabolites and energy; P: catabolic process; F: catalytic activity; P: metabolic process	EC1.2.1.12	SP9; Co5; Co9; SP5; SP9; SP9; Co9; SP5; SP5; Co5; SP5; Co9; Co9; SP9; Co5;	0,20; 0,34; 1,47; 2,60; 4,34; 5,51; 5,59; 6,31; 8,15; 8,85; ; ; - ; ; ; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCLR1C01G07; SCCCLR1C01G03; SCUTSD2025C12; SCCCLR1C01G07; SCUTSD2028F03; SCUTSD2028F03; SCCCLR1C01G07; SCUTSD2028F03;	glyceraldehyde 3 phosphate partial	Ccytoplasm; F;nucleotide binding; P;carbohydrate metabolic process; P;generation of precursor metabolites and energy; P;catabolic process; F;catalytic activity; P;metabolic process	EC:1.2.1.12	Co.9; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; SP.9; SP.9;	0,07; 0,10; 0,20; ; ; ; ; ; ;
SCCCLR1022H03; SCCCLR1022H03; SCCCLR1022H03; SCCCLR1022F10; SCBFRZ2019E01; SCBFRZ2050G03;	glycine cleavage system h protein 1	Ccytoplasm; C;mitochondrion; P;catabolic process; P;cellular amino acid and derivative metabolic process	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9;	0,21; 0,31; 0,42; 1,14; ; ;
SCCCST1006A11; SCCST1006A11; SCCST1006A11; SCCST1005F12;	glycine dehydrogenase	F;catalytic activity; F;binding; P;metabolic process; P;catabolic process; P;cellular amino acid and derivative metabolic process	EC:1.4.4.2	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,96; 1,72; 3,79; ;
SCCCCL3140D12; SCCCL3140D12; SCCCL3140C10; SCCCL3140D12;	glycinebetaine proline transporter	Ccytoplasm; C;membrane	-	Co.9; SP.5; Co.5; SP.9;	0,48; 0,56; 0,65; 1,03;
SCCCLR1069B04; SCCCLR1069A12;	glycyl tRNA synthetase like protein	Ccytoplasm; P;nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P;translation; P;cellular amino acid and derivative metabolic process; F;nucleotide binding; F;catalytic activity	EC:6.1.1.14	SP.9; Co.5;	0,73; 0,75;
SCCCST1001H07; SCCST1002D07; SCQGLR1062E12; SCQGLR1062E12; SCQGLR1062E12; SCQGLR1062D04; SCCCRT2001F02; SCCCRT2001H03;	glyoxalase i	F;binding; F;catalytic activity	EC:4.4.1.5	Co.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.9;	0,05; 0,05; 0,89; 0,91; 1,05; 6,37; ; ;
SCCCST1006G09;	glyoxylate reductase	F;catalytic activity; P;metabolic process; F;nucleotide binding	EC:1.1.1.10	SP.9;	0,31;
SCQGLR1041A10;	glyoxysomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein mfp a	P;cellular process; P;lipid metabolic process; F;catalytic activity; P;metabolic process; F;binding	EC:1.1.1.35	Co.9;	0,19;
SCEQRT1028A02;	gme2 ory s jame full gdp mannose epimerase 2 short gdp man epimerase 2	P;metabolic process; P;cellular process; F;binding; F;catalytic activity	-	Co.9;	0,07;
SCILAM1060A03;	gp protein	F;catalytic activity; C;mitochondrion; P;metabolic process; P;response to stress	EC:1.11.1.9	Co.5;	-
SCCCLR1C03E08; SCIFST1009C02;	grxs17 glutaredoxin subgroup ii	P;cellular homeostasis; F;molecular_function; F;catalytic activity	-	Co.9; Co.9;	0,15; ;
SCIFLR1073D03;	gsa ory s jame full glutamate 1 semialdehyde chloroplastic short gsa ame full glutamate 1 semiald	F;binding; F;catalytic activity; P;biosynthetic process; P;cellular process; F;transferase activity; C;plastid	EC:5.4.3.8; EC:2.6.1.0	SP.9;	0,11;
SCBGLR1120H01; SCBGRT1046B04; SCBGRT1046B04; SCBGRT1046B04;	gtp binding nuclear protein gsp1 ran	P;signal transduction; C;intracellular; P;transport; P;cellular process; P;nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P;catabolic process; F;hydrolase activity; F;nucleotide binding	-	Co.5; SP.9; SP.5; Co.9;	0,17; 0,35; ; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)						
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)	
SCEQRT2028E03; SCEQRT2028E03; SCEQRT2028E02;	gtp binding nuclear protein ran 3 like	P:signal transduction; C:intracellular; P:transport; P:cellular process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:nucleotide binding	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,10; 1,01; -;	
SCCCRZ2C04B02; SCCCRZ2C04D08; SCCCRZ2C04D08; SCQGLB1038F11; SCCCRZ2C04D08; SCEQLR1092B12; SCQGLR1019A10; SCEQLR1092B12; SCQGLR1019A10; SCEQLR1092B12; SCQGLR1019A10; SCEQLR1091D05;	gtp binding nuclear protein ran a1	P:signal transduction; C:intracellular; P:transport; P:cellular process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:nucleotide binding	-	Co.5; Co.9; SP.5; Co.5; SP.9; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,39; 0,46; 0,67; 0,74; 1,08; -; -; -; -; -;	
SCEZAM2035A06; SCRFLR1055B04; SCRFLR1055B04; SCEZAM2035A06; SCEZAM1082G06;	gtp binding protein	P:transport; F:nucleotide binding; P:signal transduction	-	Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,13; 0,14; 0,66; -; -;	
SCEPCL6020A07; SCEPCL6020A07; SCEPCL6019E04;	gtp binding protein ptd004	C:intracellular; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.9; Co.5;	0,31; 0,32; 0,79;	
SCEQLR1050G03; SCBGLR1003B07; SCEQLR1050G03; SCEQLR1050E07; SCBGLR1003B07; SCBGLR1002H11;	gtp binding protein sar1a	F:nucleotide binding; C:Golgi apparatus; C:cytoplasm; P:transport; P:cellular process; C:endoplasmic reticulum	-	Co.9; Co.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.5;	0,07; 0,09; 0,24; 0,75; -; -;	
SCACLR1036D11; SCCCLR1C03H07; SCCCLR1C03D07; SCCCLR1069B09; SCACLR1036B11; SCCCLR1069D01; SCCCLR1069D01; SCCCLR1C03H07; SCACLR1036D11; SCCCLR1069D01; SCCCLR1C03H07;	gtp binding protein yptm2	P:signal transduction; P:transcription; F:DNA binding; C:cytoplasm; P:transport; F:nucleotide binding; C:plasma membrane	-	Co.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,07; 0,15; 0,55; 1,31; 2,41; -; -; -; -; -;	
SCCCRZ2001B06; SCCCRZ1C02B12; SCCCRZ2001B06;	gtpase sar1	F:nucleotide binding; C:Golgi apparatus; C:cytoplasm; P:transport; P:cellular process; C:endoplasmic reticulum	-	Co.9; Co.5; SP.5;	0,05; -; -;	
SCSFAM1076C12; SCACLR2007C03; SCACLR2007C03; SCACLR2007C03; SCSFAM1076C12; SCSFAM1076C12; SCACLR1127F07; SCSFAD1113C04;	guanine nucleotide binding protein beta subunit like protein	-	-	SP.9; Co.9; SP.5; SP.9; SP.5; Co.9; Co.5; Co.5;	0,10; 0,53; 0,86; 1,10; -; -; -;	
SCCCLR2C01H04; SCQGLR1041A05; SCQGLR1062E12; SCCCLR1068G11; SCCCLR2C02B06; SCQGLR1041C10; SCQGLR1062G09; SCSFFL3090D03; SCCCLR1068G11; SCCCLR2C02B06; SCQGLR1041C10; SCQGLR1062G09; SCSFFL3090D03; SCCCLR1068G11; SCCCLR2C02B06; SCQGLR1041C10; SCQGLR1062G09; SCSFFL3090D03; SCSFAM1076C12; SCCCLR1068F12;	h2b1 wheat arame full histone	C:intracellular; F:DNA binding; P:cellular component organization; P:cellular process; C:nucleus	-	Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,27; 0,67; 1,71; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -;	
SCSGAM1095C10; SCBGLR1002E03; SCSGAM1096G11; SCBGLR1002E03; SCSGAM1096G11; SCBGLR1002E03; SCSGAM1096G11; SCBGLR1002D11;	h2b2 oryza full histone	C:intracellular; F:DNA binding; P:cellular component organization; P:cellular process; C:nucleus	-	Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,78; -; -; -; -; -; -;	
SCRFLR2038F04; SCRFLR2038F04; SCRFLR2038F04; SCRFLR2038C05; SCCCL4013G04; SCMVFL5012A09; SCMVFL5012A09;	heat shock 70 kda protein 4	F:nucleotide binding; P:response to stress	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,37; 0,77; 0,97; -; -; -;	
SCUTCL6036H09; SCUTAM2115C07; SCCCLR1C01D05; SCCCLR1C01D05; SCCCLR1C01D05; SCCCLR1C01C09; SCUTCL6036H09; SCUTCL6036H09;	heat shock cognate 70 kda expressed	F:nucleotide binding	-	Co.9; Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; SP.5; SP.9;	0,01; 0,24; 0,34; 0,44; 0,84; -; -;	
SCCCLR1079D09; SCCCLR1079D09; SCCCLR1079B06; SCCCLR1079D09;	heat shock cognate 70 kda protein 2	F:nucleotide binding; P:response to stress	-	Co.9; SP.5; Co.5; SP.9;	0,02; 0,02; 0,39; -;	
SCCCCL3120G07; SCCCL3120G07; SCCCL3120G07; SCCCL3120F02;	heat shock cognate 70 kda protein 4 like isoform 1	F:nucleotide binding	-	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5;	0,85; 1,38; 1,88; 2,99;	

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCFL4095E06;	heat shock like	-	-	Co.9;	0,25;
SCEQRT1025E05; SCEQRT1025H04; SCEQRT1025H04; SCEQRT1025H04;	heat shock protein 101	F;hydrolase activity; P;protein metabolic process; F;nucleotide binding; P;response to stress	EC3.6.1.15	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,06; 1,16; 1,23; 1,43;
SCCCCL4007B06; SCCCL4007B06; SCSBAM1084D01; SCCCL4007B04; SCSBAD1084C01; SCCCL4007B06; SCSBAM1084D01;	heat shock protein 70	F;nucleotide binding	-	Co.9; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5; SP.5; SP.9;	0,01; 0,05; 0,33; 0,42; -; -; -;
SCILLR1011D09; SCCCLR1075G03; SCILLR1011E03; SCILLR1011E03; SCILLR1011E03; SCILLR1059D05; SCCCLR1075H11; SCILLR1110D08; SCCCLR1075H11; SCILLR1110D08; SCCCLR1075H11; SCILLR1110D08;	heat shock protein 82	P;protein metabolic process; P;cellular process; C;cytoplasm; F;protein binding; F;nucleotide binding; P;response to stress	-	Co.5; Co.5; SP.9; Co.9; SP.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9;	0,06; 0,94; 2,52; 3,17; 3,60; -; -; -; -; -;
SCIFRT2055B05; SCCCLR1075B02; SCCCLR1075E09; SCIFRT2054E01; SCCCLR1075E09; SCCCLR1075E09; SCIFRT2055B05;	heat shock protein 90	P;protein metabolic process; P;cellular process; C;cytoplasm; F;protein binding; F;nucleotide binding; P;response to stress	-	Co.9; Co.5; SP.9; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,05; 0,25; 0,31; 0,52; 0,61; 2,86; -;
SCSFST1064C10; SCSFSD1065H04.b; SCSFST1064C10; SCSFST1064C10;	heat shock protein cognate 70	F;nucleotide binding	-	SP.5; Co.5; Co.9; SP.9;	0,08; -; -; -;
SCEZAD1C01H05; SCEQRZ3093C12; SCEZAD1C01H05; SCEZAD1C01H05;	heat shock protein cognate partial	F;nucleotide binding; P;response to stress	-	SP.5; Co.5; Co.9; SP.9;	0,03; 0,18; -; -;
SCQGLR1041A05; SCQGLR1019G02;	heat shock protein sti	P;response to stress; F;binding	-	Co.9; Co.5;	0,41; 6,75;
SCCCRZ1002C04; SCCCRZ1002C04; SCCCRZ1002C04; SCCCRZ1001H08;	hexa ubiquitin protein	-	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,99; 4,22; 9,06; -;
SCCCRZ2C01C04; SCVPRT2073F05; SCCCRZ2004H04;	hexose transporter	F;transporter activity; C;membrane; P;transport; P;cellular process	-	SP.9; SP.9; Co.5;	0,16; 1,06; -;
SCCCLR2002F10; SCCCLR2002F10;	histidine triad nucleotide binding protein	F;catalytic activity; P;metabolic process	-	SP.5; Co.9;	0,03; 0,05;
SCVPLR2019A02; SCEZLB1014D11; SCIFRZ2009G01; SCCCRZ1004C10; SCSGFL4C03C08; SCVPLR2012H12; SCIFRZ2013G11; SCILLR1101F06; SCCCRZ1004F04; SCEZLB1014E02; SCILLR1101H08; SCSGFL5C05H11; SCCCRZ1004F04; SCEZLB1014E02; SCIFRZ2010D04; SCIFRZ2014A08; SCILLR1101H08; SCSGFL5C05H11; SCCCRZ1004F04; SCEZLB1014E02; SCIFRZ2010D04; SCIFRZ2014A08; SCILLR1101H08; SCSGFL5C05H11; SCVPLR2019A02;	histone	C;intracellular; F;DNA binding; P;cellular component organization; P;cellular process; C;nucleus	-	Co.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,06; 0,13; 0,26; 0,66; 0,69; 1,15; 1,73; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -; -;
SCCCLR1068B06; SCCCLR1068C05; SCCCLR1068C05;	histone 2	C;nucleolus; C;intracellular; F;DNA binding; P;cellular component organization; P;cellular process	-	Co.5; Co.9; SP.9;	7,24; -; -;
SCQGLR1019D10; SCQGLR1019F06; SCQGLR1019F06; SCQGLR1019F06;	histone cluster h3c2 like	C;intracellular; F;DNA binding; P;metabolic process; P;cellular process; P;cellular component organization; C;nucleus	-	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,33; -; -; -;
SCCCLR2001C09; SCCCLR2001C09; SCCCLR2001B08;	histone h2a like	C;intracellular; F;DNA binding; P;cellular component organization; P;cellular process; C;nucleus	-	Co.9; SP.9; Co.5;	-; -; -;
SCCCCL4007B06; SCCCL4007C09; SCCCL4007C09;	histone h2a variant 1	C;intracellular; F;DNA binding; P;cellular component organization; P;cellular process; C;nucleus	-	Co.5; SP.9; Co.9;	0,38; 0,62; -;
SCEPLR1008D05; SCEPLB1044H11; SCILLR1054G06; SCILLR1101A02; SCEPLR1008D05; SCILLR1101A02;	histone h2a variant 3	C;intracellular; F;DNA binding; P;cellular component organization; P;cellular process; C;nucleus	-	Co.9; Co.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.9;	0,20; 0,28; 1,50; -; -; -;

[illegible]

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

[illegible]

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

[illegible]

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCCL1001B08.b; SCCCCL1001B08.b;	hypothetical protein SORBIDRAFT 01g011440 Sorghum bicolor	-	-	Co.9; SP.9;	0,20; 0,41;
SCMVCL6049H03;	hypothetical protein SORBIDRAFT 01g028010 Sorghum bicolor	Cplastid	-	Co.5;	-
SCEQRT1026A03;	hypothetical protein SORBIDRAFT 01g028410 Sorghum bicolor	F: catalytic activity; P: metabolic process	-	SP.5;	0,20;
SCUTAM2089E05;	hypothetical protein SORBIDRAFT 01g028683 Sorghum bicolor	-	-	Co.5;	0,89;
SCRLCL6031D05; SCRLCL6031D05; SCVPLR2012D09; SCRLCL6031D05; SCVPLR2012D09; SCVPLR2012D09; SCRLAD1099A05; SCVPLR2012C10;	hypothetical protein SORBIDRAFT 01g036580 Sorghum bicolor	-	-	SP.9; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,25; ; ; ; ; ; ; -;
SCEQAM1037G05;	hypothetical protein SORBIDRAFT 01g047420 Sorghum bicolor	-	-	Co.5;	-
SCBGRT3014F08; SCBGRT1046B04;	hypothetical protein SORBIDRAFT 02g031030 Sorghum bicolor	F: catalytic activity; P: metabolic process; C: plastid	EC.5.3.1.1	Co.9; Co.5;	-
SCRLST3165G08;	hypothetical protein SORBIDRAFT 02g037270 Sorghum bicolor	C: intracellular; P: transport; P: cellular process; F: binding; F: transporter activity	-	Co.5;	-
SCCCSD1093C04;	hypothetical protein SORBIDRAFT 02g037440 Sorghum bicolor	P: biological process; P: protein metabolic process; P: catabolic process; F: protein binding; F: hydrolase activity	EC.3.4.21.0	SP.5;	0,04;
SCIFRZ2015B10; SCIFRZ2015B10; SCIFRZ2014H10;	hypothetical protein SORBIDRAFT 02g043220 Sorghum bicolor	-	-	SP.5; SP.9; Co.5;	0,02; ; ;
SCCCCL4002F05;	hypothetical protein SORBIDRAFT 03g006650 Sorghum bicolor	-	-	Co.5;	-
SCRLFL4027D01; SCAGLR2011D03; SCAGLR2011D03; SCAGLR2011D03; SCAGLR2011C02; SCRLFL3004F11.b;	hypothetical protein SORBIDRAFT 03g008870 Sorghum bicolor	-	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5;	0,17; 0,19; 0,29; 0,30; 1,08; ; ;
SCCCLR1065E11; SCCCLR1065E06;	hypothetical protein SORBIDRAFT 03g008950 Sorghum bicolor	-	-	Co.9; Co.5;	0,17; 0,41;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng(2µL)
SCACAD1035C02;	hypothetical protein SORBIDRAFT 03g025580 Sorghum bicolor	F:RNA binding; F:nuclease activity; C:intracellular; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process	-	Co.9;	0,03;
SCQ\$RT1035E10;	hypothetical protein SORBIDRAFT 03g030440 Sorghum bicolor	C:plastid	-	Co.5;	0,63;
SCQGLR1085E02; SCQGLR1085E02; SCQGLR1062G09;	hypothetical protein SORBIDRAFT 04g001720 Sorghum bicolor	F:DNA binding; F:binding; P:transcription	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,20; 0,26; -;
SCSFRT2072D02;	hypothetical protein SORBIDRAFT 04g003500 Sorghum bicolor	-	-	Co.5;	-
SCVPAM1059A03;	hypothetical protein SORBIDRAFT 05g002330 Sorghum bicolor	F:binding	-	Co.9;	0,06;
SCJFRZ2015D05; SCJFRZ2015D05; SCJFRZ2015D05; SCJFRZ2015C05; SCQGSB1143D03;	hypothetical protein SORBIDRAFT 06g004290 Sorghum bicolor	F:binding; C:cytoplasm; P:metabolic process; F:catalytic activity	EC:1.4.3.21	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,20; 0,21; 0,23; 0,58; -;
SCCQLR1068B03;	hypothetical protein SORBIDRAFT 06g013020 Sorghum bicolor	F:transferase activity; P:metabolic process; P:cellular process	EC:2.1.1.0	SP.9;	0,39;
SCEPCL6019C02;	hypothetical protein SORBIDRAFT 06g028450 Sorghum bicolor	-	-	Co.9;	1,14;
SCJFRT2059C12; SCJFRT2059C12; SCJLRT1016F11; SCSBHR1050F12; SCJLRT1014A07; SCJFRT2057H03; SCSBFL5022C12;	hypothetical protein SORBIDRAFT 06g029020 Sorghum bicolor	P:catabolic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:transferase activity; P:metabolic process; P:cellular process; C:mitochondrion	EC:2.1.2.10; EC:2.6.1.0	SP.9; SP.5; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5;	0,34; 0,36; -; 0,47; -;
SCCCHR1003B09;	hypothetical protein SORBIDRAFT 06g034050 Sorghum bicolor	P:transport; P:cellular process; F:binding; F:transporter activity; C:plastid	-	Co.9;	0,34;
SCSGLR1045A10; SCSGLR1045A10; SCSGLR1045A10;	hypothetical protein SORBIDRAFT 07g005420 Sorghum bicolor	F:transporter activity; P:transport; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC:1.10.3.1	Co.9; SP.5; SP.9;	0,13; 0,43; 0,51;
SCJLLR1054G06; SCJLLR1054F11;	hypothetical protein SORBIDRAFT 07g023850 Sorghum bicolor	C:cytoplasm; P:protein metabolic process; P:catabolic process; C:membrane; F:binding; F:hydrolase activity; C:mitochondrion	-	Co.9; Co.5;	0,82; -;
SCJFST1011E01; SCCCRZ2003B04; SCCCRZ2003B04; SCJFST1011E01; SCCCRZ2003A07; SCJFRZ3C05E03.b;	hypothetical protein SORBIDRAFT 08g008360 Sorghum bicolor	C:cytoplasm; F:kinase activity; P:biosynthetic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:nucleotide binding	EC:2.7.4.3	Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,03; 0,04; -; 1,14; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCLR1024H08; SCCCLR1024H08; SCCCLR1024H08; SCCCLR1024H05;	hypothetical protein SORBIDRAFT 08g008400 Sorghum bicolor	C:cytoplasm; F:kinase activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:biosynthetic process; F:nucleotide binding	EC2.7.4.3	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,15; 0,27; 0,38; 2,36;
SCBFRZ2017C10;	hypothetical protein SORBIDRAFT 08g021120 Sorghum bicolor	-	-	Co.5;	0,44;
SCVPRZ2036B07; SCVPRZ2036B07; SCVPRZ2035C06;	hypothetical protein SORBIDRAFT 09g018320 Sorghum bicolor	C:ribosome; F:structural molecule activity; F:RNA binding; P:translation	-	Co.9; SP.5; Co.5;	0,58; -; -;
SCCCLR1078G01;	hypothetical protein SORBIDRAFT 09g019360 Sorghum bicolor	F:transferase activity	-	Co.9;	0,46;
SCCCLR2001E03;	hypothetical protein SORBIDRAFT 09g024330 Sorghum bicolor	-	-	SP.5;	0,04;
SCEQLB2017E12;	hypothetical protein SORBIDRAFT 10g024720 Sorghum bicolor	F:binding	-	Co.9;	0,05;
SCBGFL5078G06;	hypothetical protein Z477F24.33 Zea mays	-	-	SP.5;	0,22;
SCEPRZ1010E07; SCEPRZ1010E07; SCEPRZ1010E07;	i chain localization of the large subunit ribosomal proteins into a a cryo em map of tritium aestiv	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	Co.9; SP.5; SP.9;	0,17; 0,31; 0,36;
SCEPRZ1010D03;	i chain localization of the large subunit ribosomal proteins into a a cryo em map of tritium aestivum translating 80s ribosome	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	Co.5;	1,32;
SCCCL3003D05.b; SCCCL3003D06.b; SCCCL3003D06.b; SCCCL3003D06.b;	ima1b or yjame full importin subunit alpha 1b	C:cytoplasm; C:membrane; C:nuclear envelope; P:transport; P:cellular process; F:binding; F:transporter activity	-	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9;	0,51; 0,60; 0,72; 0,84;
SCQSRT1036H06; SCQSRT1036H06;	importin beta n terminal domain containing expressed	C:intracellular; P:transport; P:cellular process; F:binding; F:transporter activity	-	Co.9; SP.5;	0,14; 0,27;
SCUTLR2030A05; SCUTLR2030A05; SCUTLR2023H05;	importin subunit beta 1 like	C:intracellular; P:transport; P:cellular process; F:binding; F:transporter activity	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,77; 1,25; 5,82;
SCILRZ1027G11; SCILRZ1024H09; SCILRZ1027G11; SCILRZ1027G11;	in2.1 protein	P:metabolic process; C:cytoplasm; F:transferase activity	EC2.5.1.18	Co.9; Co.5; SP.5; SP.9;	1,04; 1,39; 1,89; 1,92;
SCCGRZ1002H11;	indole 3 glycerol phosphate chloroplastic like isoform 1	F:catalytic activity; P:cellular amino acid and derivative metabolic process	EC4.1.1.48	Co.9;	0,06;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCQGLR1062B10;	inorganic diphosphatase	C:plasma membrane; F:hydrolase activity; F:transporter activity; C:cytoplasm; F:binding; P:transport	EC3.6.1.1	Co9;	0,30;
SCCQLR1C01D05; SCCQLR1C01D07;	inorganic pyrophosphatase	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; P:metabolic process; P:cellular process; F:binding	EC3.6.1.1	Co5; SP9;	1,19; -;
SCCQLR1C02F03; SCCQLR1C02F07;	inositol 3 phosphate synthase	P:transport; P:cellular process; C:membrane; F:hydrolase activity; F:transporter activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; F:catalytic activity; F:nucleotide binding; C:cytoplasm; P:lipid metabolic process	EC5.5.1.4	Co5; Co9;	0,13; 0,30;
SCZFRZ1016G07;	iron deficiency candidate1	F:binding; C:cytoplasm; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:biological_process	EC1.13.11.0; EC1.14.11.2 4	Co9;	0,07;
SCRULB1059G06;	isochorismatase hydrolase like	P:metabolic process; C:mitochondrion; F:catalytic activity	-	SP5;	0,12;
SCCCCL3002B06.b;	isochorismate synthase 1	F:transporter activity; P:transport; P:cellular process; C:membrane; C:mitochondrion	-	Co9;	0,13;
SCIURT1018A03; SCVPAM2068D11; SCVPL6043F08; SCVPL6043F08; SCVPL6043F08;	isocitrate dehydrogenase	F:nucleotide binding; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; F:catalytic activity; F:binding	EC1.1.1.41	Co9; Co5; SP5; Co9; SP9;	0,03; 0,10; -; -;
SCRURT2006C10; SCBGST3106D08; SCBGST3105H08; SCRURT2005F01; SCVPLB1020E05; SCVPLB1020E05; SCVPLB1020E05; SCVPLB1020B05; SCIFRZ3C04G04.b; SCBGST3106D08; SCIFRZ3C05E03.b; SCBGST3106D08; SCIFRZ3C05E03.b; SCRURT2006C10; SCIFRZ3C05E03.b; SCRURT2006C10; SCSBST3096H07; SCSBST3096D09; SCSBST3096H07; SCSBST3096H07;	isoflavone reductase iri	F:binding	-	SP5; SP9; Co5; Co5; Co9; SP9; SP5; Co5; Co5; SP5; SP5; Co9; Co9; Co9; SP9; SP9; SP9; Co5; SP5; Co9;	0,02; 0,21; 0,23; 0,61; 1,15; 2,11; 3,62; -; -; -; -; -; -; -; 0,49; 0,70; -;
SCILST1027D09;	isoleucyl tRNA synthetase	C:cytoplasm; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:translation; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:nucleotide binding; F:catalytic activity	EC6.1.1.5	Co5;	0,46;
SCCQLR1C06G01;	isopentenyl diphosphate delta isomerase i like	F:hydrolase activity; C:mitochondrion; F:catalytic activity; C:plastid; P:biosynthetic process; P:cellular process; P:lipid metabolic process; P:secondary metabolic process	EC5.3.3.2	Co9;	0,07;
SCVCAM1101A10; SCVCAM1101A10;	karyopherin beta 3 variant	F:binding	-	Co9; SP9;	0,15; 0,22;
SCCQLR1066A12; SCCQLR1066A12; SCSFRT2072E05;	kda class i heat shock protein 1	P:response to stress	-	Co9; SP9; Co9;	0,28; 0,29; -;
SCRUL3061B03;	kda class i heat shock protein 1 like	P:response to stress	-	Co9;	-
SCCCCL3001F02;	kda class i heat shock protein 3	P:response to stress	-	Co9;	0,08;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCQGLR1085E12; SCQGLR1085E12; SCQGLR1085E02; SCQGLR1085E12;	kelch repeat containing protein	-	-	Co.9; SP.5; Co.5; SP.9;	0,40; 0,45; 0,57; 0,62;
SCCCLR1076C03; SCCCLR1076C03; SCILLR1011F03;	ketol acid chloroplastic like	F: catalytic activity; F: binding; P: biosynthetic process; P: cellular amino acid and derivative metabolic process; C: plastid; P: metabolic process	EC:1.1.1.86	SP.9; SP.5; SP.5;	0,29; 0,55; -;
SCCCLR1024E10; SCCCLR1024E09; SCCCLR1024E10; SCCCLR1024E10;	ketol acid reductoisomerase	F: catalytic activity; F: binding; P: biosynthetic process; P: cellular amino acid and derivative metabolic process; C: plastid; P: metabolic process	EC:1.1.1.86	SP.9; Co.5; Co.9; SP.5;	0,20; 0,22; 0,34; -;
SCCQRT1002F10; SCIFHR1030G07; SCILLR1107G02;	late embryogenesis abundant protein	P: response to stress; P: response to abiotic stimulus	-	SP.5; SP.5; SP.5;	0,14; -; -;
SCRFLR2034G09; SCRFLR2037A12;	latex abundant protein	F: hydrolase activity; P: protein metabolic process; P: catabolic process	EC:3.4.22.0	Co.5; Co.9;	0,33; 0,46;
SCILLR1054F03; SCQGLR1086C02; SCILLR1054C07; SCILLR1054F03; SCQGLR1086C02;	legumain precursor	F: hydrolase activity; P: protein metabolic process; P: catabolic process	EC:3.4.22.0	Co.9; Co.9; Co.5; SP.9; SP.9;	0,12; 0,20; 1,78; 2,27; -;
SCQGLR1019D06; SCQGLR1019D06; SCEPAM2055H02; SCEPAM2055H02; SCQGLR1019D06; SCEPAM2055H02; SCQGLR1019A10; SCEPAM2055B09;	legumin like protein	F: molecular_function	-	SP.9; SP.5; Co.9; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,16; 0,17; 0,21; 0,26; 0,26; 0,39; -; -;
SCEQRT1026G11; SCEQRT1026G11; SCEQRT1026G11; SCEQRT1025H04;	leucine aminopeptidase	P: protein metabolic process; P: catabolic process; F: binding; F: hydrolase activity; C: plastid	EC:3.4.11.0	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,55; 0,81; 0,99; 1,61;
SCEPRZ3045G05;	leucine rich repeat receptor protein kinase	F: receptor activity; P: protein modification process; F: nucleotide binding; F: kinase activity; F: signal transducer activity; F: catalytic activity; C: membrane; P: metabolic process	EC:2.7.11.25; EC:1.3.1.74	Co.9;	0,01;
SCCCLR1068G01;	leucine rich repeat transmembrane protein kinase	C: cytoplasm; F: kinase activity; P: protein modification process; F: nucleotide binding	-	Co.9;	0,04;
SCIFRT1005C11; SCIFLR2036B04;	leucoanthocyanidin dioxygenase	P: metabolic process; F: catalytic activity	EC:1.13.11.0; EC:1.14.11.0	SP.5; Co.5;	0,97; -;
SCCCLR1048G01;	leucyl tRNA synthetase	C: cytoplasm; F: catalytic activity; P: nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P: translation; P: cellular amino acid and derivative metabolic process; F: nucleotide binding	EC:6.1.1.4	Co.5;	1,06;
SCVPCL6041E09;	leukotriene a 4 hydrolase	P: biosynthetic process; P: cellular process; P: lipid metabolic process; P: protein metabolic process; P: catabolic process; F: binding; F: hydrolase activity	-	Co.9;	0,18;
SCCCLR1048F10;	like protein	C: cytoplasm; F: binding; P: protein metabolic process; P: cellular process; F: protein binding; F: nucleotide binding; P: response to stress; P: response to abiotic stimulus	-	Co.9;	0,25;
SCVPFL1069H03;	Imbr1 domain containing protein 2 homolog a like isoform 1	C: membrane	-	Co.9;	0,02;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenos 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCEQRT1030E05; SCEQRT1030E05; SCEQRT1029C02; SCEQRT1030E05;	low expression of osmotically responsive genes 1	Ccell; Ccytosol; Fcatalytic activity; Fbinding; Pcarbohydrate metabolic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process	EC4.2.1.11	Co.9; SP.9; Co.5; SP.5;	0,01; 0,02; 0,57; -;
SCCCLR1024F02;	low quality protein alanyl tRNA synthetase like	Fcatalytic activity; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Ptranslation; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Fnucleic acid binding; Fnucleotide binding; Cmitochondrion	EC6.1.1.7	Co.5;	0,29;
SCSFST3076G09; SCSBAD1126D11;	luminal binding protein	Cendoplasmic reticulum; Fnucleotide binding	-	Co.9; Co.9;	0,02; -;
SCCCLR1002F04; SCCCLR1002F04;	ma3 domain containing protein	Fbinding	-	SP.9; Co.9;	0,23; 1,55;
SCRLCL6030D09;	mac perforin domain containing protein	-	-	Co.9;	0,06;
SCEPRZ1008B12; SCEPRZ1008B12;	macronuclear development protein	Fnucleic acid binding	-	Co.9; SP.9;	0,11; 0,11;
SCCCLR2002D02; SCILLR1054E03; SCCCLR2002D02; SCCCLR1077E10; SCCCLR2002C12; SCQGST1034A08; SCQSAM1032A01; SCILLR1054E03; SCQSAM1032A01; SCCCLR1077E10;	macrophage migration inhibitory factor	-	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.9; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,07; 0,11; 0,13; 0,30; -; -; -; -; -;
SCQGLR1085E12;	mads box interactor like	Cplastid	-	Co.5;	0,62;
SCQSFL3033C03.b; SCRLSD2011E04; SCRLSD2011E04; SCQSFL3033C03.b; SCRLSD1012E03; SCQSFL3031F01; SCCCLR1024D03; SCCCLR1024D03; SCCCLR1024D03; SCCCLR1024D02; SCQSFL3033C03.b;	malate cytoplasmic	Ccytoplasm; Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Fbinding; Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process	EC1.1.1.37	SP.5; SP.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.9;	0,01; 0,01; 0,05; 0,14; 0,25; 0,37; 2,21; 2,28; 2,96; -;
SCEPRZ3084H02; SCAGCL6015C11; SCAGCL6015C11; SCCCLR1070H07; SCCCLR1066H09; SCCCLR1072A12; SCAGCL6015C11; SCCCL4004C11; SCCCLR1072A12; SCCCL4004C09; SCCCLR1067B04; SCCCLR1072A12; SCCCL4004C11; SCCCLR1067B04; SCEPRZ3047F05; SCCCLR1067B04; SCAGCL6014G06; SCEPRZ3084H02; SCCCL4004C11; SCSFST3081B11; SCEPRZ3084H02; SCSFST3081B11;	malate dehydrogenase	Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Fbinding; Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Cmitochondrion	EC1.1.1.37	Co.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.5; SP.5; SP.9; SP.9; Co.5; Co.9; Co.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,07; 0,08; 0,16; 0,31; 0,38; 0,52; 0,56; 0,64; 0,65; 0,69; 0,77; 0,84; 0,89; 1,01; 1,43; 2,53; -; -; -; -;
SCSBRZ3124A08; SCSBRZ3118E10; SCSBRZ3124A08;	malate glyoxysomal	Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Fbinding; Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process	EC1.1.1.37	SP.5; Co.5; Co.9;	0,10; -;
SCRFLR2034C11; SCRFLR2034C11; SCRFLR1055C06;	membrane steroid binding protein 1	Fbinding; Pgeneration of precursor metabolites and energy	-	Co.9; SP.5; Co.5;	0,27; 0,36; -;
SCCCLR1078H05; SCCCLR1078H02;	metal dependent hydrolase like protein	Ccytoplasm	-	Co.9; Co.5;	0,43; -;
SCUTAM2005D03;	metal ion binding protein	Ptransport; Fbinding	-	SP.5;	0,05;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)						
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)	
SCSGLR1084G12; SCSGLV1008G03; SCSGLV1008G03; SCSGLV1008G03;	methionine synthase	P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:transferase activity	EC2.1.1.0	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	-	
SCVPRZ2043H12; SCVPRZ2043A12; SCVPRZ2043H12; SCVPRZ2043H12;	methionine synthase protein	P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:binding; F:transferase activity	EC2.1.1.14	SP.5; Co.5; Co.9; SP.9;	0,03; 0,98; -; -;	
SCAGLR1043D04; SCCCL4002E08;	methyl binding domain106	C:nucleus; F:DNA binding	-	Co.5; Co.5;	0,65; -;	
SCEZRZ1012F05; SCEZRZ1012F05; SCEZRZ1012F05; SCEZRT3070A09;	methylene tetrahydrofolate expressed	P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC1.5.1.20	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,78; 1,24; 1,81; -;	
SCSGHR1070D09.b; SCSGHR1070B01;	methyl tetrahydropteroylglutamate homocysteine methyltransferase	P:biosynthetic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:binding; F:transferase activity	EC2.1.1.14	SP.9; Co.5;	-	
SCIFRZ2013G11; SCIFRZ2013G11; SCIFRZ2013G11;	metk4 horv ame full s adenosylmethionine synthase 4 short et synthase 4 ame full methionine aden	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; F:nucleotide binding; F:binding; C:cytoplasm	EC2.5.1.6	Co.9; SP.9; SP.5;	0,35; 0,55; 0,93;	
SCIFRZ2013F11;	metk4 horv ame full s adenosylmethionine synthase 4 short et synthase 4 ame full methionine adenosyltransferase 4 short mat 4	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; F:nucleotide binding; F:binding; C:cytoplasm	EC2.5.1.6	Co.5;	0,90;	
SCVPLB1018H01; SCVPLB1018H01; SCVPLB1018H01; SCVPLB1017H05;	microtubule associated protein map65 1a	-	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	1,26; 4,34; 14,41; -;	
SCCCLR2001A12; SCCCLR2001A12; SCCCLR2001A12; SCCCLR2001A08;	minor allergen alt a 7	P:transcription; F:catalytic activity; F:nucleotide binding	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,41; 0,71; 0,88; 5,54;	
SCQSRT2036C01; SCQSRT2037B01.b; SCQSRT2037B01.b; SCQSRT2037B01.b;	minor isoform	C:nucleus; C:cytoplasm	-	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,60; -; -; -;	
SCCCRZ2001F10; SCCCRZ2001F10;	mitochondrial aldehyde dehydrogenase	F:catalytic activity; C:mitochondrion; P:metabolic process	EC1.2.1.3	SP.5; Co.9;	0,32; 0,45;	
SCIFLR1073B06; SCIFLR1073D12;	mitochondrial aldehyde dehydrogenase ald h2a	C:mitochondrion; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC1.2.1.0	Co.5; SP.9;	0,30; 0,44;	
SCEQRT2098D07; SCEZLR1052F04; SCEQRT2098D07; SCEZLR1052F04; SCEZLR1052C03; SCEQRT2094B01; SCEQRT2098D07; SCEZLR1052F04;	mitochondrial atp synthase precursor	-	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.9; Co.5; Co.5; SP.5; SP.9;	0,49; 0,57; 0,58; 0,67; 0,73; -; -; -;	
SCEPRZ1010G06; SCEPRZ1010H07; SCEPRZ1010H07;	mitochondrial f0 atp synthase d chain	F:transporter activity; C:membrane; C:mitochondrion; P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process	-	Co.5; Co.9; SP.9;	2,27; -; -;	

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCMVRT2105F08; SCCCL2001B10.b; SCCCCL2001B02.b; SCMVRT2105C11; SCEZRT2019D07;	mitochondrial phosphate transporter	C:membrane; C:mitochondrion; F:binding; P:transport	-	Co.9; Co.9; Co.5; Co.5; Co.9;	0,04; 0,50; 1,31; -; -;
SCILRT1021G03;	mitochondrial processing peptidase	F:hydrolase activity; C:mitochondrion; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding	EC3.4.24.0	Co.9;	0,43;
SCCCLR1001H01; SCCCLR1022A05; SCCCLR1022A05; SCCCLR1022A05;	mitochondrial processing peptidase alpha subunit	F:hydrolase activity; C:mitochondrion; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding	EC3.4.24.0	Co.5; SP.5; SP.9; Co.9;	0,33; 0,42; 0,44; 0,67;
SCILLR1054C04; SCILLR1054C07; SCILLR1054C07; SCILLR1054C07;	mitochondrial processing peptidase beta subunit	F:hydrolase activity; C:mitochondrion; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding	EC3.4.24.0	Co.5; SP.5; SP.9; Co.9;	0,63; 0,63; 0,73; 0,92;
SCEQRT1033H09; SCCCL3120H09;	mitochondrial prohibitin complex protein 2	C:membrane	-	Co.9; Co.9;	0,26; -;
SCMCRZ3067A10;	mitogen activated protein kinase kinase kinase a like	C:mitochondrion	-	Co.9;	0,10;
SCSFRT2072C08; SCQSLB1049G04; SCQSLB1049G04; SCQSLB1049C04; SCSFRT2072B04; SCSFRT2072C08; SCQSLB1049G04; SCSFRT2072C08;	ml domain protein	C:cytoplasm	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,13; 0,38; 0,47; 0,99; -; -; -; -;
SCCCLR2001H09; SCCCLR2001H12; SCCCLR2001H12; SCCCLR2001H12;	mnd1 interacting protein 1 like	F:binding	-	Co.5; SP.9; SP.5; Co.9;	0,41; 1,14; 1,1 6; -;
SCCST3083C01;	moco containing protein	F:catalytic activity; P:metabolic process; F:binding; F:molecular_function	-	Co.9;	0,01;
SCQSRT2036A12; SCQSRT2036A12; SCQSRT2036A12; SCILRT1014H01; SCCCLR1079D10; SCILRT1014H01; SCCCLR1079D10; SCCCLR1079D10; SCCCLR1079D09; SCILRT1014H01;	monodehydroascorbat e reductase	P:cellular homeostasis; F:nucleotide binding; P:generation of precursor metabolites and energy; C:cytoplasm; F:catalytic activity	EC1.6.5.4	SP.9; Co.9; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.5; Co.5; SP.5;	0,10; 0,11; 0,12; 0,36; 0,54; 0,71; 0,79; 0,98; -; -;
SCUTC6036H09; SCEPLR1008H07;	multidomain cystatin	P:biological_process; F:enzyme regulator activity	-	Co.5; Co.5;	0,19; 1,00;
SCILST1022F12;	n ethylmaleimide sensitive fusion protein	F:nucleotide binding; F:hydrolase activity	EC3.6.1.15	Co.9;	0,27;
SCCCLR1070G02;	nadh dehydrogenase	P:metabolic process; P:cellular process; F:binding; F:catalytic activity	-	Co.5;	-
SCCCCL3003D04.b;	nadh ubiquinone oxidoreductase 51 kda subunit	F:nucleotide binding; F:binding; C:mitochondrion; P:metabolic process; F:catalytic activity	EC1.6.5.3	Co.5;	-
SCEPRZ3087H07; SCEPRZ3084H02;	nadh ubiquinone oxidoreductase 75 kda subunit	P:generation of precursor metabolites and energy; C:membrane; F:binding; F:molecular_function; F:catalytic activity	EC1.6.5.3	Co.9; Co.5;	0,28; -;
SCACLR2014D04; SCAGLR2026F06;	nadh ubiquinone oxidoreductase b14 subunit	-	-	Co.9; Co.9;	0,05; -;
SCCCRZ2004A06;	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	P:metabolic process; C:cytoplasm; F:catalytic activity	EC1.2.1.9	SP.5;	0,36;
SCCCCL2001A05.b; SCEPL6019E04; SCCCL2001A05.b; SCEPAM2055H02; SCEPL6019E04; SCCCL1002D10.b;	nadp dependent malic enzyme	F:nucleotide binding; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:cellular process	EC1.1.1.38	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.9; Co.5;	0,34; 0,41; 0,47; 0,76; 1,07; 1,2 5;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCEQLR1029D06;	nadp dependent oxidoreductase p1	F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	-	SP.5;	0,31;
SCRUF1119D04.b; SCSFSB1106D06; SCSFSB1106D06; SCRLSB1041B09; SCRLSB1041B09;	nadp dependent oxidoreductase p2	F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	-	SP.9; SP.9; SP.5; SP.5; SP.9;	0,21; 0,23; -; 0,40; 0,79;
SCILLR1105C04; SCCCLR1C04G09; SCCCLR1C04E07; SCCCLR1C04G09; SCCCLR1C04G09; SCILLR1103G09; SCCCL4017A09; SCCCL4017A09; SCCCL4017A09; SCCCL4015F02;	nadp specific isocitrate dehydrogenase	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; F:binding; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; P:metabolic process; P:cellular process	EC1.1.1.42	SP.9; Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,04; 0,13; 0,26; 0,33; 0,33; 0,42; 0,68; 0,83; 1,51; 4,6
SCAGLR1064H02;	nadph oxidoreductase homolog	F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	-	Co.9;	0,10;
SCBGLR1047D05; SCCCRZ1001E04; SCBGLR1047A12;	nascent polypeptide associated complex alpha subunit like protein	-	-	Co.9; Co.9; Co.5;	0,05; 0,18; -;
SCCCLR4091E07;	neutral alpha glucosidase ab like	F:carbohydrate binding; P:carbohydrate metabolic process; F:hydrolase activity	EC3.2.1.0	Co.9;	0,02;
SCCCRZ1C01A05; SCCCRZ1C01A05; SCCCRZ1C01A05; SCCCRZ1004H10;	nls receptor	C:cytoplasm; C:membrane; C:nuclear envelope; P:transport; P:cellular process; F:binding; F:transporter activity	-	SP.5; SP.9; Co.9; Co.5;	0,25; 0,36; 0,36; 0,61;
SCCCL3001E04.b;	non photosynthetic nadp malic enzyme	F:binding; F:nucleotide binding; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:cellular process; C:plastid	EC1.1.1.138; EC1.1.1.140	Co.9;	-
SCEPLB1044H11; SCCCLR1075H11; SCEPLB1043E09; SCCCLR1024C05; SCCCLR1076D05; SCCCLR1024A09;	nonspecific lipid transfer protein 3 precursor	F:lipid binding; P:transport	-	SP.9; Co.5; Co.5; SP.9; SP.9; Co.5;	0,14; 0,23; 0,64; -; -; -;
SCBFR1064A07; SCCCLR1070F12; SCBFLR1083F02; SCCCLR1070G02;	nuclear transport factor 2	C:intracellular; P:transport	-	SP.9; Co.5; Co.5; SP.9;	0,41; 0,99; -; -;
SCEQLB1068B01;	nucleic acid binding protein	F:RNA binding	-	SP.9;	0,79;
SCQGAM2030C12; SCQGAM2030C12; SCEPLR1008D05; SCQGAM2027G09; SCEPLR1008H07; SCEPLR1008H07;	nucleoside diphosphate kinase 1	P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:kinase activity; F:binding; P:biosynthetic process; F:nucleotide binding; C:cytoplasm	EC2.7.4.6	SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.9;	0,34; 0,37; 0,86; -; -; -;
SCBFLR1046F11; SCBFLR1083E03; SCBFLR1083E03; SCBFLR1083E03;	nucleoside diphosphate kinase i	P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:kinase activity; P:biosynthetic process; F:nucleotide binding; C:cytoplasm	EC2.7.4.6	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9;	0,24; 0,33; 0,44; 0,72;
SCEPL4179C08; SCEPL4174E05;	nucleosome chromatin assembly factor group c	-	-	SP.9; Co.5;	0,15; -;
SCCST2002C01; SCCST2002D08; SCCST2002D08; SCCST2002D08;	o methyltransferase zrp4	F:transferase activity; F:protein binding; P:metabolic process; P:cellular process	-	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	1,08; 2,54; 4,8 5,6; 48;
SCSBFL1043F08;	Os01g0153500 Oryza sativa Japonica Group	-	-	Co.5;	-
SCCCL4007B04; SCCCL4007B04; SCCCL4006H08;	Os04g0129900 Oryza sativa Japonica Group	-	-	Co.9; SP.5; Co.5;	0,13; 0,54; 0,94;
SCJFLR1074A12; SCJFLR1074A12; SCCCLR1067D05; SCCCLR1067B04;	outer mitochondrial membrane protein porin	F:transporter activity; P:transport; P:cellular process; C:membrane; C:mitochondrion	-	SP.5; Co.9; Co.9; Co.5;	0,17; 0,25; 0,31; 1,45;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCPRZ1010A10;	outer plastidial membrane protein porin	F:transporter activity; P:transport; P:cellular process; C:membrane; C:mitochondrion	-	Co.5;	0,05;
SCCCLR1070D02; SCCCLR1070D02; SCCCLR1070D02;	oxygen evolving enhancer protein 1	C:membrane; F:binding; P:generation of precursor metabolites and energy; P:photosynthesis; C:plastid; C:thylakoid	-	Co.9; SP.9; SP.5;	0,08; 0,33; 0,52;
SCCCLR2001B12;	p2c65 oryzae full probable protein phosphatase 2c 65 short 2c65	P:protein modification process; F:binding; F:hydrolase activity; C:cell	-	SP.9;	0,84;
SCIFRT1008E10;	patatin t5 precursor	F:hydrolase activity; P:lipid metabolic process	-	Co.5;	-
SCMCR2089E02;	pdc1 maize arae full pyruvate decarboxylase isozyme 1 short pdc	P:response to stress; P:metabolic process; F:binding; F:catalytic activity	EC4.1.1.1	SP.5;	-
SCVPLR1028G12; SCVPLR1028D03; SCVPLR1028G12; SCVPLR1028G12; SCIFLR1073H09; SCIFLR1074A06; SCAGCL6014G06; SCIFLR1074A06; SCAGCL6014G06; SCIFLR1074A06; SCAGCL6012G12;	pdi like protein	P:cellular homeostasis; F:molecular function; P:metabolic process; F:catalytic activity	EC1.8.1.8	Co.9; Co.5; SP.5; SP.9; Co.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,65; 0,84; 1,37; 1,5 8,4,77; ; ; ; ; - ; ;
SCCCLR1076G12; SCCCLR1077B12;	pdi2.2 zeamays protein disulfide isomerase	C:cytoplasm; F:molecular function; P:cellular homeostasis; P:metabolic process; F:catalytic activity; C:endoplasmic reticulum; P:generation of precursor metabolites and energy	-	Co.5; Co.9;	2,33; 0,12;
SCAGLR2018F12; SCCCLR101B03;	peptide methionine sulfoxide reductase	C:membrane; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:protein modification process	EC1.8.4.11	SP.9; SP.9;	0,93; ;
SCCCLR2004F06; SCCCLR101H02; SCCCLR2004F06; SCCCRZ2002A08; SCCCLR2001F09; SCCCRZ2002A08; SCCCLR2001G06; SCIFLR1074G03; SCCCRZ2002A08; SCCCLR2001G06; SCCCLR2001G06; SCCCLR2004F06; SCCCLR2004E06; SCIFLR2036B04; SCIFLR2036B04; SCIFLR2036B04; SCCCRZ2002A07;	peptidyl prolyl cis trans isomerase	P:protein metabolic process; P:cellular process; P:protein modification process; F:catalytic activity	EC5.2.1.8	Co.9; SP.5; SP.9; Co.9; Co.5; SP.9; Co.9; Co.5; SP.5; SP.9; SP.5; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,10; 0,12; 0,20; 0,24; 0,39; 0,47; 0,52; 0,60; 0,76; 1,13; 1,6 5,1,86; 3,29; ; ; ; ; ;
SCRFLR1012F09; SCRFLR1012F09; SCRFLR1012F09; SCRFLR1012E06; SCRULR1020A04; SCRULR1020A04; SCRULB2062A03.b;	peptidyl prolyl cis trans isomerase cyp194 precursor	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; P:protein modification process; F:catalytic activity; C:mitochondrion	EC5.2.1.8	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; Co.5;	0,06; 0,16; 0,22; 0,50; ; ; ; ;
SCEQRT1024D03;	peroxidase 24 precursor	P:response to stress; C:cytoplasm; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC1.11.1.7	Co.9;	0,27;
SCCCLR1005G05;	peroxidase atp6a	P:response to stress; C:cytoplasm; F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC1.11.1.7	Co.5;	1,19;
SCAGLB1069A07; SCAGLB1069A07;	peroxisomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein	P:cellular process; P:lipid metabolic process; F:catalytic activity; P:metabolic process; F:binding	EC1.1.1.35	SP.5; Co.9;	0,19; 0,38;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCEQRT1024E12; SCSGAM1094D05; SCSGAM1094D05; SCSGAM1094D05; SCEQRT1024E12; SCQSRZ3037B01.b; SCILRT1013C01; SCCCLR2002C01; SCIFLR1013H10; SCILRT1013C01; SCIFLR1017B11; SCCCLR1048C02; SCCCLR1048D07; SCILRT1013C01; SCIFLR1017B11; SCIFLR1017B11; SCCCLR1048D07; SCCCLR1048D07; SCQSRZ3037B05; SCCCLR2002C08; SCQSRZ3037B05; SCRFAD1021C08; SCCCLR2002C08; SCEQRT1024E12; SCQSRZ3037B05; SCRFAD1021C08; SCEQLR1094C02; SCILRT1006G01; SCSFST3082D02; SCQST3114E08;	phenylalanine ammonia lyase	Ccytoplasm; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Psecondary metabolic process; Pbiosynthetic process; Fcatalytic activity; Pcatabolic process	EC4.3.1.0	Co.9; SP.5; SP.9; Co.9; SP.5; Co.5; Co.9; Co.5; Co.5; SP.9; Co.9; Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; SP.5; SP.9; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5;	0,02; 0,03; 0,04; 0,17; 0,25; 0,29; 0,46; 0,58; 1,09; 1,3 0,187; 1,92; 2, 75; 3,05; 3,82; 4,38; 4,62; 6,5 5; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCIFRZ303E08;	phosphatase 2a regulatory a subunit	Fbinding	-	SP.5;	-
SCILRT1013C01;	phosphatase phospho1	Pmetabolic process; Pcellular process; Fhydrolase activity	EC3.1.3.0	Co.5;	3,47;
SCSBS1058G12;	phosphoenolpyruvate carboxylase	Ccytoplasm; Pbiosynthetic process; Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Fkinase activity; Pmetabolic process; Fcatalytic activity; Fnuclotide binding	EC4.1.1.49	SP.9;	0,55;
SCCCL3001F10.b; SCCCL3001F10.b; SCCCL3001F10.b; SCCCL3001F10; SCCCLR2002G11; SCCCLR2002H05; SCCCLR2002H05; SCCCLR2002H05;	phosphoenolpyruvate carboxylase	Ccytoplasm; Pmetabolic process; Pcellular process; Fbinding; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Pphotosynthesis; Fcatalytic activity	EC4.1.1.31	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	2,57; 4,26; 7,4 1; ; ; ; ; ;
SCILRZ1024A01; SCSBAM1085E11; SCILRZ1021E10; SCSBL1042G04; SCILRZ1024A01; SCSBL1042G04;	phosphoenolpyruvate partial	Ccytoplasm; Pmetabolic process; Pcellular process; Fbinding; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Pphotosynthesis; Fcatalytic activity	EC4.1.1.31	Co.9; Co.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.9;	0,10; 0,17; ; ; ; ;
SCEQRT1029H03; SCVPAM1055G01;	phosphoesterase family phosphoglycerate dehydrogenase	Fhydrolase activity Fnuclotide binding; Fcatalytic activity; Fbinding; Cplastid; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Pmetabolic process	- EC1.1.1.95	SP.9; SP.5;	0,25; 0,14;
SCRFL1013B01; SCEZLB1006F11; SCEZLB1006F11; SCEZLB1006F11; SCRFL1011G08; SCCCRZ1001B08; SCCCRZ1001C05; SCCCRZ1001C05; SCCCRZ1001C05; SCEZLB1006B07; SCRFL1013B01; SCRFL1013B01;	phosphoglycerate kinase	Ccytoplasm; Fkinase activity; Pmetabolic process; Pcellular process; Pcarbohydrate metabolic process; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process	EC2.7.2.3	SP.9; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; SP.5; Co.9;	0,02; 0,14; 0,18; 0,29; 0,45; 1,96; 2,4 4,5; 13,5; 25; ; ; ;
SCMCSD1061D03;	phosphoglycerate mutase family	-	-	Co.9;	0,02;
SCCCRZ204A11;	phosphoinositide 3 kinase regulatory subunit 4 like	Fnuclotide binding; Pprotein modification process; Fkinase activity	EC2.7.11.0	SP.9;	0,15;
SCAGLR1043E04; SCAGLR1043E06; SCAGLR1043E06; SCAGLR1043E06;	phospholipase d alpha 1	Pcatabolic process; Plipid metabolic process; Fhydrolase activity; Fbinding; Cmembrane; Pcellular amino acid and derivative metabolic process	EC3.1.4.4	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9;	0,69; 1,63; 1,6 9,1; 7,1;
SCRURT2010F07; SCRURT2010F07; SCQSR1035E10; SCQSR1035E10; SCQSR1035E10; SCQSR1034C09;	phosphoserine aminotransferase	Fbinding; Ftransferase activity; Cplastid; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process	EC2.6.1.52	SP.9; SP.5; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,01; 0,02; 0,39; 0,46; 0,72; 0,89;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCEZRZ1012B07; SCSGAD1007A08;	plasma membrane h atpase	C:membrane; F:binding; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:transporter activity; P:biosynthetic process; F:nucleotide binding; P:transport	-	Co.9; Co.9;	0,07;-;
SCCORT1002F07; SCCORT1002F07; SCCORT1001E01;	prma1 or ysjame full plasma membrane atpase a me full proton pump	C:membrane; F:binding; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:transporter activity; P:biosynthetic process; F:nucleotide binding; P:transport	-	Co.9; SP.9; Co.5;	0,56; 0,83;1,11;
SCBGLR1023H10;	polyubiquitin binding protein	F:nucleotide binding; F:RNA binding	-	Co.9;	0,47;
SCEZRZ1016D05; SCBFLR1039A03; SCBFLR1039A03; SCEZRZ1016D05; SCEPAM1051D07; SCEZLB1007D07; SCEZRZ1016D05; SCEZLB1007D07; SCVPLB1016F07; SCEZLB1007D07; SCEZRZ1015F05; SCEPAM1051D07; SCVPLB1016F07; SCEPAM1051D07; SCEZLB1006G09; SCEPAM1024D04; SCVPLB1016B08; SCIFST1011E01; SCEQAD1019B12; SCEQAM1037G05; SCIFST1016E01; SCEQAM1037G05; SCVPLB1016F07; SCEQAM1037G05; SCIFST1016E01;	polyphenol oxidase	F:transporter activity; P:transport; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC1.10.3.1	Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.9; Co.9; SP.5; SP.9; SP.5; SP.5; Co.5; SP.9; SP.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9;	0,02;0,04; 0,25;0,42; 0,47;0,52; 0,54;0,59; 0,70;0,74; 0,79;0,82; 0,97;1,13;2,9 0;-;-;-;-;- ;-;-
SCCCL3080A11.b; SCCCL3080A11.b; SCCCL3080A11.b; SCCCL3080A11;	polyubiquitin 11 like	-	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	-
SCBFRZ3006E06; SCBFRZ3006E06; SCBFRZ3006E06; SCVPRZ2036B07; SCBFRZ2050G03; SCVPRZ2038C12; SCVPRZ2038C12; SCVPRZ2038C12;	polyubiquitin 14	C:vacuole; P:protein modification process; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,05;0,06; 0,64;0,71;-;- ;-;-
SCILAM1060A03; SCILAM1060A03; SCCCL6002E08; SCIFST1016E01; SCCCL5072E02; SCQGLR2017B10; SCIFRZ2010D04; SCIFRZ2010E12; SCILAM1060A03; SCQGLR2032G10; SCCCL6002E08; SCIFRZ2010E12; SCQGLR2032G10; SCCCL6002E08; SCIFRZ2010E12; SCQGLR2032G10;	polyubiquitin 2	C:nucleus; C:cytoplasm	-	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9;	0,01;0,03; 0,11;-;-;-;-;- ;-;-;-;-;- ;-;-;-;-;- ;-;-;-;-;- ;-;-;-;-;-
SCSGFL4118F01; SCSGFL4118F01; SCSGFL4118F01; SCCCLR1C03C09; SCSGFL4037A02; SCCCLR1C03C10; SCCCLR1C03C10; SCCCLR1C03C10;	polyubiquitin 3	C:vacuole; P:protein modification process; P:response to abiotic stimulus; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus	-	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,06;0,12; 0,25;0,46;-;- ;-;-
SCIFRT1010F04; SCIFRT1010F04; SCIFRT1010A12; SCIFRT1010F04; SCSFSB1070G01; SCQSRZ2032E09; SCSFSD1065H04.b; SCSFSD1065H04.b; SCQSRZ1036H11; SCQSRZ2032E09; SCSFSD1065H04.b; SCQSRZ2032E09; SCACLR1057F07; SCACLR1057F07; SCACLR1057F07; SCACLR1036D11;	polyubiquitin containing 7 ubiquitin monomers	C:nucleus; C:cytoplasm	-	Co.9; SP.9; Co.5; SP.5; Co.5; Co.9; SP.9; Co.9; Co.5; SP.5; SP.5; SP.9;	0,04;0,42;-;- 0,09;0,11; 0,23;0,41; 0,90;-;-;-
SCRUF11017E10.b; SCRLLV1026A01.b; SCRUF1021F10.b; SCRLLV1026A01.b; SCRUF1021F10.b; SCRLLV1026A01.b; SCRUF1021F10.b; SCRLLV1024D03; SCEZAM2059H12; SCEZAM2059H12; SCEZAM2059H12; SCEZAM2035A06;	polyubiquitin Leishmania infantum JPCV5 polyubiquitin like protein	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,02; 0,26;1,34;-;-
		-	-	Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,10;0,14;-;- ;-;-;-;- ;-;-;-;-
	polyubiquitin partial Ulva linza	-	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	-

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCLR1C03H09; SCCCLR1C03H09; SCCCLR1C03H09; SCCCLR1C03H07;	polyubiquitin partial Wolffia australiana	-	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	-;-; 0,03;
SCEQLB1063F02;	pp2ac5 phosphatase 2a isoform 5 belonging to family 2	F:hydrolase activity	EC3.1.3.16	Co.5;	-
SCSFAD1106F07;	predicted protein Hordeum vulgare subsp vulgare	-	-	Co.9;	0,02;
SCIFRZ2027F12;	probable 26s proteasome non atpase regulatory subunit 7 like	-	-	Co.9;	0,12;
SCVPCL6063H06;	probable carboxylesterase 16 like	P:metabolic process; F:hydrolase activity	-	SP.5;	0,24;
SCEQLR1007H12;	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 8c like	F:catalytic activity; P:metabolic process; F:binding; C:plastid	-	Co.5;	-
SCCCST2002C01; SCCST2002C01; SCCST2002C01; SCCCST2001G02;	probable glutathione s transferase gstf1 like isoform 1	F:transferase activity	EC2.5.1.18	SP.9; SP.5; Co.9; Co.5;	0,52; 0,67; -;-
SCEQRT2099G01; SCEQRT2099G01;	probable l ascorbate peroxidase chloroplastic like isoform 1	F:binding; F:catalytic activity; C:mitochondrion; P:metabolic process; P:response to stress	EC1.11.1.7	Co.9; SP.9;	0,20; 0,40;
SCCCLR1C01B02;	probable mitochondrial processing peptidase subunit beta like	F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding	EC3.4.24.0	Co.5;	-
SCRUSD1012E03; SCRLLV1026A01.b; SCRUSD1012E03; SCRUSD1012E03;	probable ubiquitin ribosomal protein s27a fusion protein	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	SP.9; Co.5; SP.5; Co.9;	0,09; 0,80; -;-
SCEQLR1007A06; SCEQLR1007A06; SCEQLR1007A06; SCEQLB1068G05;	profilin 2	P:cellular component organization; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; C:cytoskeleton	-	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5;	0,52; 0,55; 0,82; -;
SCCCCL3004H02.b; SCAGFL1089C03; SCCCL3004F01.b; SCAGFL3020B06;	proliferation associated protein 2g4	F:hydrolase activity; P:cellular process; P:protein metabolic process; P:catabolic process	EC3.4.11.0	Co.9; Co.5; Co.5; Co.9;	0,29; 1,88; 14; 18; -;
SCCCLB1023A12;	proline iminopeptidase like	C:cytoplasm; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity	EC3.4.11.0	SP.9;	0,16;
SCCCST3006H07;	prolyl 4 hydroxylase 2	F:binding; F:catalytic activity; P:metabolic process	EC1.14.11.0	Co.9;	0,11;
SCCCCL3001B04.b; SCCCL3001B04.b; SCCCL3001A05;	prolyl tma synthetase like	C:cytoplasm; F:catalytic activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:translation; P:cellular amino acid and derivative metabolic process; F:nucleotide binding	EC6.1.1.15	Co.9; SP.9; Co.5;	0,41; 0,45; 5,39;
SCVPRZ2042B04; SCVPRZ2042B04;	protease candidate1	F:binding; F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:catabolic process; C:plastid	EC3.4.24.0	Co.9; SP.5;	0,14; 0,34;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCEQRT1025A07;	proteasome 26s non atpase subunit 1	P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding; C:cytoplasm; F:enzyme regulator activity; C:intracellular; P:biological_process	-	Co.9;	0,12;
SCEPRZ1008F06; SCEZLB1009E05;	proteasome alpha subunit	F:hydrolase activity; C:intracellular	-	Co.9; Co.9;	-; 0,15;
SCAQLR1057F02;	proteasome regulatory non atpase subunit	-	-	Co.9;	0,34;
SCEPLB1041G09; SCEPFL4179C08;	proteasome subunit alpha type 1	C:cytoplasm; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus; F:hydrolase activity	EC3.4.25.0	SP.9; Co.5;	0,28; 0,34;
SCSBAM1084D01; SCVPLR2019F01; SCSGLR1045A06;	proteasome subunit alpha type 3	C:cytoplasm; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus; F:hydrolase activity	EC3.4.25.0	Co.5; Co.5; Co.5;	0,14; 0,68; -;
SCCCLR1022B05; SCAGLR2026H05; SCCCLR1022A05; SCAGLR2026F05; SCAGLR2026H05;	proteasome subunit alpha type 5	C:cytoplasm; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus; F:hydrolase activity	EC3.4.25.0	Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9;	0,19; 0,34; 1,25; -; -;
SCIFRZ2010D05;	proteasome subunit alpha type 7	C:cytoplasm; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus; F:hydrolase activity	EC3.4.25.0	Co.9;	0,13;
SCBGLR1002D03; SCBGLR1002D03; SCAQLR2007C03; SCBGLR1002A05;	proteasome subunit beta type 1	C:cytoplasm; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process; C:nucleus; F:hydrolase activity	EC3.4.25.0	Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,14; 0,17; 2,77; -;
SCCCLR1048G12; SCCCLR1048G12; SCCCLR1048G04;	proteasome subunit beta type 2	C:cytoplasm; C:intracellular; C:nucleus; F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:cellular process; P:catabolic process	EC3.4.25.0	Co.9; SP.5; Co.5;	0,09; 0,10; 2,57;
SCCCLR1001C03;	proteasome subunit beta type 3	C:intracellular; C:cytoplasm; C:nucleus; F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:cellular process; P:catabolic process	EC3.4.25.0	Co.5;	-
SCCCRZ2C04B02; SCCCRZ2C03F12; SCCCRZ2C04B02; SCQ\$AM1032B04; SCCCRZ2C04B02; SCQ\$AM1032E01; SCQ\$AM1032E01; SCQ\$AM1032E01;	proteasome subunit beta type 6 precursor	F:binding; P:transcription; F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:cellular process; P:catabolic process; F:DNA binding; C:cytoplasm; C:intracellular; C:nucleus	EC3.4.25.0	Co.9; Co.5; SP.5; Co.5; SP.9; SP.5; Co.9; SP.9;	0,08; 0,11; 0,16; 0,18; 0,22; -; -; -;
SCCCRZ2002B08;	protein bre	-	-	Co.9;	0,05;
SCCCLR1048G02; SCCCLR1048G04; SCCCLR1048G04; SCCCL3080E05; SCCCLR1048G04; SCAGFL8013E01; SCCCL3080F02.b; SCCCL3080F02.b;	protein disulfide isomerase	C:endoplasmic reticulum; F:molecular_function; P:cellular homeostasis; P:metabolic process; F:catalytic activity	EC5.3.4.1	Co.5; Co.9; SP.5; Co.5; SP.9; Co.5; SP.5; Co.9;	0,75; 0,78; 0,82; 1,16; 1,50; -; -; -;
SCCCLR1C01A02; SCCCLR1079D10;	protein disulfide isomerase7 precursor	C:cytoplasm; F:molecular_function; P:cellular homeostasis; P:metabolic process; F:catalytic activity; C:endoplasmic reticulum	-	Co.9; Co.5;	0,14; 1,58;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCEQRT1029G10;	protein kinase	F:nucleotide binding; P:protein modification process; F:kinase activity; F:carbohydrate binding	EC2.7.11.0	Co.9;	0,02;
SCEQRT1032A12;	protein kinase apk1a	F:nucleotide binding; P:protein modification process; F:kinase activity	EC2.7.11.0	SP.5;	0,08;
SCCQRZ2C03F04;	protein l isospartate o methyltransferase like isoform 1	C:cytoplasm; P:metabolic process; P:cellular process; P:protein modification process; F:transferase activity	EC2.1.1.77	SP.9;	0,04;
SCEPRZ1010A03; SCEPRZ1010A03; SCEZLR1052F07; SCEZLR1052F07; SCEPRZ1010A03; SCEPRZ1009G03;	protein phosphatase 2a structural subunit	F:binding	-	SP.5; Co.9; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5;	0,19; 0,36; 0,51; 0,62; 0,71; 0,85;
SCCQRZ1004H06; SCCQRZ1004H10;	protein sey1	C:membrane; F:hydrolase activity; F:nucleotide binding	-	Co.5; Co.9;	0,35; 0,37;
SCUTFL1055A08;	protein suppressor of phya 105.1 like	F:nucleotide binding; P:protein modification process; F:kinase activity	-	Co.9;	0,10;
SCCCL4014E10;	protein transport protein sec31a like	-	-	Co.5;	1,13;
SCAGLR1064E01; SCAGLR1064E01; SCAGLR1064E01; SCAGLR1043G12;	protein usf	F:hydrolase activity; C:mitochondrion	-	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,44; 0,54; 0,94; 1,44;
SCILRT1015H07; SCIFRZ1007G12;	protein z	F:enzyme regulator activity	-	SP.9; Co.5;	0,17; -;
SCEQRT1024C07;	proton translocating pyrophosphatase	C:plasma membrane; F:hydrolase activity; F:transporter activity; C:cytoplasm; F:binding; P:transport	EC3.6.1.1	Co.9;	-;
SCSGAM1095C10; SCSGAM1095C10;	prs4 onysj ame full 26s protease regulatory subunit 4 homolog ame full tat binding protein homolog	C:cytoplasm; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; C:nucleus	EC3.6.1.15	SP.5; Co.9;	0,45; 0,66;
SCSGAM1094H05;	prs4 onysj ame full 26s protease regulatory subunit 4 homolog ame full tat binding protein homolog 2	C:cytoplasm; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; C:nucleus	EC3.6.1.15	Co.5;	0,64;
SCRUFL1115H03.b;	psb1 onysj ame full proteasome subunit beta type 1 ame full 20s proteasome alpha subunit fame fu	F:hydrolase activity; C:intracellular; P:protein metabolic process; P:catabolic process; P:cellular process	-	Co.9;	-
SCIFRT2059C12;	puromycin sensitive aminopeptidase isoform 1	F:hydrolase activity; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:binding	-	Co.5;	0,62;
SCAGCL6016F07; SCCCLR1001B11;	pyridoxin biosynthesis protein er1	P:biosynthetic process; P:cellular process; F:catalytic activity	-	SP.5; SP.5;	0,08; 0,15;
SCVPLR2027B12;	pyrophosphate dependent phosphofructo 1 kinase	P:metabolic process; P:cellular process; F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	EC2.7.1.11	SP.9;	0,26;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenos 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCCCCL3001B07.b; SCCCCL3001B07.b; SCCCCL3001B07.b; SCSFRT2069D09;	pyrophosphate dependent phosphofructokinase alpha subunit	F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:plastid	EC2.7.1.11; EC2.7.1.90	Co.9; SP.5; SP.9; SP.5;	0,26; 0,44; 0,62; -;
SCCCCL4011G09; SCCCCL4011H08; SCCCCL4011H08; SCCCCL4011H08; SCCCFL4091G08; SCCCFL4092E06;	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransferase beta subunit	F:kinase activity; C:cytosol; F:nucleotide binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process; C:plastid	EC2.7.1.11; EC2.7.1.90	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.9;	0,11; 0,49; 0,71; 1,83; -;
SCJFRT2051C04; SCCCRL1069H11; SCJFRT2051C04; SCJFRZ2029D10; SCCCRT1002E05; SCEZLB1006F11; SCEZLB1006G09; SCEQRT2025E08; SCCCRL1070D04; SCCCLR1070D04; SCCCRT1002E05; SCCCRT1002E05; SCEZLB1006G09; SCEZLB1006G09; SCCCRT1002C04; SCCCLR1077D09; SCCCFL3001D01; SCCCRL1077D10; SCEQRT2028E02; SCSFRL4085E09; SCCCFL3001D01; SCCCLR1070D04; SCCCRL1077D10; SCEQRT2028E02;	pyruvate cytosolic isozyme	F:kinase activity; P:metabolic process; P:cellular process; F:binding; P:carbohydrate metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:catabolic process	EC2.7.1.40	Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.9; Co.5; SP.5; Co.5; Co.9; SP.5; SP.5; SP.9; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,03; 0,13; 0,25; 0,35; 0,42; 0,42; 0,47; 0,83; 1,07; 1,1 1,1; 1,18; 1,49; 1, 52; 2,79; -;-;- ;-;-;-;-;-;-;
SCJFRT1005D04; SCJFRT1005D01; SCJFRT1005D04; SCJFRT1005D04; SCCCRT1003F01; SCCCCL4011D12; SCCCCL4011D12; SCCCCL4011D12; SCCCCL4011C02; SCJFRT1061B07; SCSQRT2032E09; SCCCRT1004D09; SCJFRT1062H07; SCSQRT2033D02; SCJFRT1062H07;	pyruvate decarboxylase	P:metabolic process; P:response to stress; F:binding; F:catalytic activity	EC:4.1.1.1	Co.9; Co.5; SP.9; SP.5; Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9;	0,15; 0,17; 0,23; 0,28; 0,70; 1,41; 1,5 8,2; 0,1; -;-;-;- ;-;-;-;-;-;-;
SCEZLR1009F06; SCEZLR1009B09; SCEZLR1009F06; SCEZLR1009F06;	pyruvate dehydrogenase e1 beta subunit isoform 2	P:metabolic process; F:catalytic activity	EC:1.2.4.1	Co.9; Co.5; SP.5; SP.9;	0,32; 0,98; -;-
SCCCCL1002A05.b; SCCCCL1002D10.b; SCCCCL1002D10.b;	pyruvate dehydrogenase e1 component alpha subunit	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; C:intracellular; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy	EC:1.2.4.1; EC:1.1.1.44	Co.5; SP.9; Co.9;	0,56; 0,67; 1,58;
SCJFRT1023A07; SCJFRT1023A07; SCJFRT1023A07; SCJFRT1021D04;	pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process	EC:1.2.4.1; EC:1.1.1.44	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5;	0,36; 0,40; 0,53; 0,63;
SCRLSD1009A08; SCRLSD1009A08;	quinone oxidoreductase	F:binding; P:metabolic process; F:catalytic activity	EC:1.6.5.5	Co.9; SP.9;	0,03; 0,10;
SCSGLR1045G11; SCCCRL1C10E12; SCSGLR1084C03; SCSGLR1084C03; SCCCRL2001A08; SCSGLR1084C03; SCCCLR2001A08; SCCCRL2001A08;	r40c1 protein rice	-	-	Co.5; Co.5; SP.9; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.5;	0,23; -; 0,62; 0,97; 1,89; 2,0 5,2; 9,9; 4,10;
SCUTLR2023H05; SCUTLR2023H05; SCUTLR2023H05; SCUTLR2015D03;	r40g2 protein	-	-	Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,13; 0,21; 0,36; -;
SCEPLB1043E09; SCEPLB1042F08;	rab gdp dissociation inhibitor alpha	P:transport; F:enzyme regulator activity	-	Co.9; Co.5;	0,40; -;
SCQSRT2036C01; SCQSRT2036C01; SCQSRT2035A08;	rab gdp dissociation inhibitor alpha like	P:transport; F:enzyme regulator activity	-	SP.5; Co.9; Co.5;	0,19; 0,37; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCBGLR1117A05; SCCCLR2002H12;	ran binding protein 1	Ptransport; Pcellular process; Cintracellular	-	Co.9; SP.5;	0,25; 0,30;
SCEQLR1007G11; SCEQLR1007G03;	ran gtpase activating protein	-	-	Co.9; Co.5;	0,15; ;
SCCCST1006A11; SCCCLB1003E02; SCCCRZ2004H04; SCCST1007H11; SCCCLB1003E02; SCCCRZ2004H04; SCCST1007H11; SCCCLB1003D03; SCCCRZ2004B02;	ras related protein ara 3	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; Co.5; Co.5;	2,11; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCLB1004B02; SCCCLB1004C08; SCCCLB1004C08;	ras related protein ara expressed	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.5; Co.9; SP.9;	1,30; ; ;
SCCCLR1C03C09; SCCCLR1C03B03;	ras related protein rab 18	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.9; Co.5;	0,04; ;
SCRURT2006C10;	ras related protein rab expressed	Fnucleotide binding; Ccytoplasm; Psignal transduction; Ptransport	-	Co.5;	-
SCQGLB1027A01; SCCCLR1C08E09; SCCCLR1C08E09; SCCCLR1C07H12;	ras related protein rab11a	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.9; Co.9; SP.9; Co.5;	0,01; 0,02; 0,20; ;
SCIFRT1058A12; SCILRT1019H04; SCEZAM1080D09; SCIFRT1059D05; SCILRT1019H09; SCEZAM1080D09; SCIFRT1059D05; SCILRT1019H09; SCEZAD1C01H05;	ras related protein rab11b	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,23; 0,38; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCRZ1002G06; SCCCRZ1002G03; SCCCRZ1002G06;	ras related protein rab11c	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.9; Co.5; SP.9;	0,06; 2,68; ;
SCCCLR1C07D08;	ras related protein rab7	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	SP.9;	0,17;
SCSGLR1045E02;	ras related protein rab7 like	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	SP.5;	0,04;
SCBGLR1047D05; SCBGLR1047E05; SCBGLR1047E05;	ras related protein rabe1c like	Ptransport; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.5; Co.9; SP.9;	0,62; ; ;
SCQGRT1041H03;	ras related protein rgp2	Ptransport; FDNA binding; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.9;	-
SCCCLR1075B02; SCCCLR1072G10; SCCCLR1075B02;	ras related protein ric1	Fnucleotide binding; Ccytoplasm; Psignal transduction; Ptransport	-	Co.9; Co.5; SP.9;	0,07; 0,10; ;
SCBGLR1047E05; SCBGLR1082E09; SCCCRZ2002A07; SCBGLR1082E09; SCCCRZ2002A07; SCCCRZ2002A05;	ras related protein ric2	Ptransport; FDNA binding; Fnucleotide binding; Psignal transduction	-	Co.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,25; ; ; ; ; ; ; ;
SCRFLR2021B05; SCBGST3105H08; SCBGST3104D07; SCBGLR1114E02; SCBGLR1117C08; SCBGST3105H08; SCBGLR1117C08;	regulator of ribonuclease activity a	Ccytoplasm; Pbiological_process; Fenzyme regulator activity; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Fprotein binding	-	Co.9; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,09; 0,15; ; ; ; ; ;
SCBGSD2052E11;	related to bna3 arylformamidase	Fbinding; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Ptransferase activity; Fcatalytic activity	EC:4.4.1.14	SP.9;	0,09;
SCACLR2007D12; SCAQLR2007G05; SCIFLR1013D11;	remorin like isoform 1	-	-	Co.5; Co.9; SP.9;	0,06; 0,16; 0,33; 0,05;
SCIFRT1008D04;	retrotransposon unclassified	FRNA binding; Fnucleic acid binding; Pproteolysis; PDNA integration; PRNA-dependent DNA replication; Faspatic-type endopeptidase activity; FRNA-directed DNA polymerase activity; FDNA binding	-	Co.9;	0,05;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCCCLR1066A08; SCCCLR1065G03;	rh2 protein	F:nucleic acid binding; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity	-	Co.9; Co.5;	0,25; 0,66;
SCEZLR1031A11;	rh27 ory.sj.ame full dead box atp dependent ma helicase 27	F:nucleic acid binding; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity	-	Co.5;	0,59;
SCAGAM2018H09;	rhodanese like domain containing protein	C:plastid	-	SP.9;	0,19;
SCCCL3001F09; SCCCL3001F10;	ribosomal protein component of cytosolic 80s ribosome and 40s small subunit	C:ribosome; F:structural molecule activity; C:nucleus; P:translation	-	Co.5; Co.9;	1,15; -;
SCCCLR1022E03; SCVPAM1057F01;	ribosomal protein l35a	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	SP.5; SP.5;	0,09; -;
SCCCL3002C09.b;	ribosomal protein s6 rps6.2	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	Co.5;	-
SCVPRZ2038F11; SCVPRZ2038C12; SCVPRZ2038F11;	ribosomal protein s7	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	SP.9; Co.5; SP.5;	0,16; -; -;
SCCCLB1C03G04;	ribosomal ma apurinic site specific lyase	F:lyase activity	-	Co.9;	0,03;
SCIFLR1073E09; SCIFLR1073E09; SCIFLR1073E09;	ribulose biphosphate carboxylase oxygenase large subunit	P:photosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:photosynthesis; F:catalytic activity; P:cellular process; F:binding; C:plastid; P:metabolic process	EC4.1.1.39	Co.9; SP.9; SP.5;	0,33; 0,74; 1,00;
SCCCLR1066G06; SCCCLR1066F06;	ribulose phosphate 3 epimerase	P:carbohydrate metabolic process; F:catalytic activity	EC5.1.3.1	Co.9; Co.5;	0,12; -;
SCCST1005A11;	ricin agglutinin family protein	P:response to stress; P:translation; F:hydrolase activity	EC3.2.2.22	Co.9;	0,08;
SCEPAM1017D04; SCIFLR1074H02;	ricin truncated	P:response to stress; P:translation; F:hydrolase activity	EC3.2.2.22	Co.9; Co.9;	-
SCSGLR1045F12; SCSGLR1045F12;	rl11 ory.sj.ame full 60s ribosomal protein l11	C:ribosome; F:structural molecule activity; P:translation	-	SP.9; Co.9;	0,08; -;
SCVPLB1020F02;	ma binding protein rp120	F:hydrolase activity; C:intracellular; F:nucleic acid binding; P:metabolic process; P:cellular process	-	Co.5;	0,49;
SCCCRZ1004C09;	ma recognition motif containing protein	F:binding	-	Co.5;	0,17;
SCCCL3140H09;	root border cell specific protein	F:catalytic activity; F:nucleotide binding; P:photosynthetic process; P:cellular process; C:plastid; P:metabolic process	EC1.4.3.5	Co.9;	0,16;
SCCCLR2002D03; SCBGL4051D03;	ru large subunit binding protein subunit alpha	F:nucleotide binding; F:protein binding; P:protein metabolic process; P:cellular process; C:plastid	-	Co.9; Co.9;	0,31; -;
SCCCL3001F05; SCCCL3001F05; SCCCL3001E09.b;	ru large subunit binding protein subunit beta	F:nucleotide binding; F:protein binding; P:protein metabolic process; P:cellular process; C:plastid	-	SP.5; Co.9; Co.5;	0,03; 0,27; 0,85;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCIFRZ2009B04; SCIFRZ2009A06; SCIFRZ2009B04;	sadenosylmethionine 2 demethylmenaquinone methyltransferase like	Ccytoplasm; Pbiological process; Fenzyme regulator activity; Pmetabolic process; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Fprotein binding; Ftransferase activity	EC2.1.1.0	Co9; Co5; SP9;	0,12; 1,85; ;
SCQGSB1079H08; SCQGRT1039F06; SCSFHR1043G09; SCQGSB1079H08; SCSFHR1043G09; SCQGSB1079H08; SCSFHR1043G09; SCSFRL3090D03;	sadenosylmethionine synthetase	Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Pmetabolic process; Pcellular process; Fnucleotide binding; Fbinding; Ccytoplasm	EC2.5.1.6	SP5; Co5; SP5; Co9; Co9; SP9; SP9; Co5;	0,16; 2,45; ; ; ; ; ;
SCRLAD1099A05; SCUTLR1058B02; SCUTLR1058B02; SCUTLR1037G10; SCCCLR1001G06; SCCCLR1001G06; SCCCLR1001G06; SCUTLR1058B02; SCSGHR1071H12b; SCCCLR1001G05; SCFRFT3060F01; SCSGHR1071E06;	sadenosylmethionine synthetase 1	Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Pmetabolic process; Pcellular process; Fnucleotide binding; Fbinding; Ccytoplasm	EC2.5.1.6	SP5; Co9; SP9; Co5; Co9; SP5; SP9; SP5; SP5; Co5; Co5; Co5;	0,38; 0,60; 0,60; 0,84; 1,15; 1,7 7; 1,98; 2,51; ; ; ; ;
SCRULB1060B06;	sac3 gap family protein	-	-	Co9;	0,33;
SCCCLR1C03D07; SCCCLR1C03D07; SCCCLR1C03C10;	salt gene product	Fmannose binding; Capoplast; Fsugar binding; Cextracellular region	-	SP5; Co9; Co5;	0,19; 0,21; ;
SCVPL6042B11;	salt induced map kinase 1	Fkinase activity; Fsignal transducer activity; Pprotein modification process; Fnucleotide binding	EC2.7.11.24	Co9;	0,37;
SCILRZ1024A01; SCIFRT2057H03; SCILRZ1024H09; SCILRZ1024H09; SCILRZ1024H09; SCIFRT2055G07; SCVPL6043F08; SCVPL3040H07; SCIFRT2057H03; SCVPL3040H07; SCIFRT2057H03; SCVPL3040H07;	salt tolerance expressed	Presponse to stress; Presponse to abiotic stimulus	-	Co5; SP5; Co9; SP9; SP5; Co5; Co5; SP5; Co9; Co9; SP9; SP9;	0,19; 0,38; 0,54; 0,66; 0,71; 1,16; ; ; ; ; ;
SCRFLR1012E06; SCRFLR1012E06; SCRFLR1012C07;	sork1 maize ame full fructokinase 1 ame full 1	Fkinase activity; Pcarbohydrate metabolic process; Pcellular process; Ccytoplasm; Pmetabolic process; Fnucleotide binding	EC2.7.1.15; EC2.7.1.4	Co9; SP9; Co5;	0,15; 0,22; ;
SCILRT3077C07;	sec1 family transport protein sly1 like	Ptransport; Pcellular process	-	SP9;	0,09;
SCEPFL3089E10; SCRFLR1012H05; SCEPFL3082A08;	sec13 related protein	-	-	Co9; Co5; Co5;	0,09; 4,00; ;
SCQGLR1086B07;	selenium binding protein	Fbinding	-	Co9;	0,09;
SCUTFL1062H05; SCCCLR1C01G07;	serine carboxypeptidase precursor	Fhydrolase activity; Pprotein metabolic process; Pcatabolic process	EC3.4.16.0	Co5; Co5;	0,06; ;
SCAGLR2026H05; SCAGLR2033D10; SCAGLR2033D10; SCAGLR2033D10; SCCCLR1022E06; SCCCLR1022F10; SCCCLR1022F10; SCCCLR1022F10;	serine hydroxymethyltransferase	Fbinding; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Pmetabolic process; Pcellular process; Ftransferase activity; Cmitochondrion	EC2.1.1.0; EC2.1.2.1	Co5; Co9; SP9; SP5; Co5; Co9; SP9; SP5;	0,28; 0,49; 0,54; 0,84; 0,72; 4,30; 5,3 8,5; 46;
SCEZLB1005C02;	serine threonine protein kinase	Fnucleotide binding; Pprotein modification process; Fkinase activity	EC2.7.11.0	Co9;	0,05;
SCIFLR1017B03;	sex determination protein tasseseed 2	Pmetabolic process; Fcatalytic activity; Fbinding	-	Co9;	0,17;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenos 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCVPLB1017E07;	shikimate biosynthesis protein arode	Fnucleotide binding; Ccytoplasm; Fcatalytic activity; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process; Cplastid; Pmetabolic process	EC4.2.1.10; EC1.1.1.25	SP5;	0,09;
SCVPLR2012H07; SCVPLR2012H07; SCVPLR2012H07; SCVPLR2012F11; SCEZLR1052F04; SCBFST3134G03; SCBGAM1090F06; SCBGAM1090F06; SCEZRT2019C05; SCBGAM1090F06; SCEZRT2019C05;	soluble inorganic pyrophosphatase	Fhydrolase activity; Cmembrane; Ccytoplasm; Pmetabolic process; Pcellular process; Fbinding	EC3.6.1.1	SP5; Co9; SP9; Co5; Co5; Co5; SP5; Co9; Co9; SP9; SP9;	0,11; 0,12; 0,29; 1,11; 1,4 9; ; ; ; ; ;
SCEQLR1091F06;	sorbitol dehydrogenase	Fbinding; Fcatalytic activity; Pmetabolic process	-	SP9;	0,18;
SCEZLB1010A03;	spermidine synthase 1	Ftransferase activity; Pbiosynthetic process; Pcellular amino acid and derivative metabolic process	EC2.5.1.16	Co9;	0,22;
SCCQLR1024E09; SCCQLR1024E09; SCEPRZ1011A01; SCBFRT1064A07; SCCQLR1024E09; SCRFST3145G08; SCBFRT2016G05; SCBFSB1047C02; SCEPRZ1011A01; SCRFST3145G08; SCBFRT2016G05; SCEPRZ1010H07; SCCQLR1024E08;	stem specific protein expressed	-	-	SP5; Co9; SP9; Co5; SP9; SP5; Co9; Co9; Co9; Co9; SP9; Co5; Co5;	0,11; 0,21; 0,29; 0,44; 0,72; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCQRZ2001G01; SCCQRZ2002C02; SCCQRZ2002C02; SCCQLR1C07H11; SCCQRZ2001F09; SCCQRZ2001G01; SCCQRZ2002C02; SCCQRZ2001G01; SCCQRZ2002B03;	stem specific protein tsjt1	-	-	SP5; Co9; SP5; Co5; Co5; Co9; SP9; SP9; Co5;	0,17; 0,20; 0,31; 1,06; 1,1 4; ; ; ; ;
SCRLLR1059D05; SCCST2001C09; SCCQLR2001E08; SCBFLR1039E06; SCRLLR1038G11; SCCST2001C09; SCBFLR1039E06; SCCQLR2001E08; SCRLLR1059D05; SCBFLR1039E06; SCCST2001C09; SCCQLR2001E08; SCEPLR1030A02; SCRLLR1059D05; SCBFLR1039B12;	stress related protein	-	-	Co9; SP5; Co9; SP5; Co5; SP9; SP9; SP5; Co9; Co9; SP9; SP9; SP9; Co5;	0,05; 0,09; 0,13; 0,18; 0,55; 0,59; 0,82; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCSGHR1070B01; SCUTSD2025C12; SCSGHR1068G06.b; SCUTSD2025C12; SCUTRZ2022G04; SCSGHR1070B01;	stress responsive protein	-	-	SP5; SP5; Co5; SP9; Co5; SP9;	0,04; 0,08; 0,13; 0,15; ; ;
SCCQLR1024C11;	stromal 70 kda heat shock related protein	Pprotein metabolic process; Pcellular process; Fprotein binding; Fnucleotide binding; Presponse to stress	-	SP9;	0,26;
SCUTAM2088D10; SCSGST3118A01.b; SCCQRZ2001D09; SCCQRZ2001D09; SCCQRZ2001D09; SCCQRZ2001D06; SCUTAM2088D10; SCUTAM2088D10;	substrate binding domain containing expressed	Pmetabolic process; Pcellular process; Ccytoplasm; Fcatalytic activity; Fbinding	-	Co9; Co5; Co9; SP9; SP5; Co5; SP5; SP9;	0,01; 0,14; 2,20; 2,3 5,2; 4,0; 4,15; ; ;
SCRFHR1007E04; SCRFHR1007E04;	subtilisin like proteinase	Fprotein binding; Fhydrolase activity; Ccytoplasm; Pprotein metabolic process; Pcatabolic process; Pbiological_process	EC3.4.21.0	Co9; SP9;	0,25; 0,53;
SCRFLR1012B07; SCRFLR1012B07; SCRFLR1012B07; SCRFLR1012A08; SCIFRT2055B05;	succinate dehydrogenase flavoprotein precursor	Fnucleotide binding; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Pcatabolic process; Fcatalytic activity; Fmolecular_function	-	Co9; SP5; SP9; Co5; Co5;	0,39; 0,63; 0,69; ; ;
SCCCCL3002D03.b;	succinate semialdehyde dehydrogenase	Cmitochondrion; Fcatalytic activity; Pmetabolic process	EC1.2.1.0	SP9;	0,24;
SCCQLR1024D12; SCCQLR1024D10;	succinyl ligase beta chain	Fbinding; Pmetabolic process; Fnucleotide binding; Cmitochondrion; Fcatalytic activity	-	Co9; Co5;	0,26; ; ;
SCVPLR2012D11;	sucrose cleavage	-	-	SP9;	0,46;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCEZRZ3099D06; SCEZLR1052C03; SCEZLR1052C03; SCCCLB2004C08; SCEZLR1031E10; SCCCLR1001A05; SCCCLR1001A05; SCCCLR1001A05; SCEZRZ1017F07; SCEZLR1052C03;	sucrose synthase	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	EC2.4.1.13	Co.9; Co.9; SP.5; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; SP.9;	0,03; 0,15; 0,44; 0,74; 1,63; 1,9 1,2; 0,02; 4,5; ; ;
SCCCRZ1002G06; SCACSB1037G08; SCCCRZ1002G07; SCCCRZ1002G07; SCCCRZ1002G07; SCACSB1117F03; SCACSB1117F03; SCACSB1117F03;	sucrose synthase 2	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	EC2.4.1.13	Co.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.5; SP.5; Co.9; SP.9;	0,41; 0,69; 1,21; 1,8 6,3; 0,9; ; ; ;
SCIFRZ1007A10;	sucrose synthase 2 like	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	EC2.4.1.13	Co.5;	1,22;
SCEPCL6023F02; SCEPCL6023F02; SCEPCL6023F02; SCEPCL6020A07;	sucrose synthase expressed	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	EC2.4.1.13	SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,13; 0,17; 0,23; 0,40;
SCQGSB1140A11; SCQGAM2030C12; SCQGLB1038B02; SCQGSB1143D03; SCQGLB1038B02;	sucrose synthase metabolism	F:transferase activity; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process	EC2.4.1.13	Co.5; Co.5; Co.9; Co.9; SP.9;	0,41; ; ; ; ; ;
SCSFLR2031H06; SCSFRT2067F07;	sugar transporter type 2a	F:transporter activity; C:membrane; P:transport; P:cellular process	-	Co.5; SP.9;	0,13; 0,85;
SCCCLR1048A06; SCCCLR1048A06; SCCCLR1048A02;	super oxide dismutase	F:binding; C:mitochondrion; F:catalytic activity; P:metabolic process; P:cellular process	EC1.15.1.1	Co.9; SP.9; Co.5;	0,31; 0,51; ;
SCRLLR1038C12;	t complex protein 1 subunit alpha	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; F:nucleotide binding	-	Co.5;	0,57;
SCCCRZ1C01D04; SCCCRZ1C01A05; SCCCRZ1C01D04;	t complex protein 1 subunit beta	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.5; Co.9;	0,55; 0,75; 0,90;
SCIFRZ1007G12; SCCCLR2C03D05; SCEZAM1081C12; SCILAM1062A05; SCIFRZ1007B01; SCCCL3120C04; SCCCLR2C03D05; SCCCLR1024E10; SCCCLR2C03D05; SCEZAM1080D09; SCCCL3120C03.b; SCCCLR2C02F10; SCCCLR1024E11; SCIFRZ1007G12; SCCCL3120C04; SCCCLR1024E11; SCEZAM1081C12; SCILFL3012G11; SCCCL3120C04; SCCCLR1024E11; SCIFRZ1007G12;	superoxide dismutase 2	F:binding; C:cytoplasm; P:metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity	EC1.15.1.1	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; SP.5; Co.9; Co.5; SP.9; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; SP.9;	0,06; 0,09; 0,11; 0,11; 0,24; 0,26; 0,47; 0,89; 0,91; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;
SCCCLR1C06F07; SCCCLR1C06F07; SCILRZ1019B01;	t complex protein 1 subunit gamma	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; F:nucleotide binding	-	SP.9; Co.9; Co.9;	0,42; 0,47; ;
SCCCL3120F02; SCCCL3120E10;	t complex protein 1 subunit zeta	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; F:nucleotide binding	-	Co.9; Co.5;	0,28; ;
SCCCLR2004H11;	t complex protein 1 theta chain	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytoplasm; F:protein binding; F:nucleotide binding	-	Co.9;	0,26;
SCCCL3001B09.b; SCCCL3001C07; SCCCL3001C07; SCCCL3001C07;	tba3 horvua me full tubulin alpha 3 chain	C:cytoskeleton; P:cellular component organization; P:cellular process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:structural molecule activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding	-	Co.5; SP.5; Co.9; SP.9;	2,47; ; ; ;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µL)
SCBFLR1026D01; SCBFLR1026D01; SCBFLR1026D01; SCBFLR1026A06;	ttb2 ory; ame full tubulin beta 2 chain ame full beta 2 tubulin	Cmitochondrion; Ccytoskeleton; Pcellular component organization; Pcellular process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Fhydrolase activity; Fstructural molecule activity; Fnucleotide binding	-	SP5; Co9; SP9; Co5;	;-;-;-;
SCVPLR2027C10; SCVPLR2027C10; SCCCLR1066H04; SCCCLR1066H04; SCVPLR2019H10;	top 1 qpn60 chaperonin family protein	Pprotein metabolic process; Pcellular process; Ccytoplasm; Fprotein binding; Fnucleotide binding	-	SP5; Co9; SP5; Co9; Co5;	0,16;3,47;-;- ;-
SCVPRT2080B07; SCSGFL4118F01;	thaumatin like protein precursor	Ccytoplasm	-	Co9; Co5;	0,03;1,89;
SCCCRZ2C04F03; SCCCRZ2C04F03; SCCCRZ2C04D08;	thioredoxin dependent peroxidase	Pmetabolic process; Fcatalytic activity	EC1.11.1.7	SP9; SP5; Co5;	0,29; 0,46;1,55;
SCAGFL8013B02; SCIFLR1073B06; SCCCLR2001H09; SCAGFL3025H03; SCCCRZ2001B06; SCIFLR1073B06; SCCCLR2001H09; SCCCLR2001H09; SCIFLR1073B06; SCCCLR2001H05; SCAGFL8013B02; SCCCRZ2001C01; SCCCRZ2001C01; SCIFRZ1007H06; SCSGST3119A08; SCAGFL8013B02; SCCCRZ2001C01; SCIFLR1035H03;	thioredoxin h type	Pcellular homeostasis; Fmolecular_function; Fcatalytic activity; Pmetabolic process	-	Co9; Co9; Co9; Co5; Co5; SP5; SP5; SP9; SP9; Co5; SP5; SP5; Co9; Co9; Co9; SP9; SP9; Co5;	0,07;0,12; 0,15;0,22; 0,25;0,29; 0,31;0,37; 0,38;6,39;-;- ;-;-;-;-
SCEPAV1024H01;	thioredoxin like 1	Pcellular homeostasis; Fmolecular_function; Fcatalytic activity; Pmetabolic process	-	SP9;	0,13;
SCRFL8028D02;	thioredoxin like 1 chloroplastic like	Pcellular homeostasis; Fmolecular_function; Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Cplastid	-	Co9;	0,02;
SCEZRZ1014F10; SCEZRZ1014F10;	thioredoxin peroxidase 1	Fcatalytic activity; Pmetabolic process; Cplastid	-	Co9; SP5;	0,16;0,27;
SCQSAM1032A01;	thymidylate synthase like	-	-	Co5;	0,22;
SCCCCL3003A08.b; SCCCL3003A08.b; SCCCCL3003A08.b; SCCCL3002G07.b;	tktc maize ame full chloroplastic short tk	Fbinding; Ftransferase activity; Pmetabolic process; Cmembrane; Cthylakoid; Cplastid	EC2.2.1.1	SP9; SP5; Co9; Co5;	0,72;1,05;1,1 5;-;
SCRLLR1038A10; SCRLLR1038A10; SCCCLR1024A05; SCCCLR1024A05; SCCCLR1022H03; SCCCLR1024A05; SCRFL4108D12; SCRLLR1038A10;	transaldolase 2	Ccytoplasm; Ftransferase activity; Pcarbohydrate metabolic process; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Psecondary metabolic process	EC2.2.1.2	Co9; SP5; SP5; Co9; Co5; SP9; Co5; SP9;	0,02;0,04; 0,56; 0,93;1,35;1,4 3;-;-
SCCCCL3004C10.b; SCCCL3004C10.b;	transaminase transferring nitrogenous groups	Fbinding; Pbiosynthetic process; Ftransferase activity	EC2.6.1.0	SP9; SP5;	0,29;0,31;
SCILLR1054B02;	transcription factor apfi	Ftransferase activity; Cmitochondrion	-	Co5;	3,81;
SCAGLR2011E07;	transcription factor btf3	-	-	SP5;	0,12;
SCEZRZ3018F02;	transcription factor hbp 1b like	Cplastid	-	Co9;	0,03;
SCILRZ1027F05; SCIFAD1011F03; SCIFAD1012C08; SCIFAD1012C08;	translucind w40 repeat translation elongation factor 1	Cplastid Ftranslation factor activity, nucleic acid binding; Fnucleotide binding; Pnucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; Pcatabolic process; Ptranslation; Fhydrolase activity	- -	Co9; Co5; Co9; SP9;	0,55; -

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCEQLB1065A03; SCEQLB1065A03;	translational elongation factor ef	F:translation factor activity, nucleic acid binding; C:mitochondrion; P:translation; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.9;	0,08; 0,22;
SCCCLR1C01F03;	translational inhibitor protein	C:plastid	-	Co.9;	0,06;
SCCCLR1072G07; SCRFRL2038F04; SCCCLR1072G07; SCCCLR1072G07; SCCCLR1072F05; SCRFRT3057C02; SCRFRT3057C02;	translational initiation factor eif 4a	P:translation; F:hydrolase activity; F:nucleotide binding; F:translation factor activity, nucleic acid binding	-	Co.9; Co.5; SP.5; SP.9; Co.5; SP.5; SP.9;	1,02; 1,49; 2,0; 9,24; 7,93; -; -;
SCEZLR1031E10; SCEZLR1031E10; SCCCLR2001G09; SCEZLR1031B12; SCEZLR1031E10; SCCCLR2001G09; SCCCLR2001G09; SCCCLR2001G07;	translationally controlled tumor protein	C:cytoplasm	-	SP.9; Co.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5;	0,56; 0,63; 0,90; 1,69; -; -; -;
SCACAM2041D06;	transposon pong sub expressed	-	-	SP.9;	0,75;
SCRUFL1115G12; SCEQLR1092C05;	transposon protein	F:hydrolase activity	-	Co.9; Co.5;	0,01; 0,18;
SCEZLR1009F04;	triose phosphate phosphate non green precursor	P:transport; C:membrane; F:transporter activity	-	Co.9;	0,42;
SCRFRL2034G09; SCRFRL2034G09; SCRFRL2034G09; SCEPRZ1009B12; SCEPRZ1009B12; SCCCRT2002C02; SCRFRL2034C11; SCCCRZ1001B08; SCCCRZ1001B08; SCCCRZ1001B08; SCEPLR1051H12;	triose phosphate cytosolic	C:cytoplasm; P:biosynthetic process; P:carbohydrate metabolic process; P:cellular process; F:catalytic activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; P:generation of precursor metabolites and energy	EC5.3.1.1	SP.5; Co.9; SP.9; SP.5; SP.9; Co.5; Co.5; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5;	0,01; 0,04; 0,10; 0,16; 0,33; 0,42; 0,56; 0,70; 1,08; 1,28; -;
SCCCLR1048B08; SCCCLR1048A10;	triose phosphate isomerase	P:metabolic process; F:catalytic activity	EC5.3.1.1	Co.9; Co.5;	0,11; 0,44;
SCCCHR1004C10; SCCCHR1004C07; SCCCHR1004C10; SCCCHR1004C10;	tuba1b protein	P:protein metabolic process; P:cellular process; C:cytosol; P:cellular component organization; C:cytoskeleton; P:transport; F:protein binding; F:hydrolase activity; F:structural molecule activity; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.5; Co.9; SP.9;	0,67; -; -; -;
SCCCRT2001F02; SCCCLR1C07G05; SCCCLR1C07G05; SCCCLR1C07G05; SCCCRT2001F02; SCCCRT2001F02; SCCCLR1C07A06; SCCCRT1C05B09;	tubulin alpha 1 chain	C:cytoskeleton; P:cellular component organization; P:cellular process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:structural molecule activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.9; SP.9; SP.5; Co.9; SP.9; Co.5; Co.5;	0,06; 0,66; 1,65; 2,27; -; -; -;
SCCCLR1048E07; SCCCLR1048D07; SCCCRZ2002C09; SCCCLR1048E07; SCCCRZ2002C09; SCCCLR1048E07; SCCCRZ2002C09; SCCCRZ2002B03;	tubulin alpha 1 chain like	C:cytoskeleton; P:cellular component organization; P:cellular process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity; F:structural molecule activity; C:cytoplasm; F:nucleotide binding	-	SP.5; Co.5; SP.5; Co.9; Co.9; SP.9; SP.9; Co.5;	0,66; 8,94; -; -; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCRLR1110G08; SCRLR1110G08; SCRLR1110G08; SCRLR1110D08;	ubiquitin horvume full polyubiquitin contains ame full ubiquitin flags precursor	Cnucleus; Cytoplasm	-	SP9; SP5; Co9; Co5;	0,12; -; -;
SCILR1107C01; SCCCLR1001H04;	ubiquinol cytochrome c reductase complex 14 kda protein	Fcatalytic activity; Ftransporter activity; Pgeneration of precursor metabolites and energy; Cplastid; Cmitochondrion	EC1.10.2.2	Co9; SP5;	0,09; 0,13;
SCUTST3087D11;	ubiquinol cytochrome c reductase iron sulfur subunit	Fbinding; Cmembrane; Cmitochondrion; Fcatalytic activity; Ftransporter activity; Ptransport; Pgeneration of precursor metabolites and energy	EC1.10.2.2	Co9;	0,02;
SCSBST3098H11; SCSFAD1113C04; SCSFAD1113C04; SCSFAD1113C04; SCBFLR1026D07; SCBFLR1026D07; SCBFLR1026D01; SCBFLR1026D07;	ubiquitin	Cnucleus; Cytoplasm	-	Co5; SP5; Co9; SP9; SP5; Co9; Co5; SP9;	0,22; -; -; 0,19; 0,27; -;
SCQSLB1052H09; SCQSLB1051B07; SCILR1033H01.b; SCQSLB1052H09; SCILR1033G09; SCILR1033H01.b; SCQSLB1052H09; SCILR1033H01.b;	ubiquitin 11	Ccytoplasm; Pprotein metabolic process; Pcatabolic process; Pcellular process; Cnucleus; Pprotein modification process	-	Co9; Co5; Co9; SP9; Co5; SP5; SP5; SP9;	0,07; 0,19; 0,24; 0,57; -; -;
SCACSD1017D11; SCACST3160F03; SCACST3160F03; SCACST3160F03;	ubiquitin 2	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co5; SP5; Co9; SP9;	0,74; -; -;
SCBSBD2054A09; SCBSBD2058D04; SCBSBD2058D04; SCBSBD2058D04;	ubiquitin 40s ribosomal proteins 27a fusion	Cribosome; Fstructural molecule activity; Ptranslation	-	Co5; SP5; Co9; SP9;	-
SCCCLB1004H02; SCCCLB1004H02; SCCCLB1004H02; SCCCLB1004C08;	ubiquitin activating enzyme e1 expressed	Fnucleotide binding; Fcatalytic activity; Pprotein modification process	-	Co9; SP9; SP5; Co5;	1,00; 1,17; 1,4 8; -;
SCCCCL1002A05.b; SCCCL1001C10.b;	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 6	Pprotein metabolic process; Pcatabolic process; Pcellular process; Fhydrolase activity	EC3.1.2.15	SP9; Co5;	0,35; 2,03;
SCBGLR1002D03; SCCCRZ2C01F01; SCBGLR1002D06; SCACLR2014B04; SCCCLR1C06C11; SCACLR2014E12; SCCCLR1C07A06; SCCCRZ2C01F09;	ubiquitin conjugating enzyme	Fnucleotide binding; Fcatalytic activity	EC6.3.2.0	Co5; Co5; SP5; Co5; Co5; SP5; SP5; SP5;	0,29; 0,32; 0,36; 0,87; 2,02; -; -;
SCCCLR1C03B03; SCVPLR2012C10; SCVPLR2005F12; SCCCLR1C03A11;	ubiquitin conjugating enzyme e2	Pprotein modification process; Fnucleotide binding; Fcatalytic activity	EC6.3.2.19	SP5; SP5; Co5; Co5;	0,09; -; -;
SCCCLR2C02D12; SCBFRZ2048H03; SCCCLR2C02E10; SCQGLR1019D06; SCEQLB1063E01; SCEQLB1063E08;	ubiquitin conjugating enzyme e2 17kda	Fnucleotide binding; Fcatalytic activity	EC6.3.2.0	Co5; Co9; SP5; Co5; Co5; SP5;	0,16; 0,16; -; 0,25; 0,39; -;
SCBGLR1003B07; SCBGLR1003D06;	ubiquitin conjugating enzyme e2 17kda 9	Pprotein modification process; Fnucleotide binding; Fcatalytic activity	EC6.3.2.19	Co5; SP5;	0,27; -;
SCAGLR1021B05; SCAGLR1021D02;	ubiquitin conjugating enzyme e2 n	Pprotein modification process; Fnucleotide binding; Fcatalytic activity	EC6.3.2.19	Co5; SP5;	4,80; -;
SCCCRZ2C04H01; SCCCLR1065F10; SCCCLR1065F10; SCCCLR1065F02; SCCCRZ2C04H01; SCCCRZ2C04G04;	ubiquitin conjugating enzyme spm2	Fcatalytic activity	EC6.3.2.0	Co9; Co9; SP9; Co5; SP9; Co5;	0,02; 0,04; 0,11; 3,27; -;
SCEQRZ3093C12; SCEQRT3019A01; SCMCRT2107B01;	ubiquitin fold modifier 1 precursor	-	-	Co9; Co5; Co9;	0,06; 0,09; -;
SCCCCL3080C05.b; SCCCL3080C09; SCCCL3080C09; SCCCCL3080C09;	ubiquitin fusion protein	Cribosome; Fstructural molecule activity; Cnucleus; Ptranslation	-	Co5; SP5; Co9; SP9;	0,71; -; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(continuação)					
Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng (2µl)
SCAGCL6015C11;	uncharacterized protein LOC100381933 Zea mays	F:nucleotide binding; F:catalytic activity; P:protein modification process	-	Co5;	-
SCCCLR1048G09;	uncharacterized protein LOC100382685 Zea mays	-	-	SP9;	0,46;
SCCCLR2004H07;	uncharacterized protein LOC100383393 Zea mays	C:plastid	-	Co9;	0,08;
SCVPCL6040B03;	unknown protein	C:mitochondrion	-	SP9;	0,16;
SCEPRZ1010G06; SCEPRZ1010G06; SCEPRZ1010G06; SCCCRZ1002F06; SCCCRZ1002F06; SCCCRZ1002F06; SCILLR1011D09; SCCST2001A03; SCEQRT2099A07; SCEPRZ1010E07; SCCCRZ1002E05; SCILLR1011C10;	unknown Zea mays	P:carbohydrate metabolic process; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:catabolic process; P:secondary metabolic process; C:plastid; F:hydrolase activity	EC3.1.1.31	SP5; SP9; Co9; SP9; SP5; Co9; Co9; Co9; Co5; Co5; Co5; Co5;	0,22; 0,54; 1,12; 2,5 1,3; 0,7; 3,29; 0,05; 0,05; -; 0,87; 2,00; 2,0 8;
SCUTST3087F08;	uridylylate kinase	C:cytoplasm; F:kinase activity; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; P:biosynthetic process; F:nucleotide binding	EC2.7.4.3	Co5;	-
SCVPRZ2043A12; SCAGRT3050B06; SCVPRZ2039D07; SCVPRZ2043A12; SCCCRZ2001C01; SCBFAD1045H11; SCBFAD1045H11; SCCCLR1072E04; SCCCLR1072E04; SCCCLR1072E04; SCCCLR1072D02;	usp family protein	P:response to stress	-	Co9; Co5; Co5; SP9; Co5; Co9; SP9; SP5; SP9; Co9; Co5;	0,19; 0,27; 0,31; 0,41; -; -; 0,50; 0,57; 0,89; 1,47;
SCILRT2051F02; SCILRT2051F02; SCILRT2050C09; SCILRT2051F02;	utp glucose 1 phosphate uridylyltransferase like	F:transferase activity; P:metabolic process	EC2.7.7.0	Co9; SP9; Co5; SP5;	0,07; 0,09; -;
SCACLR2007H10; SCACLR2007H10;	va0dorys j ame full probable v type proton atpase subunit d short v atpase subunit d ame full vacu	P:transport; P:cellular process; C:membrane; F:transporter activity	-	Co9; SP9;	0,09; 0,40;
SCCCRZ2C04G04; SCVPRZ2039D07; SCVPRZ2039D07; SCCCRZ2C04F03; SCVPRZ2039D03; SCCCRZ2C04G04;	vacuolar atp synthase subunit c	F:hydrolase activity; F:transporter activity; P:transport; P:cellular process; C:membrane	EC3.6.3.0	SP5; SP5; Co9; Co5; Co5; Co9;	0,09; 0,23; 0,31; 0,47; -;
SCEPLB1044F03;	vacuolar atp synthase subunit d1	P:transport; P:cellular process; C:membrane; F:hydrolase activity; F:transporter activity	-	Co9;	0,14;
SCEPLB1042D04; SCCCLB1025B04; SCCCLB1025B04; SCCCLB1025B04; SCCCLB1024F05;	vacuolar atp synthase subunit e	P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:transporter activity; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; P:cellular process; C:membrane	-	SP9; SP5; Co9; SP9; Co5;	0,07; 0,16; 0,19; 0,26; -;
SCBGLR1082H03; SCBGLR1082H03; SCBGLR1082H03; SCBGLR1096B07; SCBGLR1082E09; SCBGLR1114E02; SCBGLR1114E02; SCEPSB1135E11; SCBGLR1114E02; SCEPSB1135E11;	vacuolar atp synthase subunit g	P:transport; C:membrane; C:vacuole; F:hydrolase activity; F:transporter activity	EC3.6.3.0	SP5; Co9; SP9; Co5; Co5; SP5; Co9; Co9; SP9; SP9;	0,23; 0,26; 0,28; -; -; -; -;
SCQGLR2032G10; SCQGRT1039F06; SCQGRT1039F06; SCQGRT1039F06; SCCCL1001C10.b; SCCCL1001C10.b; SCCCCL1001C10.b; SCCCAM2001F02; SCQSLR1089F07; SCQSLR1089G05;	vacuolar atpase b subunit	P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:transporter activity; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; P:cellular process; C:membrane	-	Co5; Co9; SP9; SP5; Co9; SP5; SP9; Co5; Co5; SP9;	0,09; 0,11; 0,17; 0,32; 1,01; 1,3 5,160; -; -;

Tabela 21 – Proteínas encontradas nos entrenós 5 e 9 das variedades Co 740 e SP 80-3280

(conclusão)

Acesso SUCEST	Proteína	GO	EC	Amostra	ng(2µL)
SCSGSB1008B01; SCSGST1070D06; SCCCLR1022D02; SCCCLR1022B11; SCSGST1070D06;	vacuolar atpase subunit h protein	P:transport; P:cellular process; F:binding; C:membrane; C:vacuole; F:hydrolase activity; F:transporter activity	-	Co.5; SP.5; SP.9; Co.5; SP.9;	0,06; 0,13; 0,46; 4,63; ;
SCCCRZ2C03E07;	vacuolar h pyrophosphatase	C:plasma membrane; F:hydrolase activity; F:transporter activity; C:cytoplasm; F:binding; P:transport	EC3.6.1.1	Co.9;	0,11;
SCCCCL3120A06;	vacuolar protein sorting associated protein 8 homolog	F:binding	-	Co.9;	0,03;
SCIFLR1074E01; SCIFLR1074G03; SCIFLR1074G03; SCIFLR1074G03; SCAGLR1043D04; SCAGLR1043D04; SCAGLR1043D04; SCAGLR1043C02; SCEZRT2019G09; SCEZRT2019G09;	vacuolar proton atpase	P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:transporter activity; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; P:cellular process; C:membrane	-	Co.5; Co.9; SP.5; SP.9; Co.9; SP.9; SP.5; Co.5; SP.5; Co.9;	0,23; 0,33; 0,46; 0,57; 0,86; 1,06; 1,6 0,170; ; ;
SCEPRZ3047D12; SCCCLR1024A11;	vamp protein sec22	-	-	SP.5; SP.5;	0,54; ;
SCBFLR1026E05; SCBFLR1026E05; SCBFLR1026E05;	vata maize ame full v type proton atpase catalytic subunit a short v atpase subunit a ame full va	P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:transporter activity; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; P:cellular process; C:membrane	-	Co.9; SP.5; SP.9;	0,22; 0,24; 0,65;
SCBFLR1026E04;	vata maize ame full v type proton atpase catalytic subunit a short v atpase subunit a ame full v atpase 69 kda subunit ame full vacuolar proton pump subunit alpha	P:transport; P:biosynthetic process; P:generation of precursor metabolites and energy; P:nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process; F:transporter activity; F:nucleotide binding; F:hydrolase activity; P:cellular process; C:membrane	-	Co.5;	0,45;
SCCCCL4009B07; SCCCL4007E12;	villin 2 like isoform 1	F:protein binding; P:cellular component organization; P:cellular process	-	Co.9; Co.5;	0,60; ;
SCCCLR1C04E01; SCCCLR1C04E01; SCCCLR1C04E01; SCCCLR1C04B07;	wheat adenosylhomocysteina se like protein	F:hydrolase activity; C:cytoplasm; P:metabolic process; P:cellular process	EC3.3.1.1	Co.9; SP.5; SP.9; Co.5;	5,02; 0,16; 0,86; ;
SCQGSB1082C10; SCCCRZ2C03E03; SCCCLR2C01H02; SCCCRZ2C03D05; SCQGSB1079H08; SCCCLR2C01H04; SCQGSB1082C10; SCCCLR2C01H04; SCCCRZ2C03E03;	wound stress protein precursor	C:cytoplasm	-	Co.9; SP.5; Co.5; Co.5; Co.5; SP.5; SP.5; Co.9; Co.9;	0,17; 0,38; 0,88; 1,49; ; ; ; ; ;
SCCCCL4012B03; SCCCL4012B03;	xaa pro aminopeptidase 1	F:binding; P:cellular process; P:protein metabolic process; P:catabolic process; F:hydrolase activity	EC3.4.11.0	Co.9; SP.9;	0,14; 0,43;
SCBFSD2035E11	zon14 protein	-	-	SP.9;	0,05;

C: componente celular; F: função molecular; P: processo biológico