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

Análise comparativa do proteoma e metaboloma de raízes de dois clones de *E. grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível a condições de estresse hídrico

Janaina de Santana Borges

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

**Piracicaba
2013**

Janaina de Santana Borges
Engenheira Florestal

Análise comparativa do proteoma e metaboloma de raízes de dois clones de *E. grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível a condições de estresse hídrico

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

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

**Piracicaba
2013**

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

Borges, Janaina de Santana

Análise comparativa do proteoma e metaboloma de raízes de dois clones de *E. grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível a condições de estresse hídrico / Janaina de Santana Borges.- - Piracicaba, 2013.
199 p: il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2013.

1. Eucalyptus 2. Proteômica 3. Metabolômica 4. Raiz 5. Estresse hídrico I. Título

CDD 634.9734
B732a

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

DEDICO

A Deus que sempre está ao meu lado e
aos meus pais, que tanto se preocupam
com meu bem estar e felicidade,
com muito carinho.

OFEREÇO

Ao meu esposo Ezio, meu cúmplice nas alegrias
e tristezas e ao meu filinho Heitor, meu maior companheiro
no desfecho de meu mestrado e que me dá razão de viver.

AGRADECIMENTOS

*“Agradecer é admitir que houve um minuto
em que se precisou de alguém.
Agradecer é reconhecer que o homem jamais
poderá lograr para si o dom de ser auto-suficiente.”
(Autor desconhecido)*

Os meus mais sinceros agradecimentos:

A Deus;

Ao meu querido Ezio, pela presença em minha vida há anos;

Ao meu amado filhinho Heitor;

Aos meus pais, Vera e Claudio, meus primeiros professores;

A todos os meus parentes;

Aos meus amigos e colegas que fazem minha vida mais feliz;

Ao meu orientador Carlos Alberto Labate pela amizade, orientação e abertura de portas para o desenvolvimento de meu mestrado;

A Fapesp pelo suporte financeiro;

A empresa Suzano Papel e Celulose por ceder o material genético utilizado em meu trabalho;

Aos membros da banca examinadora pelos prováveis comentários, sugestões e questionamentos que me farão amadurecer como pesquisadora;

Aos departamentos da ESALQ/USP e professores que me auxiliaram no desfecho deste trabalho;

A todos que me ensinaram algo, que me fizeram aprender e ter novos conhecimentos;

A todos os colegas de laboratório (Mônica, Felipinho, Ana Paula, Ana Paula “in vitro”, Fernando, Hana, Ivan, Juliana, Maria Juliana, Thaís, Mariana, Fabrício, Felipão, Andressa, David, Maria Carolina, Pedro, Lívia, Guadalupe, Letícia, Nathalia, Sônia, Thalita, Bénédicte, Sarína), pelo companheirismo, amizade, auxílios e ensinamentos. Em especial à Simone, Leonardo e Ilara, que contribuíram grandemente para que este trabalho fosse concluído.

Muitíssimo e muitíssimo obrigada a todos vocês!

***“Ontem experiência adquirida.
Amanhã lutas novas.
Hoje, porém, é a nossa hora de
fazer e de construir”.***

*(Trecho do poema do Espírito Emmanuel,
psicografado por Chico Xavier)*

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
LISTA DE FIGURAS	15
LISTA DE TABELAS	19
1 INTRODUÇÃO	21
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	25
2.1 Consequências do estresse hídrico em plantas	25
2.2 Proteômica e estresse hídrico em plantas.....	31
2.3 Metabólitos secundários.....	34
2.3.1 Grupos metabólitos secundários	35
2.3.2 Metabólitos secundários e estresse hídrico em plantas	37
3 OBJETIVOS	43
4 MATERIAL E MÉTODOS.....	45
4.1 Curva de retenção hídrica do substrato.....	45
4.2 Teste de protocolos de extração protéica.....	45
4.3 Material Vegetal	45
4.4 Histórico do material vegetal	47
4.5 Manutenção dos 40% da capacidade de campo do substrato	47
4.6 Avaliação do potencial hídrico foliar	48
4.7 Classificação dos genótipos em relação ao potencial hídrico foliar.....	50
4.8 Produção de cepa e clonagem.....	50
4.9 Plantio em vasos	52
4.10 Delineamento estatístico e croqui	53
4.11 Manutenção dos 30% e 100% da capacidade de campo do substrato	54
4.12 Seleção de um clone tolerante e um clone susceptível a condições de estresse hídrico	54
4.13 Uso do Infrared Gas Analyzer (IRGA)	55
4.14 Coleta de material vegetal para análises de proteômica e metabolômica.....	56
4.15 Extração protéica	56
4.16 Dessalinização de proteínas	57
4.17 Quantificação de proteínas.....	57
4.18 Gel SDS-PAGE	58
4.19 Digestão triptica	58
4.20 Purificação das amostras complexas	59
4.21 Separação dos peptídeos.....	59
4.22 Identificação das proteínas.....	59
4.23 Anotação das proteínas.....	60
4.24 Extração de metabólitos.....	61
4.25 Cromatografia líquida e espectrometria de massas	61
4.26 Identificação dos metabólitos e análise estatística dos dados	62
5 RESULTADOS E DISCUSSÕES	65
5.1 Curva de retenção hídrica	65
5.2 Teste protocolo para extração protéica	65
5.3 Classificação dos genótipos através do potencial hídrico foliar.....	67
5.4 Seleção dos dois clones contrastantes em relação ao déficit hídrico.....	70
5.5 Análises fisiológicas	73
5.6 Análise comparativa do proteoma de raízes	78

5.6.1 Análise comparativa das proteínas exclusivas, significativas e não significativas	88
5.6.2 Processos biológicos das proteínas significativas	90
5.7 Análise comparativa do metaboloma de raízes	95
5.7.1 Metabólitos comuns e exclusivos de cada análise comparativa	107
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS	109
REFERÊNCIAS	111
ANEXOS	125

RESUMO

Análise comparativa do proteoma e metaboloma de raízes de dois clones de *E. grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível a condições de estresse hídrico

A crescente demanda por produtos madeireiros no mercado nacional e internacional requer produção constante de madeira, sendo o gênero *Eucalyptus* uma alternativa para atender esta demanda. A seleção do local para plantio deste gênero requer estudos relacionados às características de adaptabilidade da espécie. Para regiões com déficit hídrico é necessária a seleção de uma espécie ou clone resistente a esta característica. Muitos autores mostram a potencialidade de produção do *Eucalyptus camaldulensis* e do híbrido *E. grandis* x *E. camaldulensis* para regiões áridas do Brasil, em relação a outras espécies de eucalipto. A adaptação de uma espécie a determinado ambiente, esta relacionada a muitas características genéticas que influenciam, por exemplo, o proteoma e o metaboloma desta espécie. As células de um organismo possuem o mesmo genoma, mas apresentam as mais variadas funções e morfologias, e isto está relacionado ao fato de existir diferenças no padrão de expressão de proteínas e metabólitos destas células. As áreas de proteômica e metabolômica auxiliam no entendimento de processos biológicos e fornecem um panorama sobre o estado das plantas em determinado momento e em resposta a determinadas condições/estresses ambientais. Assim o principal objetivo deste trabalho é realizar uma análise comparativa do proteoma e metaboloma de raízes de dois clones de *E. grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível ao déficit hídrico, após os indivíduos terem sido submetidos a diferentes regimes hídricos, sendo 100% da capacidade de campo utilizada nas plantas controle e 30% nas plantas tratamento. Os resultados gerados mostraram a existência de proteínas relacionadas ao estresse hídrico e a existência de metabólitos secundários diferencialmente expressos nas plantas controle e tratamento. Esta pesquisa possui um caráter inovador por ser um dos primeiros trabalhos relacionados à área de proteômica e metabolômica de raiz de eucalipto sob estresse hídrico. Novos estudos relacionados a esta área são bem vindos, podendo contribuir na identificação de genes tolerantes ao estresse hídrico e que poderão ser utilizados no futuro na engenharia genética de plantas.

Palavras-chave: *Eucalyptus*; Proteômica; Metabolômica; Raiz; Estresse hídrico

ABSTRACT

Comparative analysis of roots's proteome and metabolome, of two clones *E. grandis* x *E. camaldulensis* tolerant and susceptible under drought stress conditions

The increasing demand for wood products in the domestic and international markets requires constant wood production and the *Eucalyptus* genus is an alternative to meet this demand. The site selection for planting this genus requires studies related to characteristics of adaptability of the species to be used. For regions with drought stress, for example, a drought resistant clone or species must be selected. Many authors have shown the potential of *Eucalyptus camaldulensis* and hybrids of this species with *E. grandis* for production in arid regions of Brazil. The adaptation of a species to a particular environment may be related to many genetic features which have an impact, for example, on the proteome and metabolome of this species. The cells in an organism have the same genome, but exhibit the most varied functions and morphologies, which are related to differences in the expression pattern of proteins and metabolites of those cells. The areas of proteomics and metabolomics can assist in the understanding the biological processes and supply an overview about plants status at any given time and in response to certain conditions / environmental stresses. The aim of this work is to perform a comparative analysis of the roots's proteome and metabolome of two *E. grandis* x *E. camaldulensis* clones, one tolerant and another susceptible to drought, after the individuals have been subjected to different water regimes, 100% of field capacity for the control plants and 30% for the treated ones. The results showed the presence of proteins related to drought stress and the presence of secondary metabolites differentially expressed in the control when compared to treatment plants. This research has an innovative feature to be one of the first works involving proteomics and metabolomics studies of eucalyptus roots under water stress. New researches related to this field are welcome and may help to identify genes tolerant to drought stress that may be used in the future for genetic engineering plants.

Keywords: *Eucalyptus*; Proteomics; Metabolomics; Root; Drought stress

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Funções das proteínas funcionais e regulatórias atribuídas ao estresse hídrico. O primeiro grupo inclui as proteínas que provavelmente funcionam em relação à tolerância ao estresse (proteínas funcionais), e o segundo grupo contém fatores protéicos envolvidos na regulação da transdução de sinal e a expressão de genes que provavelmente funcionam em resposta ao estresse (proteínas reguladoras).....	33
Figura 2 - Rede regulatória da transdução de sinais relacionada ao estresse abiótico, assim como os genes envolvidos na resposta à tolerância ao estresse	33
Figura 3 - Plantas semeadas.....	46
Figura 4 - Croqui experimental	46
Figura 5 a - Coleta de substrato; b: Substrato disposto na placa de Petri; c: substratos em estufa a 105 ^o C.....	48
Figura 6 - Posicionamento das folhas coletadas para análise em psicrômetro	49
Figura 7 - Psicrômetro Wescor HR-33T	49
Figura 8 - Produção de cepas dos 88 genótipos obtidos via semente	51
Figura 9 - Cepa de <i>E. grandis</i> x <i>E. camaldulensis</i>	51
Figura 10 - Clonagem dos 30 genótipos selecionados.....	51
Figura 11 - Genótipos clonados e transplantados em vasos.....	52
Figura 12 - Croqui com 10 genótipos dispostos em blocos casualizados no esquema fatorial 10 x 2. (C= Controle)	53
Figura 13 - Infrared gas analyzer (IRGA)	55
Figura 14 - Curva de retenção hídrica do substrato	65
Figura 15 – Perfis eletroforéticos em gel de poliacrilamida das bandas de proteínas de folhas de <i>Eucalyptus spp</i> sem estresse hídrico extraídas via 4 protocolos.....	66
Figura 16 – Perfil eletroforético em gel de poliacrilamida das bandas de proteínas extraídas de amostras de folha, caule e raiz de <i>Eucalyptus spp.</i> , na ausência ou presença de stresse hídrico	66
Figura 17 - Potencial hídrico dos genótipos nos períodos da manhã e da tarde dos 88 genótipos. Correlação de Pearson apresentou $r = 0,44$	69

- Figura 18 - Comparação em altura (cm) dos clones tolerante (62) e susceptível (41) ao estresse hídrico. C = Plantas controle. Teste Tukey 5% significância .. 71
- Figura 19 - Visualização dos clones susceptível e tolerante ao estresse hídrico em 3 blocos (B1, B2 e B3), comparando-se a planta sob condições de estresse hídrico em relação à controle..... 72
- Figura 20 - Taxa fotossintética dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) 76
- Figura 21 - Concentração intercelular de CO_2 dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico ($\mu\text{mol CO}_2$) 76
- Figura 22 - Condutância à H_2O dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico ($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) 77
- Figura 23 - Taxa transpiração dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico ($\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) 77
- Figura 24 - Diagrama de Venn representando o total de proteínas (exclusivas, significativas e não significativas) de raiz clone susceptível (41)..... 88
- Figura 25 - Diagrama de Venn representando o total de proteínas (exclusivas, significativas e não significativas) de raiz clone tolerante (62)..... 89
- Figura 26 - Diagrama de Venn representando o total de proteínas (exclusivas, significativas e não significativas) de raiz clone tolerante (62)..... 89
- Figura 27 - Nível de expressão (%) das proteínas significativas e sua respectiva atividade biológica em cada condição de estudo: clone susceptível (41) controle e tratamento e clone tolerante (62) controle e tratamento..... 92
- Figura 28 – a = Processos biológicos, nível 3 desempenhados somente pelas plantas tratamento de ambos os clones; b = Função molecular, nível 2 e 3 desempenhado pelas plantas tratamento somente nos processos biológico “resposta ao estresse” e “resposta ao estímulo abiótico”; c = Componente celular, nível 3 desempenhado pelas plantas tratamento somente nos processos biológico “resposta ao estresse” e “resposta ao estímulo abiótico” 93
- Figura 29 - *Score-Plot* gerado a partir da análise de componentes principais, indicando diferenças no perfil metabólico das amostras. SC – clone 41 susceptível controle, ST – clone 41 susceptível tratamento, TC – clone 62 tolerante controle e TT – clone 62 tolerante tratamento..... 96
- Figura 30 - *Score-Plot* gerado a partir do OPLS-DA, indicando variação no perfil metabólico entre plantas controle e tratamento, do clone (41) susceptível. O eixo x ($t[1]P$) representa as variações entre os dois grupos (controle e tratamento) e o eixo y ($t[2]O$) representa variações ortogonais não correlacionadas. Os parâmetros estatísticos do modelo foram $R^2X > 0.52$ e

Q^2 cum > 0.98. A elipse tem 95% de confiabilidade pelo teste *Hotelling's T*²97

Figura 31 - *Scatter-Plot* indicando a contribuição de cada metabólito para separação dos grupos (controle e tratamento, clone 41 susceptível). Este gráfico está relacionado à Figura 30. Cada ponto representa um possível metabólito. O eixo y $p(\text{corr})[1]P$ representa a correlação dos possíveis metabólitos em relação ao componente preditivo. O eixo x $\text{coeffCS}[2]$ representa a magnitude, contribuição de cada variável98

Figura 32 - *Score-Plot* gerado a partir do OPLS-DA, indicando variação no perfil metabólico entre plantas controle e tratamento, do clone tolerante. O eixo x ($t[1]P$) representa as variações entre os dois grupos (controle e tratamento) e o eixo y ($t[2]O$) representa variações ortogonais não correlacionadas. a – Modelo estatisticamente não significativo $R^2X < 0.5$. b – modelo estatisticamente significativo $R^2X > 0.52$ e Q^2 cum > 0.98. A elipse tem 95% de confiabilidade pelo teste *Hotelling's T*² 100

Figura 33 - *Scatter-Plot* indicando a contribuição de cada metabólito para separação dos grupos (controle e tratamento). Este gráfico corresponde a Figura 32 b. Cada ponto representa um possível metabólito. O eixo y $p(\text{corr})[1]P$ representa a correlação dos possíveis metabólitos em relação ao componente preditivo. O eixo x $\text{coeffCS}[2]$ representa a magnitude, contribuição de cada variável 101

Figura 34 - *Score-Plot* gerado a partir do OPLS-DA, indicando variação no perfil metabólico entre plantas tratamento clones 41 e 62. O eixo x ($t[1]P$) representa as variações entre os dois grupos (41 tratamento e 62 tratamento) e o eixo y ($t[2]O$) representa variações ortogonais não correlacionadas. Modelo estatisticamente significativo $R^2X > 0.55$ e Q^2 cum > 0.98. A elipse tem 95% de confiabilidade pelo teste *Hotelling's T*² 102

Figura 35 - *Scatter-Plot* indicando a contribuição de cada metabólito para separação dos grupos (clone susceptível e controle). Este gráfico corresponde a Figura 34. Cada ponto representa um possível metabólito. O eixo y $p(\text{corr})[1]P$ representa a correlação dos possíveis metabólitos em relação ao componente preditivo. O eixo x $\text{coeffCS}[2]$ representa a magnitude, contribuição de cada variável 103

Figura 36 - Alinhamento das planilhas de análise comparativa e identificação dos metabólitos por cores (mesma cor, corresponde ao mesmo metabólito) . 106

Figura 37 – Metabólitos comuns e exclusivos de cada análise comparativa. SC = susceptível controle; ST = susceptível tratamento; TC = tolerante controle; TT = tolerante tratamento. Oliveros (2007)..... 107

LISTA DE TABELAS

Tabela 1a - Estresse hídrico implica em aumento na concentração de vários metabólitos secundários em plantas: fenóis e terpenos	39
Tabela 1b - Estresse hídrico implica em aumento na concentração de vários metabólitos secundários em plantas: produtos secundários em plantas contendo nitrogênio	40
Tabela 2 - Total de mudas produzidas após clonagem dos 30 genótipos.....	52
Tabela 3 - Classificação dos genótipos considerando-se os potenciais hídricos (Ψ) obtidos no período da manhã e no período da tarde	67
Tabela 4 - Altura (cm) dos clones selecionados, nos diferentes tratamentos e blocos	71
Tabela 5 – Análise comparativa do proteoma de raiz do clone susceptível (41) tratamento e controle.....	80
Tabela 6 – Análise comparativa do proteoma de raiz do clone tolerante (62) tratamento e controle.....	82
Tabela 7 – Análise comparativa do proteoma de raiz do clone susceptível (41) tratamento e clone tolerante (62) tratamento.....	85
Tabela 8 - Metabólitos diferencialmente expressos entre plantas controle e tratamento do clone (41) susceptível ao estresse hídrico	98
Tabela 9 - Metabólitos diferencialmente abundantes entre plantas controle e tratamento do clone (62) tolerante.....	101
Tabela 10 - Metabólitos diferencialmente abundantes entre os clones susceptível e tolerante, considerando as amostras com déficit hídrico	103
Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico	127
Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico	154

1 INTRODUÇÃO

A crescente demanda por produtos madeireiros no mercado consumidor nacional e internacional requer a produção legal e constante de madeira, de forma que áreas florestais nativas sejam preservadas e a necessidade do consumidor suprida. O gênero *Eucalyptus* é uma alternativa viável para atender a esta demanda, pois apresenta rápido retorno e alta produtividade com custos reduzidos (VELLINI, 2007).

Há uma preocupação com a escolha da espécie de eucalipto a ser utilizada em regiões que apresentam déficit hídrico no Brasil. Para estas regiões deve-se selecionar uma espécie ou clone tolerante a esta característica.

Para plantios na região semi-árida do Brasil, Pires e Ferreira (1982) recomendaram espécies de *Eucalyptus* do subgênero *Symphyomyrthus*, como o *Eucalyptus alba*, *E. brassiana*, *E. camaldulensis*, *E. exserta* e *E. crebra*. Drumond (1992), em análise comparativa entre 23 espécies de *Eucalyptus* introduzidas em diferentes regiões do Nordeste do Brasil, confirmou o potencial do *E. camaldulensis* sobre as demais, com produtividade média de 10 m³/ha/ano (DRUMOND et. al., 2003).

Segundo Drumond et. al., (2003), a potencialidade do *Eucalyptus camaldulensis* e de outras espécies para a região nordeste do Brasil estão descritas em Souza e Carvalho (1984), Lima e Pires (1985), Pires et al. (1985a, 1985b, 1985c), Souza et al. (1985), Lima e Oliveira (1997), Oliveira e Lima (1990). Dentro desse contexto, o uso de clones híbridos entre *E. grandis* x *E. camaldulensis* tem sido uma alternativa para associar as boas qualidades da madeira de *E. grandis* para a produção de polpa de celulose com a rusticidade do *E. camaldulensis*, favorecendo a expansão dos plantios comerciais em áreas marginais.

A deficiência hídrica, no solo e na atmosfera, juntamente com alta temperatura e radiação tem sido citada como uma das principais restrições à sobrevivência e produtividade agrônômica e florestal (FLEXAS et al., 2002). Então, o entendimento dos efeitos da deficiência hídrica nas plantas é vital para a melhoria de práticas de manejo e melhoramento agrícola e florestal (CHAVES et al., 2003).

Para Nepomuceno et al. (2001), o déficit hídrico, como fator limitante da produção vegetal, ocupa posição de destaque, pois além de afetar as relações

hídricas nas plantas, alterando-lhes o metabolismo, é fenômeno que ocorre em grandes extensões de áreas cultiváveis. A disponibilidade de água afeta o crescimento das plantas por causa da interação entre abertura estomática e produção de matéria seca. O fechamento de estômatos bloqueia o influxo de CO₂ para as folhas afetando o acúmulo de fotoassimilados. A falta de fotoassimilados influencia, indiretamente, a absorção de nutrientes a qual, em sua grande maioria, depende da incorporação ativa. O fechamento estomático com seus efeitos colaterais, apesar de equilibrar o balanço hídrico, afeta diretamente a produção (TAIZ e ZEIGER, 2004).

Segundo Silva et al. (2007), os estudos de sequenciamento de genoma, iniciados nos anos 90, desenvolveram-se rapidamente e atualmente encontram-se disponíveis as sequências de genes de organismos inteiros, como plantas, animais e até mesmo o genoma humano. Esta rápida e crescente disponibilização de dados genômicos despertou grande interesse científico, porém, o conhecimento acumulado com os sequenciamentos de genomas em diferentes organismos demonstra que é preciso caminhar mais adiante. Na era pós-genômica fica evidente que apenas com sequências completas de nucleotídeos de DNA não é possível elucidar muitos dos processos biológicos (PANDEY e MANN, 2000). Adicionalmente às informações obtidas pela análise do genoma é preciso ter conhecimento, por exemplo, sobre quais proteínas estão realmente sendo expressas, quando e em quais níveis esta expressão ocorre e sobre as eventuais modificações pós-transcricionais. O fato de as células de um organismo terem o mesmo genoma, mas apresentarem as mais variadas funções e morfologias, fruto de diferentes composições de proteínas expressas, ilustra a importância de estudar não só a sequência dos genes, mas também a sua expressão para podermos compreender as suas funções biológicas. Desta forma, em paralelo a esta disponibilização de dados genômicos, foram desenvolvidas outras técnicas para o estudo do genoma funcional, como a análise dos transcritos (análise transcriptômica) e mais tarde a análise do conjunto de proteínas expressas a partir do genoma (análise proteômica) e ainda a análise do conjunto de metabolitos (metabolômica) (CANOVAS et al., 2004).

O genoma é o conjunto de genes de uma espécie, ou seja, todo o conjunto de moléculas de DNA que essa carrega em suas células (DELOUKAS et al., 1998). A sequência de nucleotídeos destes genes determina a informação genética, que precisa ser transcrita para um RNAm e traduzida em proteínas que irão realmente

desempenhar as funções celulares que mantém os organismos vivos (HAHN, 1998 e BAN et al., 1999).

Todas as proteínas resultam da expressão gênica em uma célula, isto é, o processo de transcrição do gene que produz uma molécula de RNA mensageiro e o processo de tradução da informação genética contida na sequência de nucleotídeos deste RNA em uma sequência de aminoácidos irá constituir a proteína (BAN et al., 1999, citado por SILVA, et.al. (2007)).

Já o termo “proteoma” surgiu em 1994, para designar o conjunto de proteínas expresso pelo genoma de uma célula, em um determinado ambiente (WILKINS et al., 1995). Atualmente, proteômica é o intervalo entre a sequência do genoma e o comportamento celular, o que permite afirmar ser uma importante ferramenta biológica para a determinação da função gênica (FIALHO, et.al, 2008).

Segundo Silva et.al. (2007), o proteoma de um organismo reflete o conjunto de proteínas expressas por este em determinada situação e, ao contrário do genoma, não é estático e pode se modificar dependendo das condições e estímulos a que este organismo está exposto. Sendo assim, o proteoma reflete a expressão das moléculas que influenciam, mais diretamente, a bioquímica e o funcionamento celular.

A proteômica inclui não somente a identificação e quantificação de proteínas, mas também a determinação da sua localização, modificações, interações, atividades e funções. Uma única proteína pode estar envolvida em mais de um processo e, inversamente, funções similares podem ser executadas por diferentes proteínas. Todas essas possibilidades fazem com que o proteoma apresente uma maior complexidade comparada ao genoma e, de maneira geral, pode-se afirmar que um genoma pode apresentar muitos proteomas. (FIALHO, et.al, 2008), pois o mesmo tipo de célula pode apresentar diferentes proteomas em respostas à ação de drogas, infecções por patógenos, poluição e diferentes tipos de estresse abiótico (SILVA et.al. 2007).

Os dados gerados por análise proteômica permitem alcançar diferentes objetivos, como: I – Esclarecimento de quais proteínas estão envolvidas em rotas metabólicas relacionadas aos diferentes processos celulares. II – Identificação de novos alvos farmacológicos e marcadores biológicos relacionados ao processo de estabelecimento e progressão de doenças. III - Identificação de moléculas bioativas

a partir de extratos biológicos naturais, levando ao desenvolvimento de novos fármacos. IV - Caracterização das respostas celulares a determinadas drogas, doenças e mudanças ambientais (SILVA, et.al. 2007).

A crescente geração de dados genômicos e o progresso tecnológico no estudo de proteínas fizeram com que a análise proteômica se tornasse uma poderosa ferramenta para estudos sobre a fisiologia e a genética de vários organismos vivos, inclusive as plantas (ROSSIGNOL et al., 2006). Sendo que existem vários trabalhos relacionados à proteômica, inclusive os que caracterizam o proteoma de plantas em resposta ao estresse (NESATYY e SUTER, 2007), como por exemplo, no trabalho de Valdés et al. (2013), que estudou a aquisição de tolerância a seca em *E. globulus*, estudando sua morfologia, fisiologia e proteômica.

Já no caso de metabolômica, é possível observar alguns trabalhos com eucalipto como em Warren et al. (2012), no entanto, em quantidade inferior aos encontrados em trabalhos de proteômica.

Conforme citado por Warren et al. (2012) em relação a importância dos metabólitos, solutos orgânicos acumulados no citosol podem conter concentrações de íons inorgânicos nos vacúolos, contribuindo assim para o equilíbrio osmótico entre os compartimentos, e turgor geral da planta. Reduções no potencial osmótico tem sido mostrado em muitos gêneros e espécies. Estas reduções podem ser atribuídas à acumulação ativa de solutos (ajuste osmótico), a um grande número de componentes individuais (por ex., prolina e betaine) ou a classes de componentes (aminoácidos, polyols cíclico e acíclico, componentes quartenário de amônio) (CHAVES et al., 2003; SHAO et al., 2009). No exemplo do aminoácido prolina, este pode dobrar mais de 100 vezes sua concentração em resposta ao estresse hídrico (HSIAO 1973) e pode permitir a tolerância ao estresse não somente por ajustes osmóticos, mas também por proteger membranas e proteínas e/ou por efeitos no metabolismo (HARE et al. 1998).

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Consequências do estresse hídrico em plantas

A busca por maior produtividade no setor florestal tem demandado a procura por materiais genéticos mais produtivos e adaptados às diferentes condições ambientais. Frequentemente, as plantas se encontram sob condições desfavoráveis ao seu desenvolvimento (CAMBRAIA, 2005), sendo que a intensidade e os efeitos prejudiciais às mesmas dependerão da duração (FLEXAS et al., 1999) e da severidade dessas condições (FLEXAS et al., 2002), do estágio de desenvolvimento e do genótipo utilizado (TARDIEU e SIMONNEAU, 1998), entre outros fatores.

Segundo Vellini et al. (2008), dos fatores ambientais que podem ocasionar estresse em uma planta tais como radiação solar, disponibilidade hídrica e temperatura (SOUZA et al., 2006), a água é o mais limitante para a sustentabilidade dos sistemas agrícolas (PAIVA et al., 2005), pois afeta as relações hídricas, alterando o metabolismo nas plantas, causando grandes perdas em produtividade (NOGUEIRA et al., 2001). Segundo Flexas et al. (2002), o estresse hídrico é a principal causa de perdas na produtividade agrônômica e florestal.

Ainda segundo Vellini et al. (2008), como resposta à deficiência hídrica, as plantas passam por mudanças fundamentais na relação da célula com a água e nos seus processos fisiológicos (PIMENTEL, 2005) e morfológicos (REIS et al., 1988; CHAVES et al., 2004), influenciando a sua capacidade de tolerar as condições adversas do meio. Por conseguinte, há restrição ao acúmulo de massa (SILVA, 1998), prejudicando tanto o crescimento inicial das plantas, como os estádios mais tardios. Fatores que limitam a dimensão das folhas individuais, o número de folhas, o número e taxas de crescimento dos ramos e o crescimento do caule (OSÓRIO et al., 1998).

O estresse hídrico por escassez de água ocorre quando a baixa disponibilidade de água afeta os processos fisiológicos (SILVA, 1998) como, transpiração, fotossíntese, abertura estomática (FLEXAS et al., 2002; CHAVES et al., 2003; WRIGHT et al., 2004), produção de ácido abscísico (TAYLOR et al., 2000; SEKI et al., 2007) e ajuste osmótico (BRAY, 1997; CALLISTER et al., 2006).

Osório et al. (1998a) estudaram os efeitos do déficit hídrico na discriminação do ^{13}C e eficiência de transpiração em clones de *Eucalyptus globulus*. Neste trabalho foram utilizados três clones e três regimes de água, sendo um bem irrigado, um com déficit hídrico moderado e outro com déficit hídrico severo. A eficiência de transpiração (matéria seca total / água transpirada) e de trocas gasosas foliares (taxa de assimilação de carbono / condutância estomática) aumentaram sob condições de estresse hídrico e se mostraram positivamente correlacionadas à composição do tecido foliar do isótopo de carbono estável (^{13}C). A eficiência de transpiração não variou em relação aos tratamentos de déficit hídrico moderado e severo, provavelmente devido à aclimação das plantas ao aumento do déficit de água no solo. A eficiência da transpiração no solo deficiente em água estava associada ao fechamento dos estômatos, mas também foi influenciada pelas diferenças nas perdas de carbono respiratório e pela variação da diferença de vapor de água da folha para o ar. A oscilação na perda de carbono respiratório e diferença de vapor de água da folha para o ar deve explicar porque os dois níveis de deficiência de água no solo foram diferentes em relação aos isótopos estáveis de carbono na composição do tecido foliar, mas não em termos da eficiência de transpiração.

Osório et al. (1998b) estudaram três clones de *Eucalyptus globulus* Labill. em condições de irrigação satisfatória e dois regimes de deficiência hídrica (severa e drástica). A redução da área foliar e da produção de folhas foram características encontradas nos regimes de deficiência hídrica, sendo a redução mais intensa no material submetido a uma redução drástica de água.

De acordo com Nogueira et al. (2005), o efeito da deficiência hídrica sobre as plantas é complexo, não havendo um mecanismo universal de tolerância à seca, pois as plantas respondem por meio de vários processos adaptativos à escassez de água como, por exemplo, através da capacidade de reduzir o potencial hídrico, aliada a adaptações morfológicas, anatômicas e fisiológicas. Ainda, segundo esses autores, embora esses processos de tolerância à seca sejam avaliados, muitas vezes isoladamente, as espécies utilizam mecanismos associados para sua sobrevivência em condições desfavoráveis de disponibilidade de água.

No trabalho de Costa e Silva et al. (2003), é possível observar que a condutância hidráulica das raízes e de folha-específica diminuíram conforme o estresse hídrico se tornou mais intenso. No mesmo trabalho foram avaliados os

mecanismos de tolerância à seca em um clone resistente e um clone susceptível de *Eucalyptus globulus* Labill, com ênfase nas características fisiológicas, biológicas e morfológicas de mudas, em especial no desenvolvimento radicular. As alterações nas características das plantas foram mais severas no clone susceptível à seca. Ainda durante este experimento, o clone tolerante manteve sua turgescência nas folhas, manteve o desenvolvimento de novas folhas e raízes e apresentou uma boa alocação de carbono para o sistema radicular e menor razão de área específica entre folha/raiz, quando comparado ao clone susceptível.

Muitas plantas podem se aclimatar à falta de água através de ajustamento osmótico, o que possibilita a manutenção da turgescência celular e, conseqüentemente, o crescimento em baixos potenciais de água nas folhas (NOGUEIRA et al., 2001; ARRIEL, 2004; CARVALHO, 2005). Assim, a identificação e a compreensão dos mecanismos de resistência à seca são fundamentais no desenvolvimento de cultivares comerciais mais tolerantes ao estresse hídrico (NEPOMUCENO et al., 2001).

Shvaleva et al. (2005) compararam respostas metabólicas de folhas e raízes de dois clones de *Eucalyptus globulus* Labill. que diferiram entre si com relação a sensibilidade à água. Observou-se diminuição do potencial osmótico da planta conforme o estresse hídrico se tornou mais severo. Ambos os clones apresentaram uma maior diminuição do potencial osmótico em raízes do que em folhas. Foi constatado que as raízes de ambos os clones apresentaram aumento significativo da atividade da enzima redutase da glutatona (EC 1.8.1.7) em resposta à deficiência hídrica sugerindo que esta enzima possui um papel importante na proteção das raízes durante o estresse hídrico, por catalisar o catabolismo de espécies reativas de oxigênio. Dessa forma, os autores concluíram que o clone resistente possui mecanismos evasivos de estresses que confere sua menor sensibilidade ao déficit hídrico quando comparado ao clone susceptível.

As respostas de plantas juvenis de culturas florestais ao estresse hídrico são chaves para a sobrevivência de populações florestais. No trabalho de Granada et al. (2010), um sistema experimental foi desenvolvido para estudar os mecanismos precoces de tolerância à seca e a sinalização desses, em um clone de *Eucalyptus globulus* Labill.. Um sistema hidropônico e um agente osmótico, poliethilenoglicol 8000, foram utilizados neste experimento para induzir uma condição de estresse

severo nas raízes das plantas, que afetou a parte aérea das mesmas. As respostas foram obtidas rapidamente. Após três horas do início da indução do estresse, os primeiros sinais químicos apareceram, como resultados do papel do ABA (ácido abscísico) xilemático e mudanças em outros sinais como pH e citocininas.

A cultura do *Eucalyptus* encontra-se espalhada por quase todo o território nacional, sendo que grande parte da área de cultivo, apresenta limitações ao desenvolvimento das plantas como diversos níveis de estresse hídrico. Desta forma é difícil a escolha de indivíduos adaptados, tornando-se necessário identificar-se os materiais mais promissores para cada situação (STAPE et al., 2004). A identificação destes materiais pode se dar por meio da análise de características fisiológicas adequadas à seleção, que beneficiam o melhoramento genético (NOGUEIRA et al., 2001) e buscam equilíbrio entre os caracteres que otimizam o crescimento com aqueles que conferem maior resistência à seca (PITA et al., 2005).

Conforme Siddiqui et al. (2008), o eucalipto pode resistir a períodos de déficit hídrico no solo e, por possuir um profundo sistema radicular que se adapta à falta de água, normalmente sofre com situações de estresse não-letais (OSORIO et al., 1998). No entanto, a seca inibe o crescimento de maneira severa. Água e estado nutricional influenciam fortemente o crescimento (massa seca das plantas e taxa de assimilação) e fisiologia (fotossíntese) de espécies de *Eucalyptus* (WHITEHEAD e BEADLE, 2004).

Ainda segundo Siddiqui et al. (2008), a tolerância ao estresse hídrico é afetada pela aplicação de fertilizantes. O potencial hídrico do solo produz diferentes atributos fisiológicos de acordo com a disponibilidade de água e nutrientes. A fertilização com fósforo em plantas bem irrigadas leva à diminuição do potencial osmótico das mesmas. No entanto, em condições de deficiência hídrica, as plantas não fertilizadas apresentaram ajustamento osmótico, enquanto as plantas fertilizadas com fósforo não apresentaram. O ajustamento osmótico confere tolerância ao estresse hídrico e melhora a capacidade de crescimento em solos com fertilidade adequada e com alta capacidade de armazenamento de água. A fertilização produz mudanças nas relações da água (e, presumivelmente, a tolerância à seca) que se estendem por pelo menos um ano, sendo que a adubação com fósforo pode aumentar a susceptibilidade de plantas jovens de *E. camaldulensis* à seca.

Segundo Costa e Silva et al. (2004), as respostas da planta ao estresse hídrico envolvem alterações morfológicas e bioquímicas que levam primeiramente à

aclimação da planta. Posteriormente, com o estresse hídrico tornando-se mais grave, ocorre a lesão funcional e a perda de tecidos da planta (CHAVES et al., 2003). Durante a fase de aclimação, o estresse hídrico geralmente resulta em taxas de crescimento mais lentas devido à inibição da expansão celular e reduzida assimilação de carbono (OSÓRIO et al. 1998a, 1998b). O desenvolvimento da parte aérea da planta pode ficar restrito, por mudanças na partição de carbono que favorecem o desenvolvimento do sistema radicular (SHARP e DAVIES, 1979), principalmente porque o crescimento radicular é tão afetado pela seca como o crescimento da parte aérea (SHARP 1990, HSIAO e XU 2000). Uma mudança no equilíbrio entre a superfície foliar (altamente sensível à seca) e superfície radicular (menos sensível à seca) tem vantagens óbvias para a sobrevivência, pois permite a economia de água em relação ao potencial de captação de água. O balanço hídrico também depende da capacidade de transporte de água das raízes às folhas. À medida que o estresse hídrico aumenta severamente, a sobrevivência da planta vai depender da manutenção da integridade do xilema, como sistema de condução hidráulica (SPERRY et al. 2002). A condutância específica da raiz e da folha é geralmente mais baixa nas espécies adaptadas à seca do que em espécies exigentes em água (NARDINI et al. 1999).

Segundo Costa e Silva et al. (2004), a resposta das plantas à seca depende muito do equilíbrio entre a raiz e a parte aérea. Para que a planta se adapte ao estresse hídrico e sobreviva à seca, as raízes têm que manter um nível mínimo de água para ser transportada ao longo do xilema, e as células da raiz tem que suportar algum estresse hídrico e crescer em solo inexplorado para absorver água.

Costa e Silva et al. (2007) analisaram o efeito do frio no desenvolvimento e propriedades hidráulicas da planta em clones de *Eucalyptus globulus* Labill. tolerantes e susceptíveis ao déficit hídrico. O frio (10/5°C, dia/noite) levou à diminuição do desenvolvimento geral das plantas de ambos os clones e reduções significativas da condutividade hidráulica das raízes, da taxa fotossintética e condutância estomática em comparação às plantas que se desenvolveram em temperatura controle (24/16°C). Neste caso, o clone resistente manteve o desenvolvimento de raiz e uma menor razão de área foliar/raiz que o clone susceptível em ambos os tratamentos de temperatura. Ainda neste estudo, o clone susceptível exibiu uma maior partição de carbono para as folhas e maior

condutância hidráulica que o clone resistente, em ambos os tratamentos de temperatura. Observou-se também, que ambos os clones quando submetidos à baixa temperatura mantiveram uma alta condutividade hidráulica em relação às plantas controles expostas a baixas temperaturas sem aclimação. Sob o frio, a principal diferença entre os clones resistente e susceptível foi o maior status de água e concentração de antocianina nas plantas resistentes e a forte inibição do desenvolvimento de raiz nas plantas sensíveis ao déficit hídrico. Exceto para as raízes, a hipótese de menor depressão de taxa de crescimento em clone tolerante à seca, sob baixas temperaturas, não foi verificado pelos autores.

Conforme Lima et.al. (2003), o crescimento e desenvolvimento de árvores em locais que apresentam períodos de deficit hídrico depende da capacidade dos estômatos em controlar a perda de água, mantendo o crescimento. A taxa de transpiração pode ser mantida até que uma quantidade crítica de umidade do solo seja atingida (DUNIN e ASTON, 1984). Alguns estudos sugerem uma relação linear da diminuição da transpiração com a diminuição da água no solo (GOLLAN et al., 1985). Quando o potencial hídrico da folha diminui, a abertura estomática diminui, reduzindo a transpiração e permitindo que o potencial hídrico foliar se recupere. O potencial hídrico foliar por si só pode não ser o transdutor de resposta do estômato ao estresse hídrico (GOLLAN et al, 1985;. HINCKLEY et al., 1991) mas, em geral, há um intervalo de potencial hídrico da folha sobre a qual permanece a condutância estomática inalterada. Quando um determinado valor limite de potencial de água da folha é atingido, a fotossíntese diminui. Há um aumento da concentração de CO₂ e os estômatos se fecham até que a condutância estomática se aproxime de zero (SCHULTE et al, 1987;. WANG et al, 1988;. DE LUCIA e HECKATHORN, 1989).

De acordo com Arndt et.al. (2008) e IPCC (2007), a maioria dos cenários das alterações climáticas apontam para um aumento da aridez em muitas áreas do globo terrestre, tornando os estudos de respostas das plantas ao estresse hídrico cada vez mais importantes. As plantas superiores desenvolveram uma série de mecanismos para se adaptar ao déficit de umidade do solo (LEVITT, 1972), sendo as estratégias de tolerância uma das mais importantes. Espécies perenes, tais como árvores e arbustos podem evitar a seca, maximizando a absorção de água por exemplo pela procura permanente de fontes de água através de raízes profundas ou minimizando perda de água do tecido com o fechamento dos estômatos por exemplo.

Conforme Wang, et al. (2003), as estratégias de sobrevivência em resposta ao déficit hídrico na fase inicial de crescimento das plântulas têm sido extensivamente estudadas (BACHELARD, 1986; WANG et al, 1988; MYERS e LANDSBERG, 1989; LEMCOFF et al, 1994; ANDERSON et al, 1996; LI, 1998). Algumas das respostas adaptativas de alterações fisiológicas e morfológicas ao déficit hídrico são mudanças na estrutura da planta, taxa de crescimento, eficiência do uso da água, potencial osmótico dos tecidos e condutância dos estômatos (JONES, 1992). Por outro lado, os hormônios das plantas, por exemplo, ácido abscísico (ABA), também são considerados importantes na tolerância à seca (ZHANG e DAVIES, 1989; GIBSON et al, 1991; VAN RENSBURG e KRUGER, 1994). Os efeitos da seca podem ser mitigados por uma série de estratégias. Quando a competição por água não é grave, o aumento da eficiência do uso da água pode levar a uma maior produtividade. Tal correlação positiva entre a eficiência do uso da água e o aumento da produtividade foi encontrada por exemplo, no caso de Zhang et al. (1993). Em casos de forte competição por água, melhores estratégias de uso da água estão menos esclarecidas. No entanto, a maior partição de biomassa para as raízes pode aumentar a quantidade de água do solo acessível à planta (LARCHER, 1995).

Muitas alterações fisiológicas e morfológicas podem acontecer na planta para que esta adapte-se ao estresse hídrico e sobreviva. Estas alterações podem ser sinalizadas por meio da expressão de determinadas proteínas.

Estudos sobre proteômica em *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden x *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. submetido ao estresse hídrico ainda são escassos na literatura, o que torna este trabalho de grande importância para pesquisas na área de biotecnologia florestal.

2.2 Proteômica e estresse hídrico em plantas

Segundo Roveda-Hoyos e Fonseca-Moreno (2011), as plantas respondem ao déficit hídrico através de alterações em uma série de processos ao nível fisiológico, celular e molecular, e estas alterações podem levar à tolerância ao estresse. O efeito do estresse hídrico em termos fisiológicos, tem sido amplamente pesquisado, e

englobam por exemplo, fechamento estomático, redução no crescimento celular, diminuição da atividade fotossintética e aumento da respiração.

Ao nível celular, as plantas respondem e adaptam-se ao déficit hídrico acumulando osmólitos e sintetizando proteínas específicas. A análise comparativa dos genes induzidos pelo estresse hídrico em *Arabidopsis* e *O. Sativa*, auxiliada por *microarrays*, revelou um elevado grau de semelhança entre os dois genomas ao nível molecular. Nesse estudo, 73 genes foram identificados em *O. sativa* (RABBANI et al., 2003), como resultado da indução de estresse hídrico. Em outro estudo semelhante (SHINOZAKI et al., 2003), 51 genes foram relatados com funções semelhantes em *Arabidopsis*. Estes resultados confirmam que há genes comuns que são induzidos pelo estresse em espécies que evoluíram separadamente por mais que um milhão anos, como *Arabidopsis* e *O. sativa* (SHINOZAKI e YAMAGUCHI-SHINOZAKI, 2007).

Ainda, segundo Roveda-Hoyos e Fonseca-Moreno (2011), é possível separar-se os genes relacionados ao estresse hídrico em dois grupos. O primeiro grupo codifica as proteínas que provavelmente funcionam, via mecanismos de tolerância ao estresse abiótico como hídrico, salino e de temperatura. Alguns exemplos são as proteínas LEA e HSP, proteínas *antifreeze* (AFP), que atuam como acompanhantes de proteínas envolvidas no transporte de água, íons e outros compostos. Além das enzimas envolvidas na biossíntese de osmólitos (manitol, trealose, galactinol e rafinose), aminoácidos (prolina), aminas e poliaminas (glycinabetaina) e enzimas de desintoxicação (TIMPERIO et al., 2008).

Já o segundo grupo de genes induzidos pelo estresse hídrico permite a expressão de proteínas envolvidas nas vias de transdução de sinal mediadas por ABA, incluindo proteínas quinases, proteínas fosfato e outras moléculas, como fosfolípidos, proteínas ligadas ao cálcio e peróxido de hidrogênio (UMEZAWA et al., 2006). Estes dois grupos podem ser visualizados na Figura 1, conforme Shinozaki e Yamaguchi-Shinozaki (2007).

A Figura 2 mostra uma rede regulatória da transdução de sinais relacionada ao estresse abiótico, assim como os genes envolvidos na resposta à tolerância ao estresse (ROVEDA-HOYOS e FONSECA-MORENO, 2011). Nesta figura é possível observar-se em relação ao estresse hídrico as vias ativadas dependentes de ABA e as independentes de ABA, assim como os fatores de transcrição, expressão de

genes relacionados e a futura produção de proteínas envolvidas em resposta ao estresse e fatores de tolerância (ROVEDA-HOYOS e FONSECA-MORENO, 2011).

Figura 1 - Funções das proteínas funcionais e regulatórias atribuídas ao estresse hídrico. O primeiro grupo inclui as proteínas que provavelmente funcionam em relação à tolerância ao estresse (proteínas funcionais), e o segundo grupo contém fatores protéicos envolvidos na regulação da transdução de sinal e a expressão de genes que provavelmente funcionam em resposta ao estresse (proteínas reguladoras)

Figura 2 - Rede regulatória da transdução de sinais relacionada ao estresse abiótico, assim como os genes envolvidos na resposta à tolerância ao estresse

O estresse hídrico pode afetar a homeostase e causar graves efeitos tóxicos em plantas por meio de mecanismos complexos que ainda não foram completamente caracterizados. O estresse hídrico pode afetar a atividade fotossintética mais do que outros tipos de estresse abióticos, possivelmente estes envolvem a síntese e degradação de enzimas relacionados às reações dependentes de luz e ciclo de Calvin (CARUSO et al., 2009).

Ainda, segundo Caruso et al. (2009), outros efeitos do estresse hídrico sobre o proteoma de trigo estão relacionados à biossíntese de enzimas associadas ao mecanismo de desintoxicação ROS (ascorbato peroxidase-APX, superóxido Cu/Zn dismutase-SOD, anidrase carbônica) e enzimas envolvidas na biossíntese de prolina (S-adenosilmetionina sintetase e glutamina sintetase), osmoproteção e osmorregulação. Além disso, proteínas envolvidas na reação de defesa a patógenos (β -glucosidase) também foram encontradas.

2.3 Metabólitos secundários

Segundo Vizzotto (2010), a natureza, de forma geral, tem produzido a maioria das substâncias orgânicas conhecidas. Dentre os diversos reinos, o reino vegetal é o que tem contribuído de forma mais significativa para o fornecimento de metabólitos secundários, muitos destes de grande valor agregado devido às suas aplicações na indústria farmacêutica, de cosméticos, de alimentos e de agroquímicos. As plantas possuem suas próprias defesas que as protegem de outras plantas e de predadores de uma maneira geral.

Estes mecanismos de defesa são de natureza química e, normalmente, envolvem substâncias do metabolismo secundário (CROTEAU et al., 2000; PINTO et al., 2002). As plantas produzem uma larga e diversa ordem de componentes orgânicos divididos em metabólitos primários e secundários. Os metabólitos primários possuem função estrutural, plástica e de armazenamento de energia.

Os metabólitos secundários, produtos secundários ou produtos naturais, aparentemente não possuem relação com o crescimento e desenvolvimento da planta. Este último é dividido em três grupos como, terpenos, compostos fenólicos e componentes contendo nitrogênio (VIZZOTTO et al. 2010; TAIZ e ZEIGER, 2006).

2.3.1 Grupos metabólitos secundários

As caracterizações destes três grupos de metabólitos secundários foram realizadas conforme Vizzotto (2010) e poderão ser observadas abaixo ao longo do texto.

- **Terpenos**

Terpenóides são a classe estruturalmente mais variada de produtos vegetais naturais. Seu nome deriva do fato de que os primeiros membros da classe foram isolados da terebentina (terpentin em alemão). Os terpenos são formados através da justaposição sucessiva de isopentenilpirofosfato (IPP-C5) e este dá origem a todos os terpenos (monoterpenos (C10), sesquiterpenos (C15), diterpenos (C20), triterpenos (C30) e os tetraterpenos (C40).

Os monoterpenos, devido ao seu baixo peso molecular, costumam ser substâncias voláteis sendo, portanto, denominados óleos essenciais e são muito empregados na indústria como essências e perfumes. A função dos óleos essenciais nas plantas pode ser tanto para atrair polinizadores, quanto para repelir insetos. Entre o primeiro grupo estão o limoneno e o mentol, os quais possuem cheiro agradável. Um exemplo clássico do segundo grupo são os piretróides (inseticidas naturais).

Muitos sesquiterpenóides também são voláteis e, assim como os monoterpenos, estão envolvidos na defesa da planta contra pragas e doenças. Também atuam como defensivos que desencorajam os herbívoros oportunistas a realizarem o ataque.

Os diterpenos têm a giberelina como principal representante e são um importante hormônio vegetal responsável pela germinação de sementes, alongamento caulinar e expansão dos frutos de muitas espécies vegetais. Neste grupo ainda encontra-se uma série de metabólitos importantes farmacologicamente, incluindo o taxol, um agente anticancerígeno encontrado em concentrações muito baixas (0,01% do peso seco) na casca do teixo (*Taxus baccata*), e *forskolin*, um composto utilizado no tratamento de glaucoma.

As saponinas compreendem uma classe importante de triterpenos que, nas plantas, desempenham um papel na defesa contra insetos e microrganismos.

Os tetraterpenos mais famosos são, sem dúvida, os carotenos e as xantofilas. Esses compostos lipossolúveis desempenham um importante papel, tanto nas plantas, quanto nos animais. Nas plantas, os carotenóides fazem parte das antenas de captação de luz nos fotossistemas e, portanto, sem eles não haveria fotossíntese. Além disso, esses compostos são importantes antioxidantes e dissipadores de radicais livres gerados pela fotossíntese e conferem às plantas cores amareladas, alaranjadas e avermelhadas. Dos carotenóides existentes, os mais prevalentes são: alfacaroteno, betacaroteno, betacriptoxantina, licopeno, luteína e zeaxantina, sendo encontrados no mamão papaia, damasco, pitanga, manga, laranja, batata doce, milho, moranga, cenoura, tomate, salsa e espinafre.

- **Compostos fenólicos**

Os compostos fenólicos têm a função de atração para polinização ou dispersão de sementes, e também protegem os tecidos da planta contra injúria, insetos e ataque de animais.

Além de sua importância na proteção das plantas contra fatores ambientais e bióticos adversos, acredita-se que os compostos fenólicos tenham sido fundamentais para a própria conquista do ambiente terrestre pelas plantas. Esse é o caso da lignina, a qual proporciona o desenvolvimento do sistema vascular, dando rigidez aos vasos. Plantas primitivas que habitam principalmente ambientes úmidos, como briófitas e pteridófitas, são pobres em compostos fenólicos.

Os compostos fenólicos são substâncias que possuem pelo menos um anel aromático no qual ao menos um hidrogênio é substituído por um grupamento hidroxila. Esses compostos são sintetizados a partir de duas rotas metabólicas principais: a via do ácido chiquímico e a via do ácido mevalônico, a qual é menos significativa. Estão envolvidos principalmente na sinalização entre plantas e outros organismos e na proteção contra UV. No que se refere à sinalização entre plantas e outros organismos, pode-se incluir nesse item, a relação entre os vegetais e seus agentes polinizadores, sendo a coloração das flores um dos principais atrativos. Exemplos de compostos que as plantas utilizam para colorir suas flores são as antocianinas (flavonóide).

- **Componentes contendo nitrogênio – alcalóides**

Os alcalóides são compostos orgânicos cíclicos que possuem pelo menos um átomo de nitrogênio no seu anel. Possuem na sua grande maioria, um caráter alcalino, pois a presença do átomo de N representa um par de elétrons não compartilhados. Os alcalóides são sintetizados no retículo endoplasmático, concentrando-se, em seguida, nos vacúolos e, dessa forma, não aparecem em células jovens.

Essa classe é famosa pela presença de substâncias que possuem acentuado efeito no sistema nervoso, sendo muitas delas, utilizadas como venenos ou alucinógenos. O isolamento da morfina, em 1806 pelo farmacêutico alemão Friedrich Sertürner, deu origem ao estudo dos alcalóides. Alguns alcalóides não são derivados de aminoácidos e sim de uma base nitrogenada. Esse é o caso da cafeína (1,3,7 trimetilxantina), uma xantina produzida a partir de uma purina. Contudo, as purinas por sua vez, derivam de aminoácidos tais como glicina, ácido L-aspartico e L-glutamina. Como nas plantas, o principal papel da cafeína parece ser a defesa contra herbivoria, a manipulação de seu conteúdo em plantas transgênicas poderá abrir duas vertentes. A primeira delas seria fazer plantas mais resistentes a pragas, e a outra seria a produção agrícola de grãos de café já descafeinados, o que dispensaria os processos industriais onerosos.

2.3.2 Metabólitos secundários e estresse hídrico em plantas

Segundo Warren et al. (2012), a manutenção da turgescência é um pré-requisito necessário para o alargamento e crescimento celular, e,consequentemente, o abastecimento limitado de água pode causar grandes reduções no crescimento das plantas.

Quase todas as plantas podem se aclimatar ao déficit hídrico, pelo menos até certo ponto, utilizando uma gama de respostas para manter a turgescência e crescimento das células em potenciais mais negativos de água no solo. Essas respostas afetam vários aspectos da fisiologia, bioquímica e biologia molecular.

No caso do gênero *Eucalyptus*, por exemplo, as respostas ao déficit hídrico incluem alterações na alocação de biomassa, controle estomático, reforço da parede celular, armazenamento de água na parede celular e osmolaridade celular. Respostas adicionais para o déficit hídrico, relatado para outros gêneros, e que provavelmente ocorra em *Eucalyptus*, são aumentos de enzimas antioxidantes, e as alterações nas quantidades relativas e absolutas de clorofilas e carotenóides.

Um dos principais mecanismos pelos quais as plantas lidam com déficit hídrico é o ajuste osmótico, para manter turgor celular positivo através da acumulação ativa de solutos (KRAMER e BOYER, 1995). Normalmente, solutos orgânicos acumulam-se no citosol contribuindo assim para o equilíbrio osmótico entre os compartimentos e turgor geral.

As reduções do potencial osmótico foram mostradas para muitos gêneros e espécies. Tais reduções podem ser atribuídas a uma acumulação de solutos ativa, aumento de solutos passivos através de reduções do volume celular, ou ambos. As reduções no potencial osmótico, geralmente são atribuídas a um grande número de compostos (por exemplo, a betaína, prolina) e a classes de compostos (aminoácidos, polióis cíclicos e acíclicos, compostos amônio quaternário). Por exemplo, o aminoácido prolina pode aumentar mais de 100 vezes em resposta ao estresse hídrico (HSIAO 1973) e pode permitir a tolerância ao stress não só por ajuste osmótico, mas também por proteger membranas e proteínas, e/ou por efeitos no metabolismo (HARE et al. 1998). Na leguminosa *Lotus japonicus*, prolina e inositóis metilados (como pinitol, ononitol) tendem a aumentar sob condições de estresse salino e levar ao ajuste osmótico (SANCHEZ et al. 2010). Ao contrário, em muitas espécies de *Eucalyptus*, as concentrações de prolina são muito pequenas. Em vez disso, algumas espécies (mas não todas) de *Eucalyptus* contêm grande quantidade de cyclohexanepentol proto-quercitol (ARNDT et al. 2008), mas aumentos da proto-quercitol devido à seca, tendem a ser pequenos e, assim, a sua função (se existir) no ajuste osmótico não é clara.

Em espécies de *Eucalyptus*, os compostos mais consistentemente associados ao ajuste osmótico tendem a ser mono-e di-sacáridos (WARREN et al. 2007).

Segundo Selmar (2008), as concentrações de vários metabólitos secundários na planta são fortemente dependentes das condições de crescimento. Obviamente que as situações de estresse tem um forte impacto no metabolismo responsável pela acumulação de produtos naturais.

As condições de seca geralmente estão relacionadas às concentrações mais elevadas de sal no solo. Em uma série de experimentos demonstrou-se que as plantas que estão expostas ao estresse hídrico, de fato, produzem quantidades maiores de metabólitos secundários, como fenóis e terpenos, assim como para as substâncias que contêm azoto, tais como alcalóides, glicosídeos cianogênicos, ou glucosinolatos, conforme pode ser observado nas Tabelas 1a e 1b.

Ainda, segundo Selmar (2008), não há dúvidas de que o estresse hídrico aumenta a concentração de metabólitos secundários nas plantas. No entanto, é necessário considerar-se que, há também, redução no crescimento da maioria das plantas. O aumento na concentração de metabólitos secundários em plantas submetidas ao estresse hídrico pode resultar do fato de que a biomassa é significativamente mais baixa nessas plantas. Portanto, o importante é a relação entre a quantidade total de metabólitos secundários e a biomassa vegetal, que no final acaba por ser semelhante para ambas as condições, de presença ou ausência de estresse hídrico.

Tabela 1a - Estresse hídrico implica em aumento na concentração de vários metabólitos secundários em plantas: fenóis e terpenos

Metabólito	Espécie	Alteração concentração
Ácido clorogênico	<i>Helianthus annuus</i>	aumento massivo (dez vezes)
Fenol total	<i>Echinacea purpurea</i>	forte aumento (67%)
Fenol total	<i>Prunus persica</i>	maior teor em plantas estressadas
Componentes fenólicos	<i>Thymus capitatus</i>	maior teor em plantas estressadas
Fenol total	<i>Hypericum brasiliense</i>	forte aumento (superior a 80%)
Rutine	<i>Hypericum brasiliense</i>	aumento massivo (cerca de cinco vezes)
Flavonóides	<i>Pisum sativum</i>	forte aumento (45%)
Antocianinas	<i>Pisum sativum</i>	forte aumento (superior a 80%)
Epicatequinas	<i>Camellia sinensis</i>	aumento massivo
Di-hidroxi-xantona	<i>Hypericum brasiliense</i>	forte aumento (300%)
Ácido betulínico	<i>Hypericum brasiliense</i>	forte aumento (cerca de 60%)

Tabela 1b - Estresse hídrico implica em aumento na concentração de vários metabólitos secundários em plantas: produtos secundários em plantas contendo nitrogênio

Metabólito	Espécie	Alteração concentração
Alcalóides morfina	<i>Papaver somniferum</i>	forte aumento
Alcalóides cinolizidina	<i>Lupinus angustifolius</i>	forte aumento
Alcalóides pirrolizidina	<i>Senecio longilobus</i>	forte aumento
Trigonelina	<i>Glycine max</i>	forte aumento
Glicosídeo cianogênico	<i>Manihot esculenta</i>	forte aumento
Glicosídeo cianogênico	<i>Manihot esculenta</i>	forte aumento
Glicosídeo cianogênico	<i>Triglochin maritima</i>	forte aumento
Glicosídeo cianogênico	<i>Eucalyptus cladocalyx</i>	forte aumento
Glucosinolatos	<i>Brassica napus</i>	aumento massivo
Glucosinolatos	<i>Brassica napus</i>	aumento significativo

Fonte: Selmar (2008)

Segundo Shvaleva et al. (2005), a seca pode afetar a produção de espécies reativas de oxigênio (ROS), ao nível celular, que pode desempenhar um papel na sinalização intracelular e causar um stresse oxidativo. Este por sua vez, pode ser diagnosticado pelo acúmulo de peróxidos de lípidos, proteínas oxidadas e bases de DNA modificadas.. A desintoxicação da ROS é dependente de um sistema de enzimas antioxidantes e metabólitos.

As defesas antioxidantes em árvores têm sido estudadas juntamente com os stresses ambientais como altitude elevada (POLLE e RENNENBERG 1992), poluição (WINGSLE e HALLGREN 1993) e baixa temperatura (NAKAGARA e SAGISAKA 1984). Entretanto, poucos estudos têm se concentrado na atividade de tais sistemas em resposta ao déficit hídrico, e raramente em plantas de eucalipto sob condições de estresse hídrico (OSAWA et al. 1992).

Durante a desidratação, osmólitos (principalmente prolina, glicina betaína e açúcares) podem ajudar na preservação de proteínas e na estrutura e função da membrana (SMIRNOFF 1998).

Espécies de eucalipto, entre outras, inclusive as de rápido crescimento, são susceptíveis e podem ser severamente afetadas pela seca. Costa e Silva et al. (2004) estudaram dois clones de *E. globulus* divergentes em relação a susceptibilidade à seca e encontraram diferenças no tipo e magnitude da resposta ao estresse hídrico. O melhor desempenho do clone menos sensível à seca, quando submetido a condições de estresse hídrico, foi associado a um crescimento mais

rápido de sua raiz e a uma maior condutividade hidráulica do caule em comparação com clone mais sensível à seca (SHVALEVA et al., 2005).

3 OBJETIVOS

Os objetivos deste trabalho foram a seleção de dois clones de *E. grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível ao estresse hídrico e a realização de análises comparativas dos perfis de proteínas e metabólitos de raiz, nestes dois clones, submetidos a dois regimes hídricos.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Curva de retenção hídrica do substrato

A curva de retenção hídrica do substrato foi desenvolvida no Departamento de Ciências Exatas da ESALQ/USP, sob a orientação do Prof. Dr. Paulo Libardi. A metodologia empregada baseou-se em Libardi (2005). O substrato considerado, caracteriza-se por ser uma mistura entre o composto Basaplant® farelado grosso e vermiculita textura média, na proporção de 1:1. Os vasos foram preenchidos com esta mistura e cobertos com pedriscos para evitar a evaporação excessiva e transferidos para casa de vegetação, onde permaneceram durante o desenvolvimento da curva de retenção hídrica do substrato.

4.2 Teste de protocolos de extração protéica

Foram realizados testes com quatro protocolos de extração protéica para escolha do mais satisfatório para uso no trabalho. As amostras protéicas neste teste foram obtidas de folhas de *Eucalyptus spp.* não submetidas a estresse hídrico.

Os protocolos utilizados foram Kim et al. (2001), modificado por Acquadro et al. (2009), com fracionamento prévio por polietilenoglicol (PEG) 8000; Pereira (2007); Kim et al. (2001), modificado por Acquadro et al. (2009), sem fracionamento prévio por meio de polietilenoglicol (PEG) 8000 e, por fim, Hurkman e Tanaka (1986).

Após a escolha do protocolo que gerou os melhores resultados de extração protéica, testou-se este em amostras de folha, caule e raiz de *Eucalyptus spp.* submetidas e não submetidas ao estresse hídrico.

4.3 Material Vegetal

Sementes do híbrido *E. grandis* x *E. camaldulensis* fornecidas pela empresa Suzano Papel e Celulose foram semeadas em tubetes, permanecendo em casa de vegetação durante o período de seu desenvolvimento/crescimento (Figura 03). O substrato utilizado foi o mesmo empregado para o desenvolvimento da curva de

retenção hídrica do solo.. As mudas receberam adubação semanal de 5 ml da solução de fertilização composta de Kristalon Branco[®] (fórmula NPK 15-05-30), $\text{Ca}(\text{NO}_3)_2 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ e Tenso Ferro[®], na proporção de 20:20:0,8. Obteve-se ao todo, 88 plantas aptas a serem utilizadas neste experimento.

Após atingirem aproximadamente 15 cm de altura, estas plantas foram transplantadas para vasos de 3,0 litros e permaneceram em casa de vegetação organizadas conforme croqui da Figura 4.

As plantas foram submetidas ao estresse hídrico por até 3 semanas a 40% da capacidade de campo, conforme a curva de retenção hídrica do solo e os genótipos foram classificados de acordo com o potencial hídrico foliar medido através de um psicrômetro.

Figura 3 - Plantas semeadas

5	10	15	20	25	30	35	40	45	50	55	60	65	70	75	80	85	88
4	9	14	19	24	29	34	39	44	49	54	59	64	69	74	79	84	87
3	8	13	18	23	28	33	38	43	48	53	58	63	68	73	78	83	86
2	7	12	17	22	27	32	37	42	47	52	57	62	67	72	77	82	
1	6	11	16	21	26	31	36	41	46	51	56	61	66	71	76	81	

Figura 4 - Croqui experimental

4.4 Histórico do material vegetal

O histórico do material vegetal envolveu a produção do híbrido *E. grandis* X *E. Camaldulensis* por retrocruzamento, uso das melhores matrizes (em relação a seu vigor e crescimento) para teste de progênie (na qual as plantas possuíam em seu genótipo uma maior porcentagem de *E. grandis*), produção de pomar de sementes, por muda e coleta das sementes para uso no trabalho de mestrado. As cinco fases deste histórico podem ser visualizadas abaixo:

Fase I: Produção de híbrido de polinização aberta *E. grandis* X *E. camaldulensis*

- Procedência *E. grandis* - Pomar de Semente Clonal Itatinga, Origem Coff's Harbour Austrália

- Procedência *E. camaldulensis* - Origem Laura, Queensland, Austrália;

Fase II: Retrocruzamento (*E. grandis* X *E. camaldulensis*) X *E. grandis*. Coleta de sementes;

Fase III: Teste de progênie com melhores matrizes $\frac{3}{4}$ *E. grandis* e $\frac{1}{4}$ *E. camaldulensis*;

Fase IV: Desbaste do Teste e Transformação em PSM (Pomar de semente por muda);

Fase V: Coleta de sementes de uma progênie de meia-irmãs para uso no trabalho de dissertação da tese.

4.5 Manutenção dos 40% da capacidade de campo do substrato

Para a manutenção dos 40% da capacidade de campo do substrato de cada vaso, realizou-se a coleta deste substrato da superfície dos vasos. A coleta do substrato ocorreu conforme pode ser observado na Figura 05 a. Após a coleta, estes foram dispostos em placas de Petri (Figura 05 b), pesados para obtenção da massa úmida e posteriormente transferidos para estufa (105°C), por 24h (Figura 05 c). Após este período, as placas foram pesadas novamente para obtenção da massa seca. Dessa forma, obteve-se a quantidade de água que cada vaso possuía e por meio dos cálculos necessários e da curva de retenção hídrica do solo foi possível

obter-se o valor do volume de água necessário a ser repostado no vaso para manutenção da taxa de 40% da capacidade de campo. Esta atividade foi realizada 3 vezes por semana para manutenção deste potencial hídrico.

Figura 5 a - Coleta de substrato; b: Substrato disposto na placa de Petri; c: substratos em estufa a 105°C.

4.6 Avaliação do potencial hídrico foliar

Após todos os vasos apresentarem a mesma condição hídrica, uma folha foi coletada por vaso e transportada ao Departamento de Ciências Biológicas para análise de potencial hídrico foliar (Ψ), feita sob a orientação do Prof. Dr. Ricardo Ferraz.

A coleta de cada planta e a respectiva medição do Ψ ocorreram duas vezes ao dia. A primeira coleta foi realizada às 7h30min (considerado o período da manhã) e a segunda coleta às 13h (considerado o período da tarde). Assim foi possível observar como o potencial hídrico de cada planta se alterou nestes dois horários.

Para estas medições cada planta possuiu 2 folhas coletadas, uma folha por horário, e estas se encontravam na mesma altura da planta e eram opostas entre si. Na Figura 6 pode-se observar a altura da planta na qual foram realizadas as coletas.

As folhas foram coletadas em casa de vegetação e armazenadas em placas de Petri. As placas foram envoltas em filme plástico para evitar a perda de água e em papel alumínio para evitar a entrada de luminosidade e por fim, foram acondicionadas em caixas de isopor.

Figura 6 - Posicionamento das folhas coletadas para análise em psicrômetro

Para a medição do potencial hídrico foliar utilizou-se o equipamento psicrômetro Wescor HR-33T, conforme pode ser observado na Figura 7. Para cada folha/coleta, quatro discos foliares (de 5 mm) foram obtidos e avaliados no psicrômetro. O valor do potencial hídrico de cada disco foi registrado. O valor final no período correspondeu à média dos quatro valores.

Figura 7 - Psicrômetro Wescor HR-33T

4.7 Classificação dos genótipos em relação ao potencial hídrico foliar

Conforme orientação do Prof. Dr. Isais Olívio Geraldi, do Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, utilizou-se o coeficiente de correlação de Pearson para verificar a possível existência de correlação entre o Ψ obtido no período da manhã e o da tarde, através do programa *Excel* (Microsoft para Windows – 2007). O resultado encontrado foi interpretado conforme definido por Toledo e Ovalle (2008). A correlação de Pearson avalia o grau e a direção dessa correlação (positiva ou negativa), entre duas variáveis de escala métrica (LOPES et al., 2011). Ela assume apenas valores entre -1 e 1, sendo que o 1 significa uma correlação perfeita positiva entre as duas variáveis; -1 significa uma correlação negativa perfeita entre as duas variáveis (se uma aumenta, a outra sempre diminui) e por fim, 0 (zero) que significa que as duas variáveis não dependem linearmente uma da outra. No entanto, pode existir uma dependência não linear, devendo ser investigada por outros meios.

Após a determinação do coeficiente de correlação de Pearson, realizou-se duas classificações dos 88 genótipos. Na primeira, considerou-se os valores do Ψ , obtidos no período da manhã e na segunda classificação considerou-se os valores do Ψ , obtidos no período da tarde. Foram selecionados 30 genótipos de forma aleatória ao longo das classificações realizadas que englobaram diversas posições de Ψ em cada período avaliado.

4.8 Produção de cepa e clonagem

Os genótipos presentes em vasos foram cortados a 10 cm do substrato para a produção de cepas, conforme pode ser visualizado nas Figuras 8 e 9. Estas, por sua vez, foram utilizadas como fonte de brotos para a clonagem dos materiais (Figura 10). A etapa de clonagem foi realizada somente nos 30 genótipos selecionados, até a obtenção mínima de 6 plantas do mesmo indivíduo, total necessário para estabelecimento de experimento com delineamento estatístico com blocos e repetições.

Após a emergência dos brotos, estes foram coletados e transportados ao viveiro do Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP para serem plantados em tubetes. Estes tubetes permaneceram 33 dias em casa de vegetação,

12 dias sob sombra e 14 dias em pleno sol para se desenvolverem. Após este período, as mudas foram transportadas novamente ao Departamento de Genética da ESALQ/USP, onde permaneceram em casa de vegetação.

Figura 8 - Produção de cepas dos 88 genótipos obtidos via semente

Figura 9 - Cepa de *E. grandis* x *E. camaldulensis*

Figura 10 - Clonagem dos 30 genótipos selecionados

4.9 Plantio em vasos

Dos 30 genótipos clonados, 10 apresentaram-se aptos a serem utilizados neste experimento para segunda seleção, pois apresentavam no mínimo 6 plantas enraizadas (Tabela 2), total necessário para compor o delineamento estatístico. Estes 10 clones estão representados na Tabela 2 por “*”. Dessa forma, esses materiais foram transplantados em vasos de 3,0 litros preenchidos com a mistura de duas medidas de substrato Basaplant® farelado grosso e uma de vermiculita textura média, conforme Figura 11.

Tabela 2 - Total de mudas produzidas após clonagem dos 30 genótipos

Genótipos	Nº mudas produzidas	Clones selecionados	Genótipos	Nº mudas produzidas	Clones selecionados
2	8	*	37	2	
4	6	*	41	6	*
5	5		51	8	*
8	4		56	3	
9	5		61	3	
10	4		62	8	*
11	2		71	4	
12	6	*	72	6	*
13	4		76	2	
14	3		81	5	
50	2		82	3	
18	1		83	4	
19	6	*	84	6	*
30	5		86	7	*
32	5		87	1

Figura 11 - Genótipos clonados e transplantados em vasos

4.10 Delineamento estatístico e croqui

Após plantio em vasos, as plantas foram dispostas de maneira a comporem o delineamento estatístico de blocos casualizados, no esquema fatorial 10 x 2 (genótipos x regimes hídricos), com 3 repetições. Os regimes hídricos corresponderam a 30% (tratamento) e 100% (controle) da capacidade de campo. O croqui do experimento está representado na Figura 12.

Bloco 1				Bloco 2				Bloco 3			
51	12	72	19	72	86	2	86C	41C	72C	12	51
2	4	62	86	62	51	19	41	19	2	62	4C
62C	51C	2C	12C	12	4	84C	72C	51C	72	86	84
19C	72C	84	4C	84	62C	41C	4C	62C	4	2C	41
86C	41	41C	84C	2C	19C	12C	51C	86C	12C	19C	84C

Figura 12 - Croqui com 10 genótipos dispostos em blocos casualizados no esquema fatorial 10 x 2. (C= Controle)

Conforme pode ser observado no croqui, cada bloco possui 10 genótipos e 2 plantas por genótipo. Uma destas plantas foi utilizada como controle (C) e corresponde ao tratamento 100% da capacidade de campo, ou seja, não sofreu estresse hídrico. Já a outra planta do mesmo genótipo sofreu estresse hídrico, com o substrato apresentando 30% de sua capacidade de campo.

Não houve bordadura no experimento, no entanto, os vasos foram constantemente dispostos em diferentes posições dentro de cada bloco ao longo do tempo. Assim, o croqui apresentado ilustra o início do experimento. Todas as plantas permaneceram dentro do seu bloco inicial, e foram somente dispostas em posições diferentes ao longo do tempo com a intenção de diminuir o efeito bordadura.

4.11 Manutenção dos 30% e 100% da capacidade de campo do substrato

As plantas em tratamento foram controladas para permanecerem a 30% da capacidade de campo no substrato e para isto seguiu-se a metodologia já detalhada no item 4.5. Já as plantas controles, permaneceram sem estresse hídrico em substrato com 100% da capacidade de campo.

Após 2 meses do transplante das mudas para os vasos, iniciou-se a supressão de água para que as plantas tratamento apresentassem o déficit hídrico, permanecendo nos 30% da capacidade de campo. A seleção dos 2 clones, um tolerante e um susceptível ao estresse hídrico, ocorreu após 2 meses em condições de estresse hídrico. Neste período, a umidade do substrato foi controlada diariamente para evitar valores abaixo dos 30% da capacidade de campo, o que poderia ocasionar a morte das plantas. As plantas controles também foram acompanhadas para que a umidade do substrato permanecesse a 100% da capacidade de campo.

Todas as plantas receberam adubação semanal de 100 ml da solução de fertilização composta por Plant Prod (80g), $\text{Ca}(\text{NO}_3)_2 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ (100g), $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (50g) diluídos em 20L água.

4.12 Seleção de um clone tolerante e um clone susceptível a condições de estresse hídrico

Do total de 10 clones submetidos ao déficit hídrico, a maioria apresentou murchamento foliar e perda de vigor. O clone que não apresentou sintomas visuais à deficiência hídrica foi selecionado como sendo o mais tolerante. Já, o que apresentou graves sintomas visuais relacionados ao déficit hídrico foi selecionado como sendo o mais susceptível.

Esta fase da seleção foi realizada de acordo com as características visuais de movimentação foliar (murchamento) e vigor das plantas. Este procedimento foi repetido por quatro vezes, até a identificação definitiva do clone tolerante e susceptível.

4.13 Uso do Infrared Gas Analyzer (IRGA)

Após a seleção dos dois clones mais contrastantes em relação à tolerância e susceptibilidade ao déficit hídrico, empregou-se o equipamento IRGA - *Infrared Gas Analyzer*, modelo Li-6400 (Li-Cor, Biosciences Inc., Nebraska, EUA) (Figura 13) para estudo de alguns parâmetros fisiológicos desses clones selecionados, como taxa fotossintética, concentração intercelular de CO_2 , condutância à H_2O e taxa de transpiração em relação à radiação fotossinteticamente ativa (PAR).

O IRGA foi posicionado nas folhas presentes na região mediana da planta, semelhante à localização da folha utilizada para análise no psicrômetro (Figura 6), após esta ter sido submetida às condições de déficit hídrico. Cada medição foi realizada, em duplicata, na mesma planta, em folhas de localização próxima.

As medições de trocas gasosas, em diferentes níveis de PAR incidente, na superfície foliar (0, 25, 50, 100, 150, 200, 250, 500, 1000, 1500 e 2000, $\mu\text{mol f\u00f3tons m}^{-2} \text{s}^{-1}$) foram realizadas com auxílio da *Light Curve* do software do IRGA, iniciando as seq\u00fc\u00eancias sempre dos valores superiores para os inferiores. As curvas de saturação de luz foram realizadas entre às 9h10min e 11h20min, considerando-se que próximo das 12h, geralmente ocorre um aumento de temperatura e fechamento parcial ou total dos est\u00f4matos (FRANCO, 2002). A referência de CO_2 foi estabelecida a $400 \mu\text{mol mol}^{-1}$ e a referência de água, entre 18 e 20 mmol mol^{-1} . O fluxo de CO_2 foi estabelecido a $350 \mu\text{mol s}^{-1}$.

Figura 13 - Infrared gas analyzer (IRGA)

4.14 Coleta de material vegetal para análises de proteômica e metabolômica

Foram coletadas amostras de raiz dos 2 clones contrastantes selecionados. Ao todo foram obtidas 12 amostras para montagem do delineamento estatístico (2 clones x 2 condições hídricas x 3 blocos).. Em relação à coleta de raiz, o material que se encontrava em estresse hídrico praticamente não apresentava umidade nas raízes e por isto, o substrato foi facilmente desprendido da estrutura da mesma, que seguiu posteriormente para o congelamento em *freezer* -80°C . Já as raízes das plantas controle apresentavam muito substrato aderido em suas estruturas, assim estas raízes foram lavadas em água corrente, levemente secas em papel toalha e rapidamente congeladas.

Os materiais coletados em casa de vegetação foram armazenados em sacos de alumínio, congelados em nitrogênio líquido e acondicionados em *freezer* -80°C , para posterior extração de proteínas e metabólitos.

4.15 Extração protéica

A extração das proteínas foi realizada de acordo com o protocolo de Hurkman e Tanaka (1986). Após maceração dos tecidos em almofariz com nitrogênio líquido (2g de raízes), adicionou-se 15 mL de tampão de extração gelado constituído de 0,7 M sacarose; 0,5 M Tris-HCl pH 7,5; 0,1 M KCl; 50 mM EDTA; 1 mM PMSF; 1% p/v PVPP e 2% v/v β -mercaptoetanol. Após homogeneização das amostras em agitador por 30 min a 4°C , adicionou-se 15 mL de fenol saturado em Tris-HCl pH 7,5 e homogeneizou-se novamente em agitador por 30 min a 4°C . As amostras foram então centrifugadas a $10.000 \times g$ por 30 min a 4°C . O sobrenadante foi coletado e transferido para um novo tubo. Em seguida, adicionou-se 15 mL do tampão de extração. Novamente as amostras foram homogeneizadas em “shaker” por 30 min a 4°C . Após centrifugação nas mesmas especificações acima, o sobrenadante foi transferido para um novo tubo e novamente 15 ml de tampão de extração foram adicionados, porém agora sem PVPP. Após homogeneização em agitador e centrifugação nas mesmas especificações anteriores, o sobrenadante foi coletado e dividido em dois tubos, aos quais adicionou-se 30 ml de 0,1 M acetato de amônio preparado em metanol 100% (-20°C). Os tubos foram mantidos a -20°C para precipitação *overnight* das proteínas. No segundo dia, as amostras foram

centrifugados a 16.000 x *g* por 20 min a 4 °C, de modo que *pellets* das repetições da mesma amostra, foram concentrados em um único tubo. Após esta etapa, adicionou-se novamente 30 ml de 0,1 M de acetato de amônio preparado em metanol 100% (-20°C). Em seguida os tubos foram mantidos por no mínimo 1h a -20°C, antes da centrifugação a 16.000 x *g* por 20 min a 4 °C para recuperação do *pellet*. Após repetição deste processo por mais duas vezes, adicionou-se 30 ml de acetona 100%, os tubos também foram mantidos por no mínimo 1h a -20°C, seguido de centrifugação a 16.000 x *g* por 20 min a 4 °C e descarte do sobrenadante. Posteriormente, os *pellets* foram secos, mantendo-se os tubos abertos inseridos em potes fechados preenchidos com sílica, os quais foram mantidos *overnight* em câmara fria a 4 °C. No dia seguinte, as proteínas foram ressuspendidas em tampão de solubilização constituído de 7 M uréia, 2 M tiouréia, 10 mM DTT e 0,01% C₇BzO.

4.16 Dessalinização de proteínas

Para a dessalinização utilizou-se o dispositivo de ultra filtração da Amicon®, 3000 daltons, 0,5ml 3K – Ref UFC5003BK 500Pk e o procedimento ocorreu conforme instruções do fabricante.

4.17 Quantificação de proteínas

A quantificação das proteínas foi realizada de acordo com o protocolo de Bradford (1976), com auxílio do kit comercial para quantificação de proteínas da BioRad (Protein Assay catálogo: 500-0006). Alíquotas de 1 ou 2 µL da amostra, dissolvidas em 19 ou 18µL de tampão 50mM de bicarbonato de amônio, acrescido de 980 µL do reagente de Bradford diluído em água milli-Q (4:1), foram incubadas, por 5 minutos, à temperatura ambiente. Os valores de absorbâncias, medidas a 595 nm, foram obtidas por espectrofotometria. As concentrações das proteínas foram calculadas por comparação com curva-padrão de albumina sérica bovina (BSA).

4.18 Gel SDS-PAGE

Utilizou-se o gel SDS-PAGE com o objetivo de confirmar a quantificação das proteínas obtidas pelo método de Bradford (1976) já citado. Para isto, géis de SDS-PAGE de primeira dimensão foram utilizados para análise visual e comparativa, conforme Laemmli (1970). Alíquotas (20µg) das amostras (quantificadas pelo método Bradford) foram aplicadas no gel, juntamente com amostras-padrão de BSA nas concentrações 5, 10 e 20 µg/µL. Ao final da corrida os géis permaneceram 1h em solução fixadora e *overnight* em solução corante contendo comassie. Após a coloração dos géis estes foram lavados em H₂O ultrapura e digitalizados em Image ScannerIII (GE®) .

4.19 Digestão tríptica

A digestão tríptica ocorreu conforme protocolo de Murad et al. (2011). Utilizou-se para tanto, alíquotas das amostras contendo 50µg de proteína. Após adição de 25 µL da solução *RapiGest SF* (0,2%), as amostras foram mantidas a 80 °C por 15 min. Após centrifugação (pulso), adicionou-se 2,5 µL de 100 mM de ditioneitol (DTT). Após agitação em *vórtex*, as amostras foram mantidas a 60 °C por 30 min e novamente centrifugadas (pulso) após o resfriamento à temperatura ambiente. Em seguida, adicionou-se 2,5 µL de 300 mM de iodoacetamida (IAA) para a alquilação de cisteínas. Após agitação em *vórtex*, as amostras foram transferidas para o escuro por 30 min à temperatura ambiente. Posteriormente, adicionou-se 10 µL de solução de tripsina (50 ng/µL) (Promega). Após agitação em *vórtex*, procedeu-se a digestão *overnight* a 37 °C. Neste caso, a proporção enzima: proteína foi de 1:100. O tempo de digestão foi padronizado para 14h. Após a digestão, adicionou-se 10 µL de 5% (v/v) TFA (ácido trifluoracético) para hidrolisar o *RapiGest SF*. Após agitação em *vórtex*, as amostras foram incubadas a 37 °C por 90 min, centrifugadas a 18.000 x *g* por 30 min a 6 °C e secas em *speed vac* antes de serem armazenadas a -80 °C para análise posterior.

4.20 Purificação das amostras complexas

Após ressuspensões das amostras em 50 μL de solução 0,1% TFA, preparado em água milliQ, estas foram subdivididas em cinco frações de 10 μL e purificadas por meio de colunas ZipTip *Reversed-Phase* C18 P10 cat# ZTC18S960 (Millipore®). Após a purificação, os peptídeos de cada fração foram eluídos em 10 μL da solução 0,1% TFA em 50% ACN e combinados em um único *vial*.

4.21 Separação dos peptídeos

A mistura de peptídeos foi submetida a fracionamento por cromatografia líquida de ultra performance em sistema UPLC 2D nanoACQUITY (Waters®). A separação dos peptídeos foi realizada usando-se uma pré-coluna C18 (XBridge C18 300 μm x 50mm), 5 μm seguida por uma coluna trap de fase reversa C18 (Symmetry C18, 180 μm x 20mm, 5 μm) e finalmente uma coluna analítica (BEH130 C18, 150 μm x 100mm, 1.7 μm). A configuração dessas colunas permite o fracionamento em duas dimensões utilizando um sistema binário de bombas e um gradiente de pH para a eluição dos peptídeos. O gradiente foi iniciado com 3% de B1 (100% Acetonitrila) e aumentou para 65% B em 5 min, seguido por equilíbrio com 97% A1 (100% Água, 0,1% ácido fórmico). Os peptídeos foram eluídos em coluna de captura com um gradiente linear que começou com 10% B2 (100% Acetonitrila, 0,1% ácido fórmico) aumentando para 40% por 26 min, depois 85% por 10 min para eluição dos peptídeos através da coluna analítica. A vazão utilizada foi de 400 $\text{nL}\cdot\text{min}^{-1}$ com um tempo de execução global de 50 min. As colunas foram re-equilibradas para a condição inicial de 90% A2 (100% água, 0,1% ácido fórmico) e 10% B2.

4.22 Identificação das proteínas

O experimento de Nano-ESI-MS/MS foi realizado no Q-TOF Synapt G2 HDMS (Waters®) empregando ionização positiva. Como referência para o espectrômetro de massa utilizou-se 200 fmol de GFP (human (Glu1)-Fibrino-Peptide) a um fluxo constante de 0.35 $\mu\text{L}\cdot\text{min}^{-1}$.

Os dados foram processados utilizando-se o programa ProteinLynxGlobalServer (PLGS) versão 2.5v (LI et al., 2009), utilizando-se os seguintes parâmetros de tolerância: mínimo de íons fragmentos consecutivos (y+, b+) por peptídeo igual a 1; mínimo de fragmentos consecutivos por proteína igual a 3; mínimo de peptídeos (identificados pelos critérios anteriores) por proteína igual a 1; apenas uma clivagem perdida permitida. Carbamidometil-C e a oxidação de Metionina foram padronizadas como modificação fixa e variável, respectivamente. Os arquivos de espectros assim processados foram contrastados com o banco de dados do *E. grandis*, do Phytosome (GOODSTEIN et al., 2011) e quantificados a partir da comparação com o padrão interno *Phosphorylase* (P00489), adicionado à amostra.

A indicação do padrão interno foi realizada a partir do número de acesso no banco de dados UniprotKB como P00489 e a concentração protéica do padrão interno indicada no método de busca variava de acordo com o volume de amostra injetado (20 fmol.uL⁻¹). Para a identificação e quantificação protéica, as intensidades dos espectros obtidos foram calculadas por método estequiométrico em detrimento ao padrão interno de concentração conhecida conforme a linearidade do método (SILVA et al., 2006).

A análise estatística dos resultados de comparação, foram expressos como média ± desvio-padrão. As análises foram feitas utilizando-se o teste *t-student* com auxílio do programa ExpressionE (Waters, Manchester, UK). Valores de $p < 0,05$ e $p > 0,95$ foram considerados estatisticamente significativos.

4.23 Anotação das proteínas

A análise dos dados de proteômica foram feitas com auxílio do software Blast2GO (<http://www.blast2go.com/b2ghome>), que possibilitou a realização de uma análise comparativa das funções biológicas das proteínas identificadas em cada tratamento. Além disso, foi possível separar as proteínas, que foram classificadas como sendo proteínas de resposta ao estresse e resposta ao estresse abiótico, e realizar também, um estudo destas, em relação aos processos biológicos nos quais estão envolvidas, suas funções e localizações moleculares.

4.24 Extração de metabólitos

Os metabólitos de raiz foram extraídos a partir de 50 mg de material macerado em N₂. O material foi armazenado em tubos de 2,0 mL até o momento da extração. A extração foi realizada de acordo com o protocolo descrito por De Vos et al. (2007), com algumas modificações. Ao material macerado, adicionou-se 1 mL de tampão (99.875% metanol e 0,1% de ácido fórmico). Em seguida, os tubos foram agitados por 10 segundos e sonicados por 15 min, a 20°C, na frequência máxima (40 kHz) (sonicador Ultra Som, Thronton-IPEC Eletrônica Ltda). Posteriormente as amostras foram centrifugadas por 20 min a 16.000g. O sobrenadante foi coletado, filtrado (filtro Millex 0,22 µm e 500 µL, Millipore, Brasil) e as amostras foram concentradas (Concentrador 5301, Eppendorf, Hamburgo), ressuspensas em 100 µL do tampão de extração e armazenadas a - 80°C até o momento da análise.

4.25 Cromatografia líquida e espectrometria de massas

Os metabólitos da raiz foram analisados em espectrômetro de massa Q-TOF Ultima API (Waters ®) com fonte de ionização electrospray (ESI) associada à cromatografia por UPLC (Acquity -Waters ®).

Para a separação cromatográfica por UPLC injetou-se 5 µL de amostra em coluna de fase reversa (100 x 2.1 mm Acquity 1.7 µm C18 - Waters). Dois eluentes foram utilizados como fase móvel: A (100% água contendo 0,1% de ácido fórmico) e B (100% acetonitrila contendo 0,1% ácido fórmico). O gradiente da fase móvel utilizado foi: 3 min 95% H₂O + 5% ACN, 3 min 75% H₂O + 25% ACN, 3 min 5% H₂O + 95% ACN e 3 min 95% H₂O + 5% ACN. As amostras foram analisadas em modo positivo, com voltagem do capilar de 3 kV e voltagem do cone de 35 kV. A temperatura na fonte foi de 150°C e temperatura de dessolvatação de 450°C. O fluxo de nitrogênio do cone foi de 50 L/h e na fonte de 550 L/h. Os dados foram adquiridos em modo positivo e centróide, com intervalo de massa carga (m/z) entre 100 a 2000, pelo programa *MassLynx* 4.1.

4.26 Identificação dos metabólitos e análise estatística dos dados

Os dados brutos (*raw*) foram processados no programa *MarkerLynx XS*, onde realizou-se o alinhamento, remoção de ruídos, deconvolução e obtenção da intensidade de cada possível metabólito. Para este último parâmetro, estabeleceu-se um limite mínimo (*threshold*) de corrente iônica total (TIC-*Total Ion Current*) de 250. Em seguida, criou-se uma matriz de dados multivariados.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do mesmo programa, através da Análise de Componentes Principais (PCA), Análise Discriminante de Projeções Ortogonais (OPLS-DA) e *Scatter-Plot* (S-Plot). PCA e OPLS-DA são os principais métodos estatísticos utilizados para dados de metabolômica, principalmente devido à grande quantidade de dados gerados, que consideram as diferentes variáveis utilizadas nos experimentos.

A PCA é uma análise estatística multivariada, não supervisionada, que não exige conhecimento *a priori*. Permite a observação de padrões de separação/formação de grupos, nas amostras analisadas e permite também que amostras discrepantes (*outliers*) sejam identificadas (SENGUPTA et al., 2011). Considerou-se PCAs válidas apenas aquelas nas quais a soma dos dois componentes principais foi maior ou igual a 50%.

Já o OPLS-DA é um modelo de regressão supervisionado, comumente usado na análise multivariada, visando a análise de dois ou mais grupos (WESTERHUIS et al., 2009). Permite encontrar a correlação entre os metabólitos e os tratamentos aplicados (HOFFMAN et al., 2010), pois um único componente é utilizado como um preditivo para a classe, que descreverá a variação entre os grupos, enquanto que os outros componentes descrevem a variação ortogonal em relação ao primeiro componente preditivo, descrevendo assim a variação dentro dos grupos (WESTERHUIS et al., 2010). A significância estatística do modelo é determinada pelos parâmetros R^2X (que significa o quanto da variação total é explicada pelo modelo) e Q^2_{cum} (que explica a qualidade de separação entre os grupos).

Os metabólitos diferencialmente abundantes foram observados por meio do *Scatter-Plot* (S-Plot), no qual o eixo X indica a contribuição de cada variável, de modo que quanto mais distante de 0, estiver a variável, maior é a sua contribuição para a variância da amostra. Já o eixo Y mostra a correlação da amostra dentro do seu grupo, assim, quanto mais distante a amostra estiver do 0, maior será a sua

correlação. Os metabólitos mais distantes do 0, nos dois eixos, representam os principais pontos que contribuem para a separação dos dois diferentes grupos.

5 RESULTADOS E DISCUSSÕES

5.1 Curva de retenção hídrica

A curva de retenção hídrica pode ser visualizada na Figura 14. No eixo da abscissa está representada a tensão de água (τ) do substrato, expressa em metros. O eixo da ordenada contém a umidade do solo (U) expressa em kg kg^{-1} . O valor de 100% da capacidade de campo corresponde a um conteúdo de água de 1,3 Kg de água por kg de substrato e tensão de água de 0,21 m.

Figura 14 - Curva de retenção hídrica do substrato

5.2 Teste protocolo para extração protéica

Na Figura 15 é possível observar-se os perfis de bandas obtidos por eletroforese em gel de poliacrilamida da análise comparativa entre os quatro protocolos de extração de proteínas testados. No caso desses testes, as amostras proteicas, foram obtidas de folhas de *Eucalyptus spp.* não submetidas a estresse hídrico. A coluna “e” que se apresenta mais nítida e forte, corresponde ao protocolo de Hurkman e Tanaka (1986), escolhido para as extrações protéicas do presente trabalho.

Figura 15 – Perfis eletroforéticos em gel de poliácridamida das bandas de proteínas de folhas de *Eucalyptus spp* sem estresse hídrico extraídas via 4 protocolos

Após a escolha do protocolo de Hurkman e Tanaka (1986), que gerou os melhores resultados na extração protéica, testou-se este protocolo em amostras de folha, caule (sem a casca) e raiz de *Eucalyptus spp.* submetidas e não submetidas ao estresse hídrico. A Figura 16 ilustra o perfil das bandas obtido neste novo teste.

Figura 16 – Perfil eletroforético em gel de poliácridamida das bandas de proteínas extraídas de amostras de folha, caule e raiz de *Eucalyptus spp.*, na ausência ou presença de stresse hídrico

5.3 Classificação dos genótipos através do potencial hídrico foliar

Foi obtido o coeficiente de correlação de Pearson no valor de 0,44 (Figura 17), mostrando que os valores de potencial hídrico (Ψ) obtidos das plantas no início da manhã possuem correlação “fraca positiva” com os valores que são obtidos no período da tarde. Assim a classificação dos materiais em relação ao potencial hídrico considerou os dois períodos de análise do potencial.

Na Tabela 03 é possível observar-se os 88 genótipos classificados de acordo com o potencial hídrico foliar, obtido nos períodos das análises (manhã e tarde). Pode-se observar que a classificação não foi idêntica para os dois casos, o que já era esperado devido ao fato da correlação de Pearson ter sido baixa. Assim os 30 genótipos foram selecionados aleatoriamente para serem clonados e empregados em experimento com delineamento estatístico. Os 30 genótipos selecionados estão identificados em cinza na Tabela 3.

Tabela 3 - Classificação dos genótipos considerando-se os potenciais hídricos (Ψ) obtidos no período da manhã e no período da tarde

(continua)

Média Ψ (MPa) Manhã	Genótipo	Média Ψ (MPa) Tarde	Genótipo
-1,03	5	-1,33	11
-1,12	17	-1,41	9
-1,19	19	-1,44	18
-1,21	9	-1,45	8
-1,24	16	-1,49	22
-1,27	10	-1,53	15
-1,30	8	-1,56	28
-1,33	18	-1,61	52
-1,33	21	-1,62	10
-1,35	1	-1,64	88
-1,36	20	-1,64	74
-1,36	2	-1,71	25
-1,36	11	-1,71	17
-1,38	68	-1,72	67
-1,41	29	-1,72	76
-1,44	88	-1,72	84
-1,45	4	-1,72	70
-1,45	6	-1,72	72
-1,46	50	-1,72	75
-1,46	74	-1,74	50
-1,48	67	-1,74	69
-1,49	14	-1,74	82
-1,51	72	-1,74	78
-1,51	37	-1,75	1
-1,55	12	-1,77	59

Tabela 3 - Classificação dos genótipos considerando-se os potenciais hídricos (Ψ) obtidos no período da manhã e no período da tarde

(continuação)

Média Ψ (MPa) Manhã	Genótipo	Média Ψ (MPa) Tarde	Genótipo
-1,56	71	-1,77	21
-1,57	25	-1,78	30
-1,53	59	-1,75	77
-1,53	33	-1,76	64
-1,54	30	-1,76	85
-1,58	7	-1,79	33
-1,60	43	-1,80	5
-1,61	22	-1,81	65
-1,62	60	-1,81	58
-1,62	64	-1,82	56
-1,62	40	-1,82	80
-1,62	47	-1,82	4
-1,65	38	-1,83	16
-1,65	53	-1,83	3
-1,66	84	-1,84	7
-1,68	24	-1,84	53
-1,68	65	-1,84	66
-1,69	13	-1,85	73
-1,70	70	-1,86	68
-1,71	35	-1,86	37
-1,71	73	-1,86	38
-1,72	3	-1,86	35
-1,73	61	-1,86	44
-1,73	54	-1,87	81
-1,73	62	-1,88	13
-1,73	55	-1,89	29
-1,74	56	-1,89	49
-1,74	87	-1,89	24
-1,75	42	-1,89	48
-1,76	63	-1,89	71
-1,76	69	-1,89	86
-1,76	52	-1,91	12
-1,76	66	-1,92	43
-1,76	58	-1,92	57
-1,76	82	-1,93	60
-1,78	49	-1,94	20
-1,79	86	-1,94	46
-1,80	34	-1,94	36
-1,81	23	-1,94	79
-1,81	28	-1,94	87
-1,81	39	-1,95	61
-1,81	57	-1,96	19
-1,81	85	-1,96	14
-1,81	77	-1,97	62
-1,83	15	-1,97	40
-1,84	36	-1,99	6
-1,84	78	-1,99	55
-1,84	80	-1,99	27
-1,86	27	-2,00	63
-1,87	75	-2,02	54
-1,87	79	-2,02	39
-1,87	76	-2,02	47
-1,89	32	-2,05	2
-1,89	46	-2,05	32
-1,91	26	-2,05	23

Tabela 3 - Classificação dos genótipos considerando-se os potenciais hídricos (Ψ) obtidos no período da manhã e no período da tarde

		(conclusão)	
Média Ψ (MPa) Manhã	Genótipo	Média Ψ (MPa) Tarde	Genótipo
-1,91	31	-2,07	42
-1,91	44	-2,09	83
-1,94	48	-2,10	51
-1,97	41	-2,10	45
-1,97	45	-2,13	26
-1,97	51	-2,18	34
-1,97	81	-2,18	31
-1,99	83	-2,20	41

Figura 17 - Potencial hídrico dos genótipos nos períodos da manhã e da tarde dos 88 genótipos. Correlação de Pearson apresentou $r = 0,44$

Plantas que apresentaram valores de Ψ mais altos se caracterizam por apresentarem um teor mais elevado de água em suas estruturas foliares. Nesse caso, a célula tende a possuir maior capacidade de retenção hídrica e maior eficiência em processos fisiológicos que implicam em adaptação à escassez de água como, por exemplo, o fechamento estomático. Por outro lado, plantas com baixo Ψ apresentam características fisiológicas que as tornam mais sensíveis ao estresse hídrico, possuindo assim, maior probabilidade de morrer quando submetidas a este tipo de estresse.

5.4 Seleção dos dois clones contrastantes em relação ao déficit hídrico

As plantas foram submetidas às condições de estresse hídrico a 30% (tratamento) e 100% (controle) da capacidade de campo (CC). O valor de 30% foi empregado, pois percebeu-se que era um ponto onde ocorria estresse hídrico severo, demonstrado por sintomas visuais, que as plantas sofriam com o tratamento, mas não chegavam a morrer. Assim este valor foi utilizado com o objetivo de se tentar caracterizar os clones selecionados da forma mais satisfatória e contrastante possível.

A seleção não levou em consideração a altura dos indivíduos pois, observou-se que alguns dos clones mais altos, dentre os 10 que compuseram o delineamento estatístico, apresentavam uma pior avaliação visual se comparados aos clones de altura mediana ou inferior, quando submetidos ao mesmo tipo de estresse hídrico. Além disso, a superioridade em altura da planta em idade precoce não reflete a superioridade em altura da planta na idade adulta. Esta avaliação visual englobou características relacionadas à intensidade do murchamento das folhas, vigor e aparência das plantas.

Para a análise do proteoma e metaboloma selecionou-se os clones mais contrastantes em relação a avaliação visual dos sintomas de estresse hídrico.

Foi possível constatar após as avaliações, que os clones 41 e 62 eram os que apresentavam, respectivamente, a pior e a melhor condição visual.

A Figura 19 ilustra todas as plantas dos clones 41 e 62 presentes nos blocos B1, B2 e B3, e a análise comparativa entre a planta controle e a planta submetida ao estresse hídrico (tratamento). Através desta imagem, é possível observar-se um primeiro efeito do estresse hídrico nas plantas, que é a diminuição em altura das plantas submetidas ao stress hídrico em relação às controles (Tabela 4 e Figura 18), apesar de que, até o momento em que essas foram avaliadas, as diferenças observadas em altura, não foi estatisticamente significativa (conforme Figura 18), mas acredita-se que se o déficit hídrico se estendesse por mais alguns meses, esta diferença se tornaria significativa.

Comparando-se estes dois clones (Figura 19), é possível observar-se, que em todos os blocos, o clone 62 se apresenta em melhores condições visuais em relação ao clone 41.

O clone 62, sob condições de estresse hídrico, não apresenta visualmente muitas diferenças em relação ao seu controle, já o clone 41 apresenta sintomas severos de estresse hídrico quando comparado ao seu controle.

Estas avaliações visuais foram realizadas somente neste primeiro momento, pois os clones foram analisados em mais detalhes, quanto às diferenças geradas pelo estresse hídrico, quando forem comparados em relação à taxa fotossintética, transpiração, além dos dados de proteômica e metabolômica.

Tabela 4 - Altura (cm) dos clones selecionados, nos diferentes tratamentos e blocos

Clones Tratamento	Altura (cm)	Clones Tratamento	Altura (cm)
Bloco		Bloco	
41B1	69	62B1	64
41B2	81	62B2	60
41B3	62	62B3	62
41CB1	72	62CB1	73
41CB2	87	62CB2	69
41CB3	63	62CB3	68
Média	-	Média	-
41	70,67	62	62,00
41C	74,00	62C	70,00

Figura 18 - Comparação em altura (cm) dos clones tolerante (62) e susceptível (41) ao estresse hídrico. C = Plantas controle. Teste Tukey 5% significância

Susceptível ao estresse hídrico

Tolerante ao estresse hídrico

Figura 19 - Visualização dos clones susceptível e tolerante ao estresse hídrico em 3 blocos (B1, B2 e B3), comparando-se a planta sob condições de estresse hídrico em relação à controle

5.5 Análises fisiológicas

O IRGA foi empregado em 12 plantas ao todo, sendo 3 controles e 3 em condições de estresse (uma de cada bloco) de cada clone (41 e 62). As 12 plantas foram analisadas em duplicata, obtendo-se informações relacionadas à taxa fotossintética, concentração intercelular de CO₂, condutância a H₂O e taxa de transpiração, conforme Figuras de 20 a 23.

Segundo Dalmolin (2009), um tipo de modelagem utilizada para verificar as respostas dos vegetais às diferentes condições ambientais são as curvas de resposta da fotossíntese líquida à luz (PAR). Um dos modelos mais flexíveis é a equação quadrática que permite uma ampla variação desde a condição em que a convexidade da curva é nula, gerando uma hipérbole retangular como resultado, até a condição em que a concavidade assume seu valor máximo e igual a um, gerando uma curva de resposta do tipo Blackman (LONG e HÄLLGREN, 1993; THORNLEY, 1976).

A equação quadrática de fotossíntese líquida (A) à luz (PAR) apresenta várias fases (LONG e HÄLLGREN, 1993): 1º) a respiração no escuro e um consecutivo incremento em A, a medida que aumenta a PAR, passando pelo ponto de compensação de luz (quando $A = 0,0 \mu \text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$). Esse incremento é linear e, à medida que o consumo de CO₂, pelo processo fotossintético, ultrapassa a geração desse gás pela respiração, A apresenta um rápido crescimento inicial, havendo assim, um progressivo aumento da PAR. Esse incremento linear persiste até cerca de 50 a 200 $\mu \text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ de PAR. A inclinação nessa faixa, fornece a eficiência quântica máxima ($\phi \text{ max}$), quando se tem valores da PAR que foram efetivamente interceptados pela folha, ou a eficiência quântica aparente (ϕ), quando se dispõe apenas, dos valores da PAR incidente; 2º) após a fase linear, uma taxa de variação progressiva na inclinação da curva, denominada convexidade da curva (Θ), determina o limite em que A é afetada por ϕ , até que se alcance uma região de saturação; 3º) a região de saturação, em que não há mais uma resposta de A para um aumento em PAR (DALMOLIN, 2009).

Ainda, segundo Dalmolin (2009), a partir dos valores de taxa fotossintética líquida (A) e da taxa transpiratória (E), é possível calcular-se a eficiência instantânea do uso de água (EUA) como sendo a razão entre A e E.

Assim, neste trabalho foram desenvolvidas estas curvas de respostas dos clones susceptível e tolerante ao estresse hídrico em relação à taxa fotossintética, concentração intercelular de CO₂, condutância à H₂O e taxa de transpiração.

Conforme era de se esperar, os controles apresentaram uma taxa fotossintética muito superior aos tratamentos, assim como o clone susceptível (41) apresentou-se em relação ao clone tolerante (62). Essa maior taxa pode estar relacionada ao maior crescimento em altura do clone susceptível em relação ao tolerante, dados já apresentados na Tabela 04. O mesmo ocorreu em relação à condutância à H₂O e à taxa de transpiração.

Conforme Longui (2007), o estresse hídrico pode causar severa inibição da fotossíntese, como consequência do fechamento estomático, ou em razão de danos nas estruturas do cloroplasto. O controle estomático tem sido indicado como sendo o principal fator limitante da fotossíntese (CHAVES, 1991; CORNIC, 2000).

A taxa de transpiração, conforme pode ser observada na Figura 23 foi superior no clone susceptível (controle) em relação ao clone tolerante (controle), o que pode evidenciar que o clone susceptível perde mais H₂O e acaba sofrendo com maior intensidade quando em condições de déficit hídrico.

De acordo com Lima (1996), citado por Longui (2007), espécies do gênero *Eucalyptus* podem desenvolver diferentes mecanismos de resistência a seca. As espécies tolerantes à seca apresentam uma tolerância plasmática a baixos potenciais de água. Por outro lado, espécies com características de fuga à seca apresentam a capacidade de ultrapassar períodos críticos de déficit hídrico sem necessariamente reduzir significativamente seu potencial de água, e isso se deve a diversos mecanismos como sistema radicular profundo, eficiente controle estomático da transpiração, desrama das folhas, etc. Essa tolerância ao estresse hídrico varia entre as diferentes espécies de eucalipto. Algumas espécies simplesmente não desenvolveram nenhuma capacidade, ou desenvolveram apenas uma capacidade limitada de controle da transpiração, sendo por isso, bastante vulneráveis ao déficit hídrico.

Segundo Roza (2010), sob condições de déficit hídrico, pode-se demonstrar a relação direta entre a redução da concentração intercelular de CO₂, em razão do fechamento estomático que geram decréscimos na assimilação do CO₂ e no rendimento quântico do fotossistema 2 (BAKER, 1991). Entretanto, também, há relatos de que sob condições de estresse hídrico severo, além das restrições

estomáticas no suprimento de CO₂, podem ocorrer limitações em componentes não estomáticos, com danos nos centros de reação do fotossistema 2, os quais podem apresentar reversão parcial após reidratação (ANGELOPOULOS et al., 1996). As respostas das plantas ao déficit hídrico são complexas e envolvem mudanças adaptativas e/ou efeitos deletérios.

Ainda segundo Roza (2010), as estratégias das plantas para superar o estresse hídrico normalmente envolvem uma ação complexa relacionada à sensibilidade e à tolerância a outros tipos de estresses, o que pode variar entre os genótipos (CHAVES et al., 2002). A capacidade de dissipação de energia (FLEXAS et al., 2002) e a proteção metabólica (induzida ou constitutiva), contra as espécies reativas de oxigênio, são frequentemente a chave do sucesso das plantas contra condições de estresse. Segundo Kramer e Boyer (1995), plantas expostas à deficiência hídrica moderada, geralmente reduzem o crescimento da parte aérea antes que o das raízes, resultando em incremento na relação entre raiz e parte aérea. Esse estresse moderado reduz o crescimento foliar, antes de reduzir a taxa fotossintética, resultando em excesso de carboidratos para as raízes (BOYER, 1970). A perda acentuada de água reduz a multiplicação e o alongamento das células, resultando em plantas menores e, em consequência, na redução da área foliar. A limitação na área foliar pode ser considerada uma primeira reação das plantas ao déficit hídrico, (TAIZ & ZEIGER, 2004). A área foliar é um importante fator da produção e determina o uso da água pela planta e seu potencial de produtividade é severamente inibido quando exposta ao déficit hídrico. Em muitas espécies, uma maior atividade de crescimento é observada durante o período noturno, devido ao aumento do potencial hídrico e do turgor causado pela redução da atividade estomática (SCHURR, 1998).

Normalmente espera-se que plantas submetidas a um determinado tipo de estresse apresentem características como, baixas taxas de crescimento e de fotossíntese, elevada razão raiz/parte aérea, menor capacidade de aquisição de recursos e de renovação de tecidos. Estes fatores juntos conferem às plantas maior resistência para o desenvolvimento em ambientes extremos (ROZA (2010), LAMBERS e PORTER 1992; CHAPIN et al. 1993; RAMOS et al., 2004).

Para Larcher (2000), a primeira e mais sensível resposta ao déficit hídrico está na diminuição da turgescência, ocorrendo o fechamento estomático, a redução

na fotossíntese e a diminuição do alongamento celular (crescimento, principalmente em extensão).

Figura 20 - Taxa fotossintética dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$)

Figura 21 - Concentração intercelular de CO_2 dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico ($\mu\text{mol CO}_2$)

Figura 22 - Condutância à H₂O dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico (mol H₂O m⁻² s⁻¹)

Figura 23 - Taxa transpiração dos tratamentos e controles dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico (mmol H₂O m⁻² s⁻¹)

5.6 Análise comparativa do proteoma de raízes

Foram realizadas análises comparativas do proteoma de raízes dos clones tolerante e susceptível a condições de estresse hídrico assim como comparações entre as plantas submetidas ao estresse hídrico e seu controle para cada clone. Procurou-se entender como as proteínas estão envolvidas nos processos metabólicos relacionados ao estresse hídrico e entender como estas proteínas podem agir conferindo uma característica de tolerância ao estresse hídrico em um clone de eucalipto.

No presente trabalho foi possível identificar diferenças na expressão de proteínas nas plantas controle e tratamento. Além da identificação de proteínas diferencialmente expressas, como as exclusivas (encontradas somente no tratamento ou no controle) e as significativas (encontradas no tratamento e no controle, mas com expressão significativamente distinta), encontrou-se uma gama de proteínas não significativas (que se mostraram com expressão semelhante entre dois tratamentos).

Conforme detalhado anteriormente, as plantas controle e tratamento permaneceram sob determinada condição de umidade de solo, sendo respectivamente, 100% e 30% da capacidade de campo. Procurou-se com esta diferença na umidade do solo encontrar expressões diferenciadas de proteínas relacionadas ao estresse hídrico nos materiais analisados.

Realizaram-se três análises comparativas do proteoma de raízes. A primeira correspondeu à comparação entre às condições de déficit hídrico (controle e tratamento) para o clone 41 susceptível e a segunda, para o clone 62 tolerante. Já, a terceira, compreendeu a comparação entre o clone susceptível 41 e o clone tolerante 62, ambos sob condições de déficit hídrico). Optou-se por utilizar as proteínas que se expressaram de forma significativa em todas as comparações, ou seja, que se expressaram superiormente em um tratamento em relação ao outro.

As proteínas que se expressaram de modo exclusivo não foram consideradas nesta análise comparativa, pois seria mais difícil afirmar que esta expressão exclusiva estaria realmente relacionada à condição de estresse hídrico.

A identificação das proteínas significativas através do *ProteinLynxGlobalServer* é muito interessante pois permite determinar a função, que por sua vez poderá dar indícios se a proteína encontrada auxilia de fato conferindo

características de tolerância ao estresse hídrico ou ainda se a proteína esta mais envolvida nos processos metabólicos celulares comuns a planta.

No Anexo A e B (Planilhas 11 e 12) é possível observar uma planilha contendo todas as proteínas significativas e exclusivas identificadas, no clone susceptível (41) e tolerante (62), respectivamente, assim como sua superioridade em expressão no tratamento (com déficit hídrico) ou no controle (sem déficit hídrico).

Como pode ser observado no Anexo 1, o número de proteínas significativas identificadas foi extremamente alto para cada comparação, e por isso, optou-se por abordar na discussão dos resultados as dez proteínas mais expressas em cada análise comparativa. Assim foram desenvolvidas 3 Tabelas, contendo a descrição destas 10 proteínas mais diferencialmente expressas em cada análise comparativa, seu acesso e a razão de expressão (o quanto uma determinada proteína foi mais expressa em um tratamento em relação a outro).

Logo, os resultados destas análises comparativas podem ser observados nas Tabelas 5, 6 e 7, assim como uma posterior discussão dos dados encontrados. Em cada uma destas tabelas é possível observar que as 10 proteínas identificadas em cada comparação estão enumeradas na coluna Linhas de 1-10 (nos casos de uma comparação) ou de 1-20 (no caso de duas comparações). Além disso, procurou-se comparar as proteínas encontradas com a literatura (que foi citada na coluna Literatura relacionada).

Tabela 5 – Análise comparativa do proteoma de raiz do clone susceptível (41) tratamento e controle

Linha *	Acesso	Descrição	Expressão 41 Tratamento / controle (razão)	Literatura relacionada
1	Eucgr.K00480.2	predicted protein Populus trichocarpa	10,91	-
2	Eucgr.E00323.1	regulator of nonsense transcripts like protein	7,77	-
3	Eucgr.H03981.1	pr 10 type pathogenesis related protein	6,82	Srivastava et al. (2004)
4	Eucgr.C03295.2	20 kda chloroplastic	4,06	-
5	Eucgr.B00144.3	glyceraldehyde 3 phosphate	3,56	Guo et al. (2012)
6	Eucgr.B02673.2	microtubule associated protein 70 2 like	3,32	-
7	Eucgr.K03315.2	nadh dehydrogenase flavoprotein 2	3,29	-
8	Eucgr.H04536.1	translationally controlled tumor protein	3,29	Sun et al. (2008)
9	Eucgr.I01042.1	serine carboxypeptidase like 18 like	3,19	Mugford et al. (2009)
10	Eucgr.J02288.1	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	3,16	Guo et al. (2012)

*Linha correspondente a planilha 11 (em Anexo), expresso em nível superior no tratamento

A proteína “pr 10 type pathogenesis related protein” se mostrou 6,82 vezes mais expressa no clone (41) susceptível a seca no tratamento em relação ao controle. Segundo Srivastava et al (2004), as proteínas Pathogenesis-related (PR), incluindo a família PR10, são expressas em provavelmente todas as plantas em resposta a infecções patogênicas e, em muitos casos, em resposta a estresses abióticos como seca e salinidade, além de ser descrito também em resposta ao ácido abscísico, tem-se mostrado um constituinte presente em raízes. A função exata desta proteína em resposta ao estresse abiótico ainda não esta clara. Srivastava et al (2004) mostraram pela primeira vez que uma proteína PR10 foi capaz de proteger mudas de *Brassica napus* da salinidade, o que pode ser um resultado também importante para estudos de tolerância ao estresse hídrico em plantas.

A expressão da proteína “translationally controlled tumor protein” foi 3,29 vezes superior nas plantas em déficit hídrico em relação às plantas controle do clone (41) susceptível ao estresse hídrico. Segundo Sun et al. (2008), a síntese de proteínas *translationally controlled tumor* (TCTP) é regulada pelo cálcio, eIF4E e

dsRNA-dependente de proteína kinase. TCTP tem várias características biológicas como ligação cálcio, ligação tubulina, e é anti-apoptótico na natureza. Filogenistas indicam que o ortólogo TCTP foi originado em eucariotos a 1 bilhão de anos atrás. A TCTP participa de várias funções biológicas, no entanto, a função fisiológica primária desta proteína ainda é desconhecida. Pela função anti-apoptótica destas proteínas TCTP, e por esta ter sido mais expressa nas plantas em estresse hídrico quando comparadas ao controle no clone 41, é possível supor que esta proteína auxilia diminuindo o dispêndio de energia da célula para a atividade apoptótica, permitindo que esta energia seja utilizada em outra atividade celular, que por sua vez pode estar relacionada à condição de estresse hídrico.

Conforme Mugford et al. (2009), a proteína serine carboxypeptidase-like (SCPL) tem emergido recentemente como um novo grupo de acetiltransferases em plantas. Muitas SCPL acetiltransferases tem sido caracterizadas em dicotiledôneas, incluindo uma enzima requerida para síntese de polyésteres glucose que podem contribuir na resistência a insetos em tomate (*Solanum pennellii*) e enzimas requeridas para síntese de ésteres do ácido sinapínico associado com proteção UV em *Arabidopsis thaliana*. Aveia (monocotiledônea pertencente ao gênero *Avena*) produz compostos acetilados de defesa conhecidos como avenacins, que por sua vez são antimicrobianos glicosídeos triterpenos que são sintetizados em raízes e conferem grande intensidade de resistência à doença atribuída a patógenos do solo. Como esta proteína foi 3,19 vezes mais expressa nas plantas em estresse hídrico do clone susceptível (41) em relação ao controle, é possível supor que as plantas em estresse se tornam mais vulneráveis ao ataque de patógenos, necessitando que proteínas de resistência à doença sejam produzidas pelas suas células para que a planta possa sobreviver aos ataques dos patógenos do solo.

Já as proteínas *glyceraldehyde 3 phosphate* se expressaram 3,56 e 3,16 (citossólica) vezes a mais nas plantas em estresse hídrico do clone susceptível (41) em relação ao controle. Espécies reativas ao oxigênio (ROS) são produzidas em plantas sob várias condições de estresse e servem como importantes mediadoras de respostas da planta ao estresse. Isto pode ser observado no trabalho de Guo et al. (2012) no qual a proteína *glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic* interage com Phospholipase D α para a transdução de sinais de peróxido de hidrogênio em

resposta ao estresse hídrico em *Arabidopsis thaliana*, e, de acordo com os resultados obtidos no presente trabalho, o mesmo pode ocorrer em eucalipto.

Tabela 6 – Análise comparativa do proteoma de raiz do clone tolerante (62) tratamento e controle

Linha **	Acesso	Descrição	Expressão 62 Tratamento / controle (razão)	Literatura relacionada
1	Eucgr.E00318.1	dynamin related protein 1e isoform 1	60,95	Qian e Houten (2012)
2	Eucgr.J03067.1	topless related protein 4 isoform 1	23,57	Pauwels, et al. (2010)
3	Eucgr.A00805.1	atp binding	21,76	Cross e Templeton (2004)
4	Eucgr.C00956.2	6 phosphofructokinase 3 like	12,55	-
5	Eucgr.D02539.1	armadillo beta catenin like repeat containing protein	11,71	-
6	Eucgr.H04064.1	flowering time control protein fca like	11,47	Ietswaart et al. (2012)
7	Eucgr.H00916.1	atp dependent rna	9,88	-
8	Eucgr.I01366.3	pentatricopeptide repeat containing	6,11	Laluk et al. (2011)
9	Eucgr.I00481.1	cc nbs lrr resistance protein	5,99	Chini et al. (2004)
10	Eucgr.H04509.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100253849	5,81	-

**Linha correspondente a planilha 12 (em Anexo), expresso em nível superior no tratamento

Conforme pode ser observado na Tabela 6, a proteína *dynamin related protein 1e isoform 1* apresentou expressão 61 vezes superior no tratamento do clone tolerante ao estresse hídrico em relação ao seu controle. Segundo documento patentado de Qian e Houten (2012) a inibição desta proteína leva a morte celular. Assim, como neste caso houve um aumento de expressão, é possível inferir que o clone tolerante manteve este nível de expressão elevado para evitar a morte celular da planta. Esta proteína pode ainda estar contribuindo com a característica de tolerância à seca.

Já a proteína *topless related protein 4 isoform 1* teve expressão 23,6 vezes maior no clone tolerante ao estresse com relação ao seu controle. Segundo Pauwels, et al. (2010), as proteínas adaptadoras NINJA (Novel Interactor of JAZ) e as repressoras TOPLESS (TPL) funcionam juntamente como reguladores negativos de respostas ao jasmonato (hormônio vegetal que regula uma ampla gama de defesa da planta e processos de desenvolvimento), através de várias cascatas de

sinalização relacionadas ao estresse e crescimento, utilizando mecanismos moleculares comuns para regular a expressão gênica em plantas. Segundo Liu e Karmarkar (2008), as TPLs auxiliam na regulação dos principais processos de desenvolvimento de órgão floral, determinação do destino apical-basal do embrião e manutenção de células do tronco no ápice caulinar. Pelo fato das proteínas TPLs terem sido expressas de maneira superior nas plantas tratamento do clone tolerante em relação ao controle, e com relação a função das proteínas TPLs em auxiliar na característica de orientação basal das raízes e apical do caule, pode-se supor que estas proteínas TPLs podem estar envolvidas na orientação de desenvolvimento basal das raízes para estas alcançarem novas profundidades do solo na tentativa de evitarem o déficit hídrico.

A proteína *atp binding* se expressou 21,8 vezes mais na planta tratamento em relação a controle do clone tolerante. Em células animais, o estresse oxidativo inibe a atividade da proteína kinase MEKK1 por induzir a glutationilação em locais específicos dentro do domínio ATP-binding desta proteína kinase (CROSS e TEMPLETON, 2004). Esta proteína MEKK1 por sua vez esta relacionada com proliferação celular, diferenciação e apoptose e respostas inflamatórias (PERES, 2011).

Após o estudo do trabalho de Ietswaart et al. (2012), é possível inferir que a proteína *flowering time control protein fca like* mais expressa no tratamento (11,5 vezes) em relação ao controle possui a função de controlar o tempo de florescimento da planta. Como a planta tratamento se encontrava sob estresse hídrico, é possível apontar que esta proteína foi expressa com esta maior intensidade para evitar a passagem da fase vegetativa para a fase reprodutiva da planta, permitindo que esta dispendesse sua energia em processos metabólicos relacionados à sua sobrevivência e/ou tolerância ao estresse hídrico ao invés de utilizar esta energia para reprodução.

Conforme pode ser observado na Tabela 6, linha 8, a proteína *pentatricopeptide repeat containing* foi identificada como sendo uma das 10 proteínas mais expressas no tratamento do clone tolerante em relação ao seu controle, sendo esta expressão 6,1 vezes superior. No trabalho de Laluk et al. (2011) esta proteína quando localizada na mitocôndria em *Arabidopsis* possui a função de defesa contra fungo necrotrófico e tolerância ao estresse abiótico. O genoma de

Arabidopsis contém mais de 450 PPRPs (família das proteínas pentatricopeptide repeat), mas surpreendentemente poucos foram estudados, e suas funções ainda são desconhecidas. Os PPRPs poucos estudados desempenham diversos papéis cruciais no crescimento e desenvolvimento, incluindo a embriogênese, ritmo circadiano, desenvolvimento do cloroplasto, e sinalização retrógrada nuclear.

A protein *cc nbs lrr resistance protein* foi expressa 6 vezes mais no tratamento do clone tolerante em relação ao seu controle, conforme pode ser observado na linha 9 da Tabela 6. No trabalho de Chini et al. (2004) é possível analisar que o gene ADR1 (activated disease resistance 1) codifica a proteína coiled-coil (CC)-nucleotide-binding site (NBS)-leucine-rich repeat (LRR). Neste trabalho é possível observar que a expressão de ADR1 conferiu significativa tolerância à seca em *Arabidopsis*. A tolerância não foi uma característica de plantas ADR1, no entanto, estas mostraram um sensível aumento em expressão deste gene quando submetidas ao estresse. Análise de microarray de plantas contendo alelo ADR1 demonstrou que um número significativo de genes up-regulados tem sido relacionados à resposta a desidratação.

Na Tabela 7 é possível visualizar duas comparações, a primeira delas mostra a superioridade de expressão do clone 62 em relação ao clone 41 (ambos em tratamento) e a segunda comparação, mostra o contrário, ou seja, a superioridade de expressão do clone 41 em relação ao clone 62 (também ambos em tratamento).

Tabela 7 – Análise comparativa do proteoma de raiz do clone susceptível (41) tratamento e clone tolerante (62) tratamento

Linha ***	Acesso	Descrição	Expressão 41 / 62	Expressão 62 / 41	Literatura relacionada
1	Eucgr.A02130.1	predicted protein Populus trichocarpa	-	31,82	-
2	Eucgr.C00467.1	tir nbs disease resistance like protein	-	23,10	-
3	Eucgr.L03490.1	gras family transcription factor	-	20,29	Ma et al. (2010)
4	Eucgr.C04268.1	tir nbs lrr resistance protein	-	18,17	-
5	Eucgr.G02172.1	major latex	-	16,78	Yao et al. (2013)
6	Eucgr.I01237.2	non symbiotic hemoglobin class 1	-	13,33	Trevaskis et al. (1997)
7	Eucgr.F01247.1	pathogen related protein	-	11,25	Borad e Sriram (2008)
8	Eucgr.B03298.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	-	9,88	-
9	Eucgr.F02503.1	predicted protein Populus trichocarpa	-	9,21	-
10	Eucgr.A02706.1	protein	-	9,21	-
11	Eucgr.K02506.1	udp glucose 6 dehydrogenase	20,09	-	Bertolini et al. (2013)
12	Eucgr.K00411.2	vacuolar protein sorting associated protein 26 like	10,91	-	-
13	Eucgr.G00082.1	PREDICTED dynamin 2B Vitis vinifera	9,78	-	-
14	Eucgr.F00972.1	electron transport	7,85	-	-
15	Eucgr.E01683.1	tir nbs lrr resistance protein	7,61	-	-
16	Eucgr.K00580.1	pleiotropic drug resistance protein 3 like	5,26	-	Amaral et al. (2007)
17	Eucgr.J01977.1	kda class i heat shock protein	4,44	-	-
18	Eucgr.H00201.1	sieve element occlusion a	4,31	-	-
19	Eucgr.B01579.1	epoxide hydrolase 1	3,67	-	-
20	Eucgr.K03420.1	serine threonine protein plant	3,46	-	-

***Linhas não relacionadas com planilha em Anexo

Conforme pode ser observado na linha 3 da Tabela 7, a proteína *gras family transcription factor* foi expressa 20,3 vezes a mais no clone tolerante (62) em relação ao clone susceptível (41). A identificação destas proteínas foi realizada quando os clones se apresentavam em estresse hídrico. No trabalho desenvolvido por Ma et al. (2010), é possível observar que os fatores de transcrição específicos de plantas GRAS/SCL desempenham diversos papéis no desenvolvimento e respostas ao estresse. Neste estudo, um SCL gene, PeSCL7, foi funcionalmente caracterizado em

Arabidopsis thaliana, especialmente com relação aos papéis de resistência ao estresse abiótico. Análises de expressão mostraram que o gene PeSCL7 foi induzido por estresse hídrico e salino, mas foi reprimido pelo ácido giberélico (GA). *Arabidopsis* transgênica expressando o gene PeSCL7 mostrou tolerância ao estresse hídrico e salino. Assim, este trabalho sugere que o PeSCL7 codifica fatores de transcrição GRAS/SCL responsivos ao estresse, o que pode ser importante na tolerância ao déficit hídrico no clone de eucalipto tolerante (62) Esta informação é potencialmente útil na área de transformação genética, podendo gerar árvores mais resistentes ao estresse hídrico e salino.

Na linha 5 da Tabela 7 é possível observar que a proteína *major látex* se expressou 16,8 vezes a mais na planta tratamento em relação a controle no clone tolerante. No trabalho desenvolvido por Yao et al. (2013), as plantas de *Hyacinth bean* em estresse hídrico apresentaram para a proteína *major látex* uma razão de 84 vezes superior no tratamento em relação ao controle, quando as plantas foram expostas ao estresse hídrico por 10 dias, o que também corrobora com a hipótese de envolvimento desta proteína na resposta de eucalipto a este tipo de estresse.

Em relação à proteína *non symbiotic hemoglobin class 1*, é possível observar na Tabela 7 que a mesma se expressou mais significativamente (13,3 vezes) no clone 62 em relação ao clone 41. No estudo realizado por Trevaskis et al. (1997) dois genes de hemoglobina foram clonados a partir de *Arabidopsis thaliana*. Um gene, AHB1, está relacionado em sequência com a família de genes de hemoglobina nonsymbiotic previamente identificados num certo número de espécies de plantas (classe 1). O segundo gene hemoglobina, AHB2, representa uma classe de hemoglobina nonsymbiotic (classe 2) relacionado em sequência com os genes da hemoglobina simbiótica de leguminosas e Casuarina. As propriedades destas duas hemoglobinas sugerem que as duas famílias de nonsymbiotic hemoglobinas podem diferir em função. AHB1 é induzido, em raízes e folhas de roseta, quando há baixos níveis de oxigênio. AHB1 possui uma afinidade ao oxigênio muito elevada e por isso não se acredita que esta possua a função de transportador de oxigênio. Já AHB2 é expressa em menor nível em folhas de roseta e é induzido por baixa temperatura. Por fim, acredita-se que esta proteína está provavelmente relacionada com a característica de tolerância do eucalipto ao estresse hídrico já que esta se expressou em maiores níveis no clone tolerante.

Borad e Sriram (2008) afirmam que os fungos são organismos muito mais complexos que vírus ou bactérias e podem desenvolver inúmeras doenças em plantas. As plantas têm desenvolvido vários mecanismos de defesa contra esses fungos, como produção de metabólitos secundários de baixo peso molecular, proteínas e peptídeos com atividade antifúngica. Neste trabalho é possível entender aspectos bioquímicos, regulação da expressão de genes, modo de ação dos mecanismos de defesa de várias proteínas *pathogenesis-related*, como α -glucanases, quitinases, proteína de ligação quitina, proteínas ricas em glicina-histidina, inativação da proteína do ribossomo e algumas novas proteínas antifúngicas. As proteínas *pathogenesis-related* se expressaram 11,2 vezes mais no clone tolerante em relação ao clone susceptível, o que pode indicar que este clone tolerante ao estresse hídrico poderia ser também mais tolerante ao ataque de patógenos, apesar das plantas analisadas não terem apresentado sintomas visuais relacionadas a doenças.

Bertolini et al. (2013) estudaram os papéis do miRNA em resposta a seca em folhas jovens de *Brachypodium distachyon*. A enzima *udp glucose 6 dehydrogenase* foi apontada neste trabalho como sendo uma enzima chave na biossíntese de parede celular expressa em tecidos em crescimento. Segundo Bertolini et al. (2013) esta enzima foi expressa em maior intensidade nos indivíduos sob estresse hídrico. Através da Tabela 7 é possível observar que esta enzima foi 20 vezes mais expressa no clone susceptível 41 quando comparado com o tolerante 62, assim pode-se supor que esta enzima não está relacionada com a característica de tolerância ao estresse hídrico, mas sim com alguma alteração química que ocorre na célula em resposta ao estresse hídrico.

Ainda na Tabela 7, na linha 16, é possível observar que a proteína *pleiotropic drug resistance protein 3 like* se expressou 5 vezes mais no clone susceptível 41 em relação ao clone tolerante 62. Isso pode indicar que esta proteína apesar de ter respondido ao tratamento com estresse hídrico, pode não possuir relação direta com a característica de tolerância da planta a este tipo de estresse. No trabalho de Amaral et al. (2007) é possível observar que as proteínas *Pleiotropic drug resistance (PDR)*, são uma subfamília dos transportadores ATP-binding cassette (ABC), e tem sido mostrado recentemente que estas proteínas desempenham um papel

importante na defesa da planta submetida tanto a estresses bióticos quanto a abióticos.

Em algumas linhas das Tabelas 5, 6 e 7 é possível observar que determinadas descrições de proteínas se repetem em mais de 1 linha, no entanto, o acesso relacionado a estas é diferente, mostrando que são isoformas distintas, que por sua vez podem apresentar ou não a mesma função, apesar de terem o mesmo nome.

Algumas proteínas não puderam ser discutidas e comparadas com a literatura pelo fato de não terem sido encontrados trabalhos relacionados às mesmas, ou ainda pela função da proteína não ter ficado muito clara.

5.6.1 Análise comparativa das proteínas exclusivas, significativas e não significativas

A quantidade de proteínas exclusivas e significativas para cada análise comparativa pode ser observada nos Diagramas de Venn, localizados nas Figuras 24, 25 e 26. Estes ilustram, respectivamente, a comparação entre clone susceptível (41) controle x tratamento, clone tolerante (62) controle x tratamento e por fim clone susceptível (41) tratamento x clone tolerante (62) tratamento.

É possível observar através da Figura 24 um total geral de 3136 proteínas encontradas no clone susceptível, sendo que 1878 são compartilhadas entre plantas controle e tratamento, 557 são exclusivas da planta controle e 701 são induzidas pelo tratamento.

Figura 24 - Diagrama de Venn representando o total de proteínas (exclusivas, significativas e não significativas) de raiz clone susceptível (41)

Já na Figura 25 observa-se que foi possível encontrar um total de 3322 proteínas, sendo que 1971 foram compartilhadas entre as plantas controle e tratamento do clone tolerante, 908 foram exclusivas do controle e 443 exclusivas do tratamento.

Figura 25 - Diagrama de Venn representando o total de proteínas (exclusivas, significativas e não significativas) de raiz clone tolerante (62)

E por fim, considerando a comparação entre tratamentos dos clones susceptível e tolerante (Tabela 26), encontrou-se um total de 1907 proteínas compartilhadas, sendo 685 exclusivas do clone susceptível 41 tratamento e 455 exclusivas do clone tolerante 62 tratamento.

Figura 26 - Diagrama de Venn representando o total de proteínas (exclusivas, significativas e não significativas) de raiz clone tolerante (62)

5.6.2 Processos biológicos das proteínas significativas

As proteínas encontradas foram analisadas no programa Blast2GO e a partir deste foi possível desenvolver a Figura 27 que ilustra o nível de expressão (%) das proteínas significativas e sua respectiva atividade biológica em cada condição de estudo, ou seja, clone susceptível (41) controle e tratamento e clone tolerante (62) controle e tratamento.

Assim é possível realizar uma análise comparativa em relação aos processos biológicos desempenhados pelas proteínas identificadas. Algumas características interessantes para serem apontadas são em relação aos processos catabólicos - nos quais as proteínas envolvidas tenderam a um nível de expressão relativamente superior nos controles em relação aos tratamentos, resposta ao estresse e resposta ao estímulo abiótico - nos quais as proteínas relacionadas a estes processos apresentaram um aumento no nível de expressão no tratamento em relação ao controle (Figura 27).

Com a intenção de se discutir sobre as funções moleculares e componentes celulares das proteínas significativas relacionadas somente às características de “resposta ao estresse” e “resposta ao estímulo abiótico”, identificadas em amarelo a Figura 28 “a”, utilizou-se novamente o programa Blast2GO, que por sua vez originou a Figura 28, “b” e “c”.

A Figura 28 “a” ilustra os processos biológicos no nível 3 do Blast2GO de todas as proteínas significativas nos tratamentos. É possível observar que as proteínas identificadas participam de 29 processos biológicos.

Os itens “resposta ao estresse” e “resposta ao estímulo abiótico” foram selecionados (em amarelo) para serem verificados em relação à função molecular níveis 2 e 3 e componente celular – nível 3 (Figura 28 “b” e “c”).

Na Figura 28 “b”, nível 2, é possível observar que a grande maioria das proteínas significativas dos tratamentos apresenta a função de ligação e atividade catalítica. Já na Figura 28 “b”, nível 3, que mostra as funções moleculares de maneira mais detalhada, é possível observar que estas proteínas estão mais relacionadas com ligação de pequenas moléculas, ligação protéica e atividade hidrolase.

E por fim, na Figura 28 “c” é possível observar que estas proteínas significativas expressas nos tratamentos (clones tolerante e susceptível) estão localizadas principalmente nas células, organelas e membranas.

Expressão de proteínas significativas e seu processo biológico

Figura 27 - Nível de expressão (%) das proteínas significativas e sua respectiva atividade biológica em cada condição de estudo: clone susceptível (41) controle e tratamento e clone tolerante (62) controle e tratamento

Figura 28 – a = Processos biológicos, nível 3 desempenhados somente pelas plantas tratamento de ambos os clones; b = Função molecular, nível 2 e 3 desempenhado pelas plantas tratamento somente nos processos biológico “resposta ao estresse” e “resposta ao estímulo abiótico”; c = Componente celular, nível 3 desempenhado pelas plantas tratamento somente nos processos biológico “resposta ao estresse” e “resposta ao estímulo abiótico”

Segundo Taiz e Zeiger (2004), conforme a planta tolera mais o estresse, com o passar do tempo, esta se torna aclimatada, porém, não adaptada, pois adaptação se refere a um nível de resistência geneticamente determinado, que por sua vez é adquirido por processos de seleção durante muitas gerações. Dessa forma, a adaptação e a aclimação ao estresse ambiental resultam de eventos integrados que ocorrem em todos os níveis de organização, desde o anatômico e morfológico até celular, bioquímico e molecular. A seca é uma condição tolerada pelas plantas que sobrevivem a ela, mas não é evitada por nenhuma, assim, plantas capazes de obter mais água ou que possuem maior eficiência de uso resistem melhor a seca.

Ainda conforme Taiz e Zeiger (2004), mesmo um déficit hídrico moderado pode afetar a condutância estomática e desencadear a síntese do ácido abscísico (ABA), pois a absorção e a perda de água nas células-guarda modificam o seu turgor modulando a abertura e o fechamento estomático. O ABA desempenha papel importante na perda de solutos por um decréscimo no conteúdo de água da folha. Como é sintetizado continuamente em taxas baixas nas células do mesófilo, tende a se acumular nos cloroplastos e, quando o mesófilo torna-se moderadamente desidratado parte do ABA armazenado nos cloroplastos é liberada para os espaços intercelulares (apoplasto), sendo também sintetizado em taxas mais altas acumulando-se no apoplasto foliar. Ocorrem com isso, alterações na planta referentes ao crescimento entre a parte aérea e o sistema radicular e, às características morfológicas e genéticas específicas.

Como pode ser observado neste trabalho, uma grande gama de reações moleculares, relacionadas à proteínas de raiz, ocorrem nas células sob estresse hídrico, tanto no clone tolerante como no susceptível ao estresse hídrico.

Esta área de estudo é recente e espera-se ter contribuído mesmo que de maneira mínima no entendimento de como as proteínas respondem ao estresse hídrico em raízes de plantas.

Esta pesquisa possui um valor também inovador por ser um dos primeiros trabalhos que engloba a proteômica em raízes de eucalipto tolerante e susceptível ao estresse hídrico.

Assim como o presente trabalho, novos estudos relacionados a esta área são bem vindos, podendo contribuir na identificação de genes tolerantes ao estresse hídrico e que poderão ser utilizados no futuro na engenharia genética de plantas, contribuindo assim para a obtenção de plantas mais tolerantes ao estresse hídrico e

permitindo a ampliação das fronteiras agrícolas para ambientes propensos ao déficit hídrico.

5.7 Análise comparativa do metaboloma de raízes

Após o pré-processamento dos dados, obtidos por LC-MS, foram detectados no total 355 metabólitos, que foram posteriormente analisados para a determinação dos metabólitos diferencialmente expressos. Visando a análise global dos dados obtidos e considerando todas as variáveis do experimento (dois clones e dois tratamentos), foi realizado PCA, que gerou como resultado, a formação de quatro grupos: clone 41 susceptível tratamento (ST), clone 41 susceptível controle (SC), clone 62 tolerante controle (TC) e clone 62 tolerante tratamento (TT), conforme pode ser observado Figura 29. A variabilidade dos dados pode ser explicada pelos componentes R2X(1) (0.2783) e R2X(2) (0.2366) em 0.5149 (sendo maior que 0.5, mostrando a existência de diferença estatística), indicando a existência de uma expressão distinta de um mesmo metabólito entre os grupos e/ou a existência de expressão de diferentes metabólitos entre os grupos.

Nesta mesma Figura 29, é interessante observar que houve uma separação entre as amostras tratamento (localizadas a esquerda) e controle (localizadas a direita), independentemente do clone e amostras do clone tolerante (localizadas na região inferior da figura) e do clone susceptível (localizadas na região superior da figura).

Figura 29 - *Score-Plot* gerado a partir da análise de componentes principais, indicando diferenças no perfil metabólico das amostras. SC – clone 41 susceptível controle, ST – clone 41 susceptível tratamento, TC – clone 62 tolerante controle e TT – clone 62 tolerante tratamento

Como um dos objetivos deste trabalho é realizar análises comparativas, semelhantemente ao realizado com os resultados de proteômica, realizaram-se três diferentes comparações – agora em nível de metabólitos expressos pelas raízes das plantas em estudo. Estas comparações e os resultados encontrados nas mesmas poderão ser analisados ao longo do trabalho.

Como já citado, dos 355 metabólitos encontrados, a maioria foi estatisticamente expressa de maneira semelhante, e por isso não foi considerada nas discussões. Somente os metabólitos diferencialmente expressos foram abordados nas análises comparativas. As discussões se basearam na massa/carga (m/z) dos metabólitos abordados, pois o banco de dados não identificou um específico nome para a maioria dos metabólitos diferencialmente expressos e em alguns casos os nomes identificados não estavam relacionados a plantas.

As três análises comparativas realizadas (dois a dois por meio de OPLS-DA) foram: clone 41 susceptível ao estresse hídrico (controle x tratamento); clone 62 tolerante ao estresse hídrico (controle x tratamento) e por fim, clone 41 susceptível x clone 62 tolerante (tratamento x tratamento). Com estas análises comparativas foi possível observar qual ou quais metabólito(s) se diferiram e em qual intensidade sempre em relação a um tratamento (planta que se encontrava sob estresse hídrico).

A primeira análise comparativa, “clone 41 susceptível ao estresse hídrico (controle x tratamento)”, resultou na obtenção de um modelo estatisticamente válido ($R^2X > 0.62$ e Q^2 cum > 0.98) (Figura 30), após a remoção de um *outlier* (apresentado pelo controle). Neste caso, é possível verificar a clara separação do grupo controle (à esquerda) e tratamento (à direita), mostrando a presença de metabólitos diferencialmente expressos. Para identificação dos metabólitos que contribuíram para essa diferença, foi gerado um *Scatter-Plot* (S-Plot) (Figura 31). Foram identificados ao todo 12 metabólitos diferencialmente expressos, sendo oito metabólitos mais abundantes no controle e quatro no tratamento, conforme pode ser visualizado na Tabela 8.

Figura 30 - *Score-Plot* gerado a partir do OPLS-DA, indicando variação no perfil metabólico entre plantas controle e tratamento, do clone (41) susceptível. O eixo x ($t[1]P$) representa as variações entre os dois grupos (controle e tratamento) e o eixo y ($t[2]O$) representa variações ortogonais não correlacionadas. Os parâmetros estatísticos do modelo foram $R^2X > 0.52$ e Q^2 cum > 0.98 . A elipse tem 95% de confiabilidade pelo teste *Hotelling's* T^2

Figura 31 - *Scatter-Plot* indicando a contribuição de cada metabólito para separação dos grupos (controle e tratamento, clone 41 susceptível). Este gráfico está relacionado à Figura 30. Cada ponto representa um possível metabólito. O eixo y $p(corr)[1]P$ representa a correlação dos possíveis metabólitos em relação ao componente preditivo. O eixo x $coeffCS[2]$ representa a magnitude, contribuição de cada variável

Tabela 8 - Metabólitos diferencialmente expressos entre plantas controle e tratamento do clone (41) susceptível ao estresse hídrico

<i>m/z</i>	RT	Intensidade 41 SC	Intensidade 41 ST	Expressão (razão)
856,751	8,22	18,8234	156,555	8,3 x no tratamento
746,568	9,19	50,5436	255,003	5 x no tratamento
878,738	8,22	37,9659	186,679	4,9 x no tratamento
768,561	9,19	131,604	262,571	2 x no tratamento
954,332	2,37	121,375	8,40223	14,4 x no controle
568,403	7,37	303,409	131,316	2,3 x no controle
415,297	9,15	236,57	140,842	1,7 x no controle
139,062	1,28	263,079	170,767	1,5 x no controle
291,144	1,28	303,76	203,862	1,5 x no controle
593,304	2,84	254,187	173,296	1,5 x no controle
729,487	7,39	365,157	280,406	1,3 x no controle
288,343	8,75	374,2	292,277	1,3 x no controle

É possível observar na Tabela 1 que o metabólito m/z 954,332, foi 14,4 vezes mais abundante no controle e, os metabólitos m/z 856,751 (8 x), 746,568 (5 x) e 878,738 (5 x) mais abundantes no tratamento.

A segunda análise comparativa, “clone 62 tolerante ao estresse hídrico (controle x tratamento)” (Figura 32a) mostrou que pelo OPLS-DA houve a formação de dois grupos, no entanto, o modelo não foi estatisticamente significativo ($R^2X < 0.5$).

Isto mostra que o clone tolerante se expressou de maneira semelhante em nível metabólico quando seu controle foi comparado com o tratamento.

No entanto, observou-se formação de um subgrupo (*outlier*) (localizado ao lado esquerdo e superior da Figura 32a), dentro das amostras controle, indicando variação entre essas amostras e as demais, do mesmo grupo. Deste modo, as três amostras foram excluídas e um novo modelo foi gerado (Figura 32b).

Nesta Figura 32b é possível observar que há a formação de dois grupos (controle a esquerda e tratamento a direita) e o modelo de OPLS-DA foi válido ($R^2X > 0.57$ e Q^2 cum > 0.96). Para identificação dos metabólitos que contribuíram para essa diferença, foi gerado um *Scatter-Plot* (*S-Plot*) (Figura 33). Foram identificados nove metabólitos diferencialmente abundantes entre os grupos, sendo sete metabólitos mais abundantes no tratamento e dois no controle (Tabela 9), com destaque para os metabólitos m/z 315,255 e 729,487 que foram cerca de 7 vezes mais abundantes no controle e os metabólitos m/z 856,751 (8,5x); 746,568 (8,1x) e 878,738 (5,1x) mais abundantes no tratamento.

Figura 32 - *Score-Plot* gerado a partir do OPLS-DA, indicando variação no perfil metabólico entre plantas controle e tratamento, do clone tolerante. O eixo x ($t[1]P$) representa as variações entre os dois grupos (controle e tratamento) e o eixo y ($t[2]O$) representa variações ortogonais não correlacionadas. a – Modelo estatisticamente não significativo $R^2X < 0.5$. b – modelo estatisticamente significativo $R^2X > 0.52$ e Q^2 cum > 0.98 . A elipse tem 95% de confiabilidade pelo teste *Hotelling's T*²

Figura 33 - *Scatter-Plot* indicando a contribuição de cada metabólito para separação dos grupos (controle e tratamento). Este gráfico corresponde a Figura 32 b. Cada ponto representa um possível metabólito. O eixo y $p(\text{corr})[1]P$ representa a correlação dos possíveis metabólitos em relação ao componente preditivo. O eixo x $\text{coeffCS}[2]$ representa a magnitude, contribuição de cada variável

Tabela 9 - Metabólitos diferencialmente abundantes entre plantas controle e tratamento do clone (62) tolerante

<i>m/z</i>	RT	Intensidade 62 TC	Intensidade 62 TT	Expressão (razão)
856,751	8,22	22,5473	192,333	8,5 x no tratamento
746,568	9,19	31,8003	257,412	8,1 x no tratamento
878,738	8,22	45,8295	234,959	5,1 x no tratamento
568,403	7,37	72,8256	292,149	4 x no tratamento
563,328	2,98	56,793	214,847	3,8 x no tratamento
768,561	9,19	107,949	271,065	2,5 x no tratamento
395,206	1,5	109,605	250,165	2,3 x no tratamento
315,255	9,85	497,419	66,6877	7,5 x no controle
729,487	7,39	356,161	50,7404	7 x no controle

Por fim foi realizada a terceira análise comparativa “clone 41 susceptível x clone 62 tolerante (tratamento x tratamento)”, que através do OPLS-DA foi gerada a Figura 34. Esta por sua vez mostra que houve diferença estatística entre os dois clones, por OPLS-DA ($R^2X > 0.55$ e Q^2 cum > 0.98). Para identificação dos metabólitos que contribuíram para essa diferença, foi feita a análise de *Scatter-Plot*

(*S-Plot*), que gerou a Figura 35. Foram encontrados cinco metabólitos diferencialmente expressos, sendo um mais expresso no clone susceptível, três mais expressos no clone tolerante e o metabólito m/z 607,3237 sendo expresso apenas no clone tolerante, conforme pode ser observado na Tabela 10.

O fato de ter sido encontrado somente 1 metabólito expresso no clone 62 tolerante, não sendo encontrado no clone 41 susceptível, é extremamente interessante, indicando que este metabólito pode estar relacionado com a característica de tolerância do clone 62. É importante ressaltar que apesar deste metabólito ter sido indicado como exclusivo do clone tolerante, este pode estar presente no clone 41 susceptível, mas em muito baixa concentração, não sendo assim identificado, já que foi utilizado o limite mínimo estabelecido de 250 (conforme descrito na metodologia) para identificação dos metabólitos.

Foi possível observar também que, dentre estes cinco metabólitos diferencialmente expressos entre os dois clones estudados, apenas dois (m/z 568,4027 e 729, 4867) haviam sido identificados anteriormente.

Figura 34 - *Score-Plot* gerado a partir do OPLS-DA, indicando variação no perfil metabólico entre plantas tratamento clones 41 e 62. O eixo x ($t[1]P$) representa as variações entre os dois grupos (41 tratamento e 62 tratamento) e o eixo y ($t[2]O$) representa variações ortogonais não correlacionadas. Modelo estatisticamente significativo $R^2X > 0.55$ e Q^2 com > 0.98 . A elipse tem 95% de confiabilidade pelo teste *Hotelling's T*²

Figura 35 - *Scatter-Plot* indicando a contribuição de cada metabólito para separação dos grupos (clone susceptível e controle). Este gráfico corresponde a Figura 34. Cada ponto representa um possível metabólito. O eixo y $p(corr)[1]P$ representa a correlação dos possíveis metabólitos em relação ao componente preditivo. O eixo x $coeffCS[2]$ representa a magnitude, contribuição de cada variável

Tabela 10 - Metabólitos diferencialmente abundantes entre os clones susceptível e tolerante, considerando as amostras com déficit hídrico

<i>m/z</i>	RT	Intensidade 41 ST	Intensidade 62 TT	Expressão (razão)
607,324	2,67	3,47E-06	191,602	10000 x no tolerante
549,312	2,42	23,1038	112,433	4,9 x no tolerante
568,403	7,37	131,316	292,149	2,2 x no tolerante
621,305	3,19	146,2	276,419	1,9 x no tolerante
729,487	7,39	280,406	50,7404	5,5 x no susceptível

Quando as três planilhas estão alinhadas e identificadas com linhas coloridas (mesma cor, corresponde ao mesmo metabólito) (Figura 36), é possível inferir algumas conclusões:

- 1- Os metabólitos de *m/z* 856,751 (cor azul), 746,568 (cor verde), 878,738 (cor amarela) e 768,561 (cor roxa) se expressaram nos dois clones sempre com maior intensidade no tratamento em relação ao controle.

Assim os mesmos provavelmente respondem à condição de estresse hídrico na planta.

- 2- O metabólito m/z 746,568 (cor verde) no clone 41 se expressou 5 x mais no tratamento, já no clone 62 este se expressou 8,1 x mais no tratamento, ou seja, este metabólito é expresso no clone tolerante em maiores proporções em relação ao clone susceptível quando submetidos ao estresse hídrico. Já os outros metabólitos de cores azul, amarelo e roxo se expressaram semelhantemente nos dois clones. Assim pode-se inferir que o metabólito m/z 746,568 (cor verde) contribui com a característica de tolerância na planta ao estresse hídrico com maior intensidade.
- 3- O metabólito m/z 568,403 (cor laranja) se encontra nas 3 análises comparativas, no entanto no clone 41 este é mais expresso no controle, e no clone 62 este é mais expresso no tratamento. E quando os dois clones são comparados, este metabólito é mais expresso no clone tolerante. Assim é possível que este metabólito esteja desempenhando na planta funções importantes e mais relacionadas à tolerância da planta ao estresse hídrico;
- 4- O metabólito m/z 729,487 (cor rosa) também esta presente em todas as análises comparativas, no entanto nos clones 41 e 62 este foi mais expresso no controle e quando os dois clones foram comparados, este foi mais expresso no clone 41 susceptível ao estresse hídrico. Assim é possível que este metabólito não esteja diretamente relacionado à característica de tolerância ao estresse hídrico na planta;
- 5- Observa-se ainda outros dois metabólitos que se expressaram somente em plantas tratamento do clone 62 tolerante ao déficit hídrico, sendo estes m/z 563,328 e m/z 395,206 (cor cinza). Assim acredita-se que estes metabólitos estão relacionados com a característica de tolerância a este tipo de estresse.
- 6- Quando o clone susceptível 41 foi comparado com o clone tolerante 62, ambos em tratamento, houve ainda a expressão de dois metabólitos m/z 549,312 e m/z 621,305 (cor marrom) de maneira superior no clone 62 tolerante, o que indica também que estes possuem relações com a tolerância ao estresse hídrico;

- 7- E por fim houve a presença de um único metabólito que se expressou somente no clone 62 tolerante (cor vermelha), o que implica que neste trabalho, este metabólito apresentou forte relação com a tolerância ao estresse hídrico.

a = Análise comparativa clone 41 susceptível controle (SC) x susceptível tratamento (ST)

<i>m/z</i>	RT	Intensidade 41 SC	Intensidade 41 ST	Expressão (razão)
856,751	8,22	18,8234	156,555	8,3 x no tratamento
746,568	9,19	50,5436	255,003	5 x no tratamento
878,738	8,22	37,9659	186,679	4,9 x no tratamento
768,561	9,19	131,604	262,571	2 x no tratamento
954,332	2,37	121,375	8,40223	14,4 x no controle
568,403	7,37	303,409	131,316	2,3 x no controle
415,297	9,15	236,57	140,842	1,7 x no controle
139,062	1,28	263,079	170,767	1,5 x no controle
291,144	1,28	303,76	203,862	1,5 x no controle
593,304	2,84	254,187	173,296	1,5 x no controle
729,487	7,39	365,157	280,406	1,3 x no controle
288,343	8,75	374,2	292,277	1,3 x no controle

b = Análise comparativa clone 62 tolerante controle (TC) x tolerante tratamento (TT)

<i>m/z</i>	RT	Intensidade 62 TC	Intensidade 62 TT	Expressão (razão)
856,751	8,22	22,5473	192,333	8,5 x no tratamento
746,568	9,19	31,8003	257,412	8,1 x no tratamento
878,738	8,22	45,8295	234,959	5,1 x no tratamento
568,403	7,37	72,8256	292,149	4 x no tratamento
563,328	2,98	56,793	214,847	3,8 x no tratamento
768,561	9,19	107,949	271,065	2,5 x no tratamento
395,206	1,5	109,605	250,165	2,3 x no tratamento
315,255	9,85	497,419	66,6877	7,5 x no controle
729,487	7,39	356,161	50,7404	7 x no controle

c = Análise comparativa clone 41 susceptível tratamnto (ST) x 62 tolerante tratamento (TT)

<i>m/z</i>	RT	Intensidade 41 ST	Intensidade 62 TT	Expressão (razão)
607,324	2,67	3,47E-06	191,602	10000 x no tolerante
549,312	2,42	23,1038	112,433	4,9 x no tolerante
568,403	7,37	131,316	292,149	2,2 x no tolerante
621,305	3,19	146,2	276,419	1,9 x no tolerante
729,487	7,39	280,406	50,7404	5,5 x no susceptível

Figura 36 - Alinhamento das planilhas de análise comparativa e identificação dos metabólitos por cores (mesma cor, corresponde ao mesmo metabólito)

5.7.1 Metabólitos comuns e exclusivos de cada análise comparativa

Após realização das três análises comparativas, discutidas acima, estas foram analisados através do Diagrama de Venn (Figura 37) (OLIVEROS, 2007), que mostra os metabólitos comuns a mais de uma comparação e ainda os exclusivos de cada comparação.

Os dois metabólitos comuns a todas as comparações são m/z 568,403 e 729,487. Já os metabólitos exclusivos dos tratamentos (41ST x 62TT) foram m/z 607,324 (indicado como sendo o metabólito exclusivo do clone 62), 549,312 (que se expressou 4,9 x a mais no clone 62 tolerante) e 621,305 (que se expressou 1,9 x a mais no clone 62 tolerante).

Dos três metabólitos exclusivos para o clone 62 tolerante (62TC x 62TT), dois estariam mais relacionados à característica de tolerância ao estresse hídrico, sendo estes os m/z 563,328 e 395,206, já que foram expressos com maior intensidade no tratamento. E o terceiro metabólito m/z 315,255 mais expresso no controle.

E por fim os seis metabólitos exclusivos da comparação 41SC x 41ST foram m/z 954,332; 415,297; 139,062; 291,144; 593,304 e 288,343. Todos estes, por sua vez foram mais expressos no controle e por isso provavelmente não apresentam nenhuma relação com a tolerância ao estresse hídrico ou com o próprio tratamento de estresse empregado.

Figura 37 – Metabólitos comuns e exclusivos de cada análise comparativa. SC = susceptível controle; ST = susceptível tratamento; TC = tolerante controle; TT = tolerante tratamento. Oliveros (2007)

Um único trabalho encontrado (SHVALEVA et al., 2005) que aborda as respostas metabólicas expressas por clones de *Eucalyptus globulus*, contrastantes quanto a sensibilidade a seca, quando expostos ao déficit hídrico, mostra que foram encontradas alterações nas concentrações de açúcares solúvel e insolúvel, prolina, proteínas totais e várias enzimas antioxidantes. Encontraram também uma diminuição geral no crescimento da planta causado pelo déficit hídrico e diminuição no potencial osmótico quando a seca se tornou grave. Em raízes de ambos os clones, a atividade da glutathione redutase aumentou significativamente em resposta ao déficit hídrico, sugerindo que esta enzima desempenha um papel protetor em raízes durante a seca por catalizar o catabolismo das espécies reativas ao oxigênio. Neste caso, um dos clones apresentou mecanismos de prevenção que o torna menos sensível à seca quando comparado ao segundo clone.

Para finalizar, os resultados da parte de metabolômica deste trabalho não puderam ser comparados com literaturas pelo motivo deste ser um dos primeiros trabalhos relacionados ao estudo de metabólitos de raízes de *Eucalyptus* tolerante e susceptível ao estresse hídrico.

Dessa forma, novos estudos relacionados a esta área são de extrema importância. Entender o metabolismo e poder relacioná-lo com as questões fisiológicas das plantas, de maneira mais detalhada, seria extremamente interessante. Esperou-se ter contribuído, mesmo que de maneira inicial, com informações convenientes para esta área de pesquisa.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Foi possível realizar a seleção de dois clones de *Eucalyptus grandis* x *E. camaldulensis*, sendo um tolerante e um susceptível ao estresse hídrico a partir de sementes de meio-irmãos. Assim como realizar análises fisiológicas nos mesmos com o objetivo de tentar encontrar diferenças em relação a estas características nos dois clones.

As análises comparativas de proteômica e metabolômica foram concluídas e a partir destas foi possível identificar proteínas e metabólitos que diferiram quando houve a comparação entre dois clones ou quando houve a comparação de um único clone (controle x tratamento).

Este é um trabalho muito interessante pois é um dos primeiros que envolve a identificação de proteínas e metabólitos em raiz de *Eucalyptus* susceptível e tolerante ao estresse hídrico.

Acredita-se que esta pesquisa pode contribuir para a identificação de genes tolerantes ao estresse hídrico e que poderão ser utilizados no futuro na engenharia genética de plantas, contribuindo assim para a obtenção de plantas mais tolerantes ao estresse hídrico e permitindo a ampliação das fronteiras agrícolas para ambientes propensos ao déficit hídrico.

O gênero *Eucalyptus* é extremamente importante para o setor florestal brasileiro e a possibilidade de seu cultivo em áreas com baixo déficit hídrico, através de clones tolerantes é muito conveniente.

Assim, espera-se com este trabalho ter contribuído mesmo que de maneira inicial, no entendimento de alguns parâmetros fisiológicos que acontecem no *Eucalyptus* submetido ao estresse hídrico assim como no entendimento da atividade de algumas proteínas e metabólitos relacionada a esta característica de déficit hídrico.

REFERÊNCIAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE NORMAS TÉCNICAS – NBR – 6023/2002. Normas para referências bibliográficas. Disponível em:

<http://www.biblioteca.btu.unesp.br/documentos/Normas_referencias_ABNT.pdf>. Acesso em: 02 ago. 2010.

ACQUADRO, A.; FALVO, S.; MILA, S.; ALBO, A.G.; COMINO, C.; MOGLIA, A.; LANTERI, S. Proteomics in globe artichoke: protein extraction and sample complexity reduction by PEG fractionation. **Electrophoresis**, New York, v. 30, p. 1594–1602, 2009.

AL AFAS, N.; MARRON, N.; CEULEMANS, R. Clonal variation in stomatal characteristics related to biomass production of 12 poplar (*Populus*) clones in a short rotation coppice culture. **Environmental and Experimental Botany**, Amsterdam, v. 58, p. 279-286, 2006.

ALTSCHUL, S.F.; MADDEN, T.L.; SCHÄFFER, A.A.; ZHANG, J.; ZHANG, Z.; MILLER, W.; LIPMAN, D.J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic Acids Research**, London, v. 25, p.3389-3402, 1997.

AMARAL, A. M.; SAITO, D.; FORMIGHIERI, E. F.; RABELLO, E.; SOUZA, N. A.; SILVA-STENICO, M. E.; TSAI, S. M. Identification of citrus expressed sequence tags (ESTs) encoding pleiotropic drug resistance (PDR)-like proteins. **Genetics and Molecular Biology**. Ribeirão Preto, v. 30, n. 3 (suppl), p. 857-865, 2007.

ANDERSON, J.E., WILLIAM, J., KRIEDEMANN, P., AUSTIN, M.P., FARQUHAR, G.D. Correlations between carbon isotope discrimination and climate of native habitats for diverse eucalypt taxa growing in a common garden. **Australian Journal of Plant Physiology**, Austrália, v. 23, p. 311–320, 1996.

ANGELOPOULOS, K., DICHIO, B., XILOYANNIS, C. Inhibition of photosynthesis in olive trees (*Olea europaea* L.) during water stress and rewatering. **Journal of Experimental Botany**, Amsterdam, v. 47, p. 1093-1100. 1996.

ARNDT, S.K.; LIVESLEY, S.J.; MERCHANT, A.; BLEBY, T.M.; GRIERSON, P. F. Quercitol and osmotic adaptation of field-grown *Eucalyptus* under seasonal drought stress. **Plant, Cell and Environment**, Hoboken, v. 31, p. 915–924, 2008.

ARRIEL, E.F. **Divergência genética em *Cnidioscolus phyllacanthus* (Mart.) Pax. Et K. Hoffm.** 2004, 89p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

BACHELARD, E.P. Effects of soil moisture stress on the growth of seedlings of three eucalypt species. II. Growth effects. **Australia Forestry Research**, Austrália, v.16, p.51–61, 1986.

BAIROCH, A.; APWEILER, R.; WU, C. H.; BARKER, W. C.; BOECKMANN, B.; FERRO, S.; GASTEIGER, E.; HUANG, H.; LOPEZ, R.; MAGRANE, M.; MARTIN, M. J.; NATALE, D. A.; O'DONOVAN, C.; REDASCHI, N.; YEH, L. S. L. The Universal Protein Resource (UniProt). **Nucleic Acids Research**, London, v. 33, p. 154-159, 2005.

BAKER, N. R. A possible role for photosystem II in environmental perturbations of photosynthesis. **Physiologia Plantarum**, Lund, v. 81, n.4, p. 563-70, 1991.

BAN, N.; NISSEN, P.; HANSEN, J.; CAPEL, M.; MOORE, P. B.; STEITZ, T. A. Placement of protein and RNA structures into a 5 Å-resolution map of the 50S ribosomal subunit. **Nature**, London, v. 400, p. 841-847, 1999.

BERTOLINI, E.; VERELST, W.; HORNER, D.S.; GIANFRANCESCHI, L.; PICCOLO, V.; INZÉ, D.; PÉ, M.E.; MICA, E. Addressing the Role of microRNAs in Reprogramming Leaf Growth during Drought Stress in *Brachypodium distachyon*. **Molecular Plant**, Oxford, 22p. 2013.

BORAD, V.; SRIRAM, S. Pathogenesis-Related Proteins for the Plant Protection. **Asian Journal of Experimental Sciences**, Ahmadabad. v. 22, n. 3, p. 189-196, 2008.

BOYER, J. S. Leaf enlargement and metabolic rates in corn, soybean, and sunflower at various leaf water potenciales. **Plant Physiology**, London, v. 46, p. 233-235. 1970.

BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principles of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, New York, v. 72, n. 1/2, p. 248-254, 1976.

BRAY, E.A. Plant responses to water deficit. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v.2, p.48-54, 1997.

CALLISTER, A.N.; ARNDT, S.K.; ADAMS, M.A. Comparison of four methods for measuring osmotic potential of tree leaves. **Physiologia Plantarum**, Lund, v.127, p.383-392, 2006.

CAMARGO, M.A.B.; MARENCO, R.A. Density, size and distribution of stomata in 35 rainforest tree species in Central Amazonia. **Acta Amazonica**, Amazonia, v. 41, n.2, p. 205 – 212, 2011.

CAMBRAIA, J. Aspectos bioquímicos, celulares e fisiológicos dos estresses nutricionais em plantas. In: NOGUEIRA, R.J.M.C.; ARAÚJO, E. DE L.; WILLADINO, L.G.; CAVALCANTE, U.M.T.; (Ed.). **Estresses ambientais: danos e benefícios em plantas**. Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, 2005. p.95-105.

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 analyses. **Electrophoresis**, New York, v.25, p. 1327-1333, 2004.

CÁNOVAS, F.M.; DUMAS-GAUDOT, E.; RECORBET, G.; JORRIN, J.; MOCK, H.P.; ROSSIGNOL, M. Plant proteome analysis. **Proteomics**, Weinheim, v. 4, p. 285- 298, 2004.

CARUSO, G.; CAVALIERE, C.; FOGLIA, P.; GUBBIOTTI, R.; GUARINO, C.; SAMPERI, R.; LAGANA, A. Analysis of drought responsive proteins in wheat (*Triticum durum*) by 2D-PAGE and MALDITOF mass spectrometry. **Plant Science**, Amsterdam, v. 177, n. 6, p. 570-576, 2009.

CARVALHO, C.J.R. Respostas de plantas de *Schizolobium amazonicum* [S. *Parahyba* var. *amazonicum*] e *Schizolobium parahyba* [*Schizolobium parahybum*] à deficiência hídrica. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.29, p.907-914, 2005.

CHAPIN, F. S., AUTUNM, K., PUGNAIRE, F. Evolution of suites of traits in response to environmental stress. **American Naturalist**, Chicago, v. 142, p. 79-92. 1993.

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

CHAVES, J. H.; REIS, G. G.; REIS, M. G. F.; NEVES, J. C. L.; PEZZOPANE, J. E. M.; POLLI, H. Q. Seleção precoce de clones de eucalipto para ambientes com disponibilidade diferenciada de água no solo: relações hídricas de plantas em tubetes. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.28, n.3, p.333-341, 2004.

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

CHAVES, M. M., PEREIRA, J. S., MAROCO, J., RODRIGUES, M. L., RICARDO, C. P. P., OSORIO, M. L., CARVALHO, I., FARIA, T., PINHEIRO, C. How plants cope with water stress in the field? Photosynthesis and growth. **Annals of Botany**, Oxford, v. 89, p. 907-916, 2002.

CHINI, A.; GRANT, J. J.; SEKI, M.M. SHINOZAKI, K.; LOAKE, G.J. Drought tolerance established by enhanced expression of the *CC-NBS-LRR* gene, *ADR1*, requires salicylic acid, EDS1 and ABI1. **The Plant Journal**, London, v. 38, n. 5, p. 810–822, 2004.

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

CORNIC, G. Drought stress inhibits photosynthesis by decreasing stomatal aperture – not by affecting ATP synthesis. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v.5, p. 183-221, 2000.

COSTA E SILVA, F.; SHVALEVA, A.; MAROCO, J. P.; ALMEIDA, M.H.; CHAVES, M.M.; PEREIRA, J.S. Responses to water stress in two *Eucalyptus globulus* clones differing in drought tolerance. **Tree Physiology**, Victoria, v. 24, p. 1165–1172, 2004.

COSTA E SILVA, F.; SHVALEVA, A.; BROETTO, F.; ORTUÑO, M. F.; RODRIGUES, M.L.; ALMEIDA, M.H.; CHAVES, M.M.; PEREIRA, J.S. Acclimation to short-term low temperatures in two *Eucalyptus globulus* clones with contrasting drought resistance. **Tree Physiology**, Victoria, v. 29, p. 77-86, 2008.

COSTA E SILVA, F.; SHVALEVA, A.; HELENA ALMEIDA, M.; MANUELA CHAVES, M.; PEREIRA, J. S. Responses to chilling of two *Eucalyptus globulus* clones with contrasting drought resistance. **Functional Plant Biology**, Melbourne, v. 34, p. 793–802, 2007.

CROSS, J. V.; TEMPLETON, D. J. Oxidative stress inhibits MEKK1 by sitespecific glutathionylation in the ATP-binding domain. **Biochemical Journal**, London, v.381, p. 675–683, 2004.

CROTEAU, R.; KUTCHAN, T. M.; LEWIS, N. G. Natural products (secondary metabolites). In: BUCHANAN, B.; GRUISSEM, W.; JONES, R. **Biochemistry & molecular biology of plants**. Rockville: American Society of Plant Physiologists, 2000. 1408p.

DALMOLIN, A. C. **Potencial fotossintético de plantas jovens de Cambará (Vochysia divergens Pohl) sob condições de sombra e alagamento**. 2009. 61p. Dissertação (Mestrado em Física Ambiental) - Universidade Federal Mato Grosso, Cuiabá, 2009.

DE LUCIA, E.H.; HECKATHORN, S.A. The effect of soil drought on water use efficiency in a contrasting Great Basin desert and Sierran montane species. **Plant, Cell and Environment**, Hoboken, v.12, p.935-940, 1989.

DELOUKAS, P.; SCHULER, G.D.; GYAPAY, G.; BEASLEY, E.M.; SODERLUND, C.; RODRIGUEZ-TOME, P.; HUI, L.; MATISE, T. C.; MCKUSICK, K. B.; BECKMANN, J. S.; BENTOLILA, S.; BIHOREAU, M.; BIRREN, B. B.; BROWNE, J.; BUTLER, A.; CASTLE, A. B.; CHIANNILKULCHAI, N.; CLEE, C.; DAY, P. J.; DEHEJIA, A.; DIBLING, T.; DROUOT, N.; DUPRAT, S.; FIZAMES, C.; FOX, S.; GELLING, S.; GREEN, L.; HARRISON, P.; HOCKING, R.; HOLLOWAY, E.; HUNT, S.; KEIL, S.; LIJNZAAD, P.; LOUIS-DIT-SULLY, C.; MA, J.; MENDIS, A.; MILLER, J.; MORISSETTE, J.; MUSELET, D.; NUSBAUM, H. C.; PECK, A.; ROZEN, S.; SIMON, D.; SLONIM, D. K.; STAPLES, R.; STEIN, L. D.; STEWART, E. A.; SUCHARD, M. A.; THANGARAJAH, T.; VEGA-CZARNY, N.; WEBBER, C.; WU, X.; HUDSON, J.; AUFRAY, C.; NOMURA, N.; SIKELA, J. M.; POLYMEROPOULOS, M. H.; JAMES, M. R.; LANDER, E. S.; HUDSON, T. J.; MYERS, R. M.; COX, D. R.; WEISSENBAACH, J.; BOGUSKI, M. S.; BENTLEY, D. R. A physical map of 30,000 human genes. **Science**, London, v. 282, p. 744-746, 1998.

DE VOS, R.C.H.; MOCO, S.; LOMMEN, A.; KEURENTJES, J.J.B.; BINO, R.J.; HALL, R.D. Untargeted large-scale plant metabolomics using liquid chromatography coupled to mass spectrometry. **Nature Protocols**. London, v.2, p.778-791, 2007.

DRUMOND M. A.; LIMA, P.C.F.; SANTOS, R.A.V. Comportamento de algumas espécies/procedências de *Eucalyptus* no município de Lagoa Grande-PE. **Brasil Florestal**, Brasília, n. 78, p. 75-80, 2003.

DRUMOND, M. A. Reflorestamento na região Semi-Árida do Nordeste brasileiro In: NOVAIS, A. B. de; SÃO JOSÉ, A. R.; BARBOSA, A. de A.; SOUZA, I. V. B. **Reflorestamento no Brasil**. Vitória da Conquista-BA: UESB. 1992. p. 28-34.

DUNIN, F.X.; ASTON, A.R. The development and proving of models of large-scale evapotranspiration: an Australian study. **Agricultural Water Management**, Amsterdam, v.8, p.305-323, 1984.

FIALHO, E.; MORENO, F. S.; THOMAS, P.. Nutrição no pós-genoma: fundamentos e aplicações de ferramentas ômicas. **Revista de Nutrição**, Campinas, v.21, n.6, p. 757-766, 2008.

FLEXAS, J, ESCALONA, J.M.; MEDRANO, H. Water stress inducee different photosynthesis and electrón transport rate regulation in grapevine. **Plant, Cell and Environment**, Hoboken, v.121, p.39-48, 1999.

FLEXAS, J.; BOTA, J.; ESCALONA, J.M.; SAMPOL, B.; MEDRANO, H. Effects of drought on photosynthesis in grapevines under field conditions. **Functional Plant Biology**, Melbourn, v.29, p.461-471, 2002.

FLEXAS, J., MEDRANO, H. Drought-inhibition of photosynthesis in C3 plants: stomatal and non-stomatal limitations revisited. **Annals of Botany**, Oxford, v. 89, p. 183–189, 2002.

FRANCO, A.C.; Ecofisiologia de Plantas do Cerrado. In: CONGRESSO BRASILEIRO DA SOCIEDADE BOTÂNICA DE SÃO PAULO, 14., 2002, Rio Claro. **Anais...** Rio Claro: SBSP, 2002. 3 p.

GIBSON, A., HUBICK, K.T., BACHELARD, E.P. Effects of abscisic acid on morphological and physiological responses to water stress in *Eucalyptus camaldulensis* seedlings. **Australian Journal of Plant Physiology**. Australia, v.18, p. 153–163, 1991.

GIVNISH, T.J. Adaptation to sun and shade: a whole-plant perspective. **Australian Journal of Plant Physiology**, Australia, v. 15, p. 63-92, 1988.

GOODSTEIN, D.M.; SHU, S.; HOWSON, R.; NEUPANE, R.; HAYES, R.D.; FAZO, J.; MITROS, T.; DIRKS, W.; HELLSTEN, U.; PUTNAM, N.; ROKHSAR, D.S. Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. **Nucleic Acids Research**, London, v. 40. Database issue, 2012.

GOLLAN, T.; TURNER, N.C.; SCHULZE, E.D. The responses of stomata and leaf gas exchange to vapour pressure deficits and soil water content. **Oecologia**, Berlin, v.65, p.356-362, 1985.

GUO, L.; DEVAIAH, S. P.; NARASIMHAN, R.; PAN, X.; ZHANG, Y.; ZHANG, W.; WANG, X. Cytosolic Glyceraldehyde-3-Phosphate Dehydrogenases interact with Phospholipase D δ to transduce hydrogen peroxide signals in the *Arabidopsis* response to stress. Missouri. **The Plant Cell**, Rockville, v. 24, n.5, p. 2200-2212, 2012

HAHN, S. The role of TAFs in RNA polymerase II transcription. **Cell**, Cambridge, v. 95, p. 579-582, 1998.

HARE, P. D., CRESS, W. A., VAN STADEN, J. Dissecting the roles of osmolyte accumulation during stress. **Plant Cell and Environment**, Hoboken, v. 21, p. 535–553, 1998.

HINCKLEY, T.M.; RICHTER, H.; SCHULTE, P.J. Water relations. In: RAGHAVENDRA, A.S. (Ed.) **Physiology of trees**. New York:Wiley Interscience. 1991. p.137-162.

HOAGLAND, D.; ARNON, D.I. **The water culture method for growing plants without soil**. California: Agriculture Experimental Station Circular, 1950. 347 p.

HOFFMAN, D. E.; JONSSON, P.; BYLESJÖ, M.; TRYGG, J.; ANTTI, H.; ERIKSSON, M. E.; MORITZ, T. Changes in diurnal patterns within the *Populus* transcriptome and metabolome in response to photoperiod variation. **Plant, Cell and Environment**. Hoboken, v. 33, p. 1298–1313, 2010.

HSIAO, T. C. Plant responses to water stress. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 24, p. 519–570, 1973.

HSIAO, T.C.; XU, L.K. Sensitivity of growth of roots versus leaves to water stress: biophysical analysis and relation to water transport. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 51, p. 1595–1616, 2000.

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.

IETSWAART, R.; WU, Z.; DEAN, C. Flowering time control: another window to the connection between antisense RNA and chromatin. **Trends in Genetics**, Cambridge, v. 28, n. 9, p.445-53, 2012.

INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE. **Climate Change 2007: The Physical Science Basis**. Contribution of Working Group I to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge, 2007. 996p.

JONES, H.G. **Plants and Microclimate**. Cambridge: University Press, 1992. 425p.

KIM, S.T.; CHO, K.S.; JANG, Y.S.; KANG, K.Y. Two-dimensional electrophoretic analysis of rice proteins by polyethylene glycol fractionation for protein arrays. **Electrophoresis**, New York, v. 10, p.2103–9, 2001.

KRAMER, P. J. BOYER, J. S. **Water relations of plant and soils**. San Diego: Elsevier Science, 1995. 495p.

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

LALUK, K.; ABUQAMAR, S.; MENGISTE, T. The Arabidopsis Mitochondria-Localized Pentatricopeptide Repeat Protein PGN Functions in Defense against Necrotrophic Fungi and Abiotic Stress Tolerance. **Plant Physiology**, London, v. 156, p. 2053–2068, 2011.

LAMBERS, H., POORTER, H. Inherent variation in growth rate between higher plants: a search for physiological causes and ecological consequences. **Advances in Ecological Research**, Massachusetts, 23, p. 187-261. 1992.

LARCHER, W. **Physiological Plant Ecology**. Berlin: Springer, 1995. 506 p.

LARCHER, W. **Ecofisiologia Vegetal**. São Carlos: Rima, 2000. 531 p.

LEMCOFF, J.H., GUARNASCHELLI, A.B., GARAU, A.M., BASCIALI, M.E., GHERSA, C.M. Osmotic adjustment and its use as a selection criterion in Eucalyptus seedlings. **Canadian Journal Forest. Research**, Canadá, v. 24, p. 2404–2408, 1994.

LEVITT, J.V. **Responses of Plants to Environmental Stresses**. New York: Academic Press, 1972. 697p.

LI, C. Some aspects of leaf water relations in four provenances of Eucalyptus microtheca seedlings. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 111, p. 303–308, 1998.

LI, C.; WANG, K. Differences in drought responses of three contrasting Eucalyptus microtheca F. Muell. populations. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 179, p. 377–385, 2003.

LI, G.Z.; VISSERS, J.P.; SILVA, J.C.; GOLICK, D.; GORENSTEIN, M.V.; GEROMANOS, S.J. Database searching and accounting of multiplexed precursor and product ion spectra from the data independent analysis of simple and complex peptide mixtures. **Proteomics**, Weinheim, v.9, n.6, p. 1696-1719, 2009.

LIBARDI, P.L. **Dinâmica da Água no Solo**. São Paulo: EDUSP. 2005. 344p.

LIMA, W.P. **Impacto Ambiental do Eucalipto**. São Paulo: Universidade de São Paulo, 1996. 301p.

LIMA, W.P.; JARVIS, P.; RHIZOPOULOU, S. Stomatal responses of Eucalyptus species to elevated CO₂ concentration and drought stress. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.60, n.2, p.231-238, 2003.

LIMA, P.C.F.; OLIVEIRA, V.R. de. Espécies e procedências do gênero *Eucalyptus* para a região do Espinhaço Meridional da Bahia. In: IUFRO - CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPT, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: Embrapa Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, 1997. v.1, p.151-156.

LIMA, P. C. F.; PIRES, I.E. Ensaio de procedências de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Petrolina-PE. **EMBRAPA-CPATSA**, Petrolina, v. 33, 3p., 1985.

LIU, Z.; KARMARKAR, V. Groucho/Tup1 family co-repressors in plant development. Review. Maryland – USA. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v.13, n.3, p. 137-144, 2008.

LONGUI, B. M. **Fotossíntese e relações hídricas de espécies de Eucalyptus sp. Submetidas a diferentes regimes hídricos**. 2007. 34p. Dissertação (Mestrado em agronomia) - Universidade do Oeste Paulista, Presidente Prudente, 2007.

LONG, S.P.; HÄLLGREN, J.E. Measurements of CO₂ assimilation by plants in the field and laboratory. In: HALL, D.O., SCURLOCK, J.M.O., BOLHAR-NORDENKAMPF, H.R., LEEGOOD, R.C., LONG, S.P. (Eds.). **Photosynthesis and productivity in a changing environment: a field and laboratory manual**. London: Chapman and Hall. 1993. p. 129 - 167.

LOPES, C. S.D.; NOLASCO, A.M.; FILHO, M.T.; DIAS, C.T.D.S.; PANSINI, A. Estudo da massa específica básica e da variação dimensional da madeira de três espécies de eucalipto para a indústria moveleira. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 21, n. 2, p. 315-322. ISSN 0103-9954 315. 2011.

MA H-S.; LIANG, D.; SHUAI, P.; XIA, X-L.; YIN, W-L. The salt- and drought-inducible poplar GRAS protein SCL7 confers salt and drought tolerance in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Experimental Botany**, Oxford. v. 61, n. 14, p. 4011–4019, 2010.

MALAVOLTA, E.; VITTI, G.C.; OLIVEIRA, S.A. **Avaliação do estado nutricional de plantas: Princípios e aplicações**. Piracicaba: Potafos, 1997. 319 p.

MARSCHNER, H. **Mineral nutrition of higher plants**. 2. Ed. London: Academic Press, 1995. 889p.

MYERS, B., LANDSBERG, J. Water stress and seedling growth of eucalypt species from contrasting habitats. **Tree Physiology**, Victoria, v. 5, p. 207–208, 1989.

MUGFORD, S. T.; QI, X.; BAKHT, S.; HILL, L.; WEGEL, E.; HUGHES, R. K.; PAPADOPOULOU, K.; MELTON, R.; PHILO, M.; SAINSBURY, F.; LOMONOSSOFF, G. P.; ROY, A. D.; GOSS, R. J. M.; OSBOURN, A. A Serine Carboxypeptidase-Like Acyltransferase Is Required for Synthesis of Antimicrobial Compounds and Disease Resistance in Oats. United Kingdom. **The Plant Cell**, Rockville, v. 21, p. 2473–2484, 2009.

MURAD, A.; SOUZA, G.; GARCIA, J.; RECH, E. **Characterisation and quantitation expression analysis of recombinant proteins in plant complex mixtures using nanoUPLC mass spectrometry**. Protocol Exchange, Nature, London, 2011. Disponível em: <<http://www.nature.com/protocolexchange/protocols/2046>>. Acesso em: 1 mar. 2013.

NAKAGARA, S.; SAGISAKA, S. Increases in enzyme activities related to ascorbate metabolism during cold acclimation in poplar twigs. **Plant Cell Physiology**, Kyoto, v. 25, p. 822–824, 1984.

NARDINI, A., LO GULLO, M.A.; SALLEO, S. Competitive strategies for water availability in two Mediterranean *Quercus* species. **Plant Cell and Environment**, Nottingham, v. 22, p.109–116, 1999.

NEIVA, L.C. S. **Influencia do potássio sobre a economia de água de quatro cultivares de arroz submetidos à déficit hídrico**. 1977. 35p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1977.

NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N.; FARIAS, J. R. B.; OYA, T. Tolerância à seca em plantas: mecanismos fisiológicos e moleculares. **Biotechnologia Ciência & Desenvolvimento**, Brasília, n. 23, p. 12-18, 2001.

NESATYY, V.J., SUTER, M.J. Proteomics for the analysis of environmental stress response in organisms. **Environmental Science Technology**, Washington, v. 41, n. 20, p. 6891-900, 2007.

NOGUEIRA, R.J.M.C.; ALBUQUERQUE, M.B. de; SILVA, E.C. da. Aspectos ecofisiológicos da tolerância à seca em plantas da caatinga. In: NOGUEIRA, R.J.M.C.; ARAÚJO, E. DE L.; WILLADINO, L.G.; CAVALCANTE, U.M.T. (Ed.). **Estresses ambientais: danos e benefícios em plantas**. Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, 2005. p.22-31.

NOGUEIRA, R.J.M.C.; MORAES, J.A.P.V.; BURITY, H.A.; BEZERRA NETO, E. Alterações na resistência à difusão de vapor das folhas e relações hídricas em aceroleiras submetidas à déficit de água. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, Campinas, v.13, p.75-87, 2001.

OLIVEIRA, V. R. de LIMA, P. C. F. **Ensaio de procedências de *Eucalyptus creba* F. Muell em Petrolina**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1990. 2p.

OLIVEROS, J.C. **VENNY**: An interactive tool for comparing lists with Venn Diagrams. 2007. Disponível em: <<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>>. Acesso em: 25 mar. 2013.

OSÓRIO, J., OSÓRIO, M.L.; CHAVES, M.M.; PEREIRA, J.S. Effects of water deficits on ¹³C discrimination and transpiration efficiency of *Eucalyptus globulus*. **Australia Journal Plant Physiology**, Australia, v. 25, p.645–653, 1998a.

OSÓRIO, J.; OSÓRIO, M.L.; CHAVES, M.M.; PEREIRA, J.S. Water deficits are more important in delaying growth than in changing patterns of carbon allocation in *Eucalyptus globulus*. **Tree Physiology**, Victoria, v. 18, p.363–373, 1998b.

OSAWA, T., RAMARATHNAM, N.; KAWAKISHI, S.; NAMIKI, M. Antioxidative defense systems generated by phenolic plant constituents. In Phenolic Compounds in Food and their Effects on Health II. Antioxidants and Cancer Prevention. Eds. M.T. Huang, C.T. Ho and C.Y. Lee. **ACS Symposium Series**, Washington, v. 507, p. 122–134, 1992.

PAIVA, A.S.; FERNANDES, E.J.; RODRIGUES, T.J.D.; TURCO, J.E.P. Condutância estomática em folhas de feijoeiro submetido a diferentes regimes de irrigação. **Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v.25, p.161-169, 2005.

PANDEY, A.; MANN, M. Proteomics to study genes and genomes. **Nature**, London, v. 405, p. 837- 846, 2000.

PAUWELS, L.; BARBERO, G. F.; GEERINCK, J.; TILLEMANN, S.; GRUNEWALD, W.; PÉREZ, A. C.; CHICO, J. M.; BOSSCHE, R. V.; SEWELL, J.; GIL, E.; GARCÍA-CASADO, G.; WITTERS, E.; INZÉ, D.; LONG, J.A.; JAEGER, G.; SOLANO, R.; GOOSSENS, A. NINJA connects the co-repressor TOPLESS to jasmonate signalling. Bélgica, Espanha, USA. **Nature**, London. v. 464, p.788-791, 2010.

PEREIRA, J.L. **Proteoma comparativo de xilema de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus globulus***. 2007. 581p. Dissertação (Mestrado)- Universidade Católica de Brasília, Brasília, 2007.

PERES, T. V. **Avaliação da neurotoxicidade do manganês em modelos *in vitro* de fatias estriatais e hipocâmpais de ratos e células de neuroblastoma humano SH-SY5Y**. Brasília, 2011. 62p. Dissertação (Mestrado em Bioquímica). Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2011.

PIMENTEL, C. Respostas fisiológicas à falta d'água: limitação difusiva ou metabólica? In: NOGUEIRA, R.J.M.C.; ARAÚJO, E. DE L.; WILLADINO, L.G.; CAVALCANTE, U.M.T.; (Ed.). **Estresses ambientais: danos e benefícios em plantas**. Recife: UFRPE, Imprensa Universitária. 2005. p.13-21.

PINTO, Â. C.; SILVA, D. H. S.; BOLZANI, V. DA S.; LOPES, N. P.; EPIFANIO, R. DE A. Produtos naturais: atualidades, desafios e perspectivas. **Química Nova**, São Paulo, v. 25, Supl.1, p. 45-61, 2002.

PIRES, I. E.; FERREIRA, C. A. **Potencialidade do Nordeste do Brasil para reflorestamento**. Curitiba: EMBRAPA-URPFCS, 1982. 30p. (Circular Técnica; 6).

PIRES, I.E.; SILVA, H.D. da; RIBASKI, J. **Comportamento de *Eucalyptus tereticornis* Sm. em Petrolina-PE**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1985a. 3p.

PIRES, I. E.; SOUZA, S. M. de; DRUMOND, M. A. **Comportamento de *Eucalyptus microtheca* F. Muell. em Petrolina-PE**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1985b. 3p.

PIRES, I. E.; SOUZA, S. M. de; SILVA, H. D. da S.; **Comportamento de espécies e procedências de *Eucalyptus* em Petrolina-PE**. Petrolina: EMBRAPA/CPATSA, 1985c. 4p.

PITA, P.; GASCÓ, A.; PARDOS, J.A. Xylem cavitation, leaf growth and leaf water potential in *Eucalyptus globulus* clones under well-watered and drought conditions. **Functional Plant Biology**, Melbourne, v. 30, p. 891-899, 2003.

PITA, P.; CAÑAS, I.; SORIA, F.; RUIZ, F., TOVAL, G. Use of physiological traits in tree breeding for improved yield in drought-prone environments. The case of *Eucalyptus globulus*. **Investigación agraria: Sistemas y recursos forestales**, Espanha, v.14, p.383-393, 2005.

POLLE, A.; RENNENBERG, H. Field studies on Norway spruce trees at high altitudes. II. Defense systems against oxidative stress in needles. **New Phytologist**, London, v. 121, p. 635-640, 1992.

PRADO, R. M.; **Nutrição de plantas**. São Paulo: UNESP, 2008. 408 p.

QIAN, W.; HOUTEN, B. V. **Patent application title: Inhibition of dynamin related protein 1 to promote cell death**. Pittsburgh. 2012. Disponível em: <<http://www.faqs.org/patents/app/20120294956>>. Acesso em: 20 mar. 2013.

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

RAMOS, K. M. O., FELFILI, J. M., FAGG, C. W., SOUSA-SILVA, J. C., FRANCO, A.C. Desenvolvimento inicial e repartição de biomassa de *Amburana cearensis* (Allemão) A.C. Smith, em diferentes condições de sombreamento. **Acta Botânica Brasileira**, Feira de Santana, v. 18, n.2, p. 351-358, 2004.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2011. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 4 fev. 2011.

REIS, G.G.; REIS, M.G.F.; MAESTRI, M. Crescimento e relações hídricas de mudas de *Eucalyptus grandis* e *E. camaldulensis* em tubetes sob três regimes de irrigação. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.12, n.2, p.183-195, 1988.

ROSSIGNOL, M., PELTIER, J. B.; MOCK, H. P.; MATROS, A.; MALDONADO, A. M.; PROFESSOR, J. V. J. Plant proteome analysis: A 2004-2006 update. **Proteomics**. Weinheim, v. 6, p. 5529-5548, 2006.

ROVEDA-HOYOS, G.; FONSECA-MORENO, L.P. Proteomics: a tool for the study of plant response to abiotic stress. **Agronomia Colombiana**, Bogotá. v. 29, n. 2, p. 221-230, 2011.

ROZA, F. A. **Alterações morfofisiológicas e eficiência de uso da água em plantas de *Jatropha curcas* L. submetidas à deficiência hídrica**. 2010. 67p. Dissertação (Mestrado Produção Vegetal) - Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, 2010.

SANCHEZ, D. H., SZYMANSKI, J., ERBAN, A., UDVARDI, M. K., KOPKA, J. Mining for robust transcriptional and metabolic responses to long-term salt stress: a case study on the model legume *Lotus japonicus*. **Plant Cell & Environment**, Hoboken, v. 33, p. 468-480, 2010.

SCHULTE, P.J.; HINCKLEY, T.M.; STETTLER, R.F. Stomatal responses of *Populus* to leaf water potential. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v.65, p.255-260, 1987.

SCHURR, U. Growth physiology: approaches to a spatially and temporally varying problem. **Progress in Botany**, Berlin, v. 3, p. 355-373, 1998.

SEGATTO, B. F.; BISOGNIM, A.D.; BENEDETTI M.; COSTA, L. C. DA; RAMPELOTTO M. V.; NOCOLOSO, F.T., Técnica para anatomia de folha de batata. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, p.1597-1601, 2004.

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

SELMAR, D. Potential of salt and drought stress to increase pharmaceutically significant secondary compounds in plants. **Landbauforschung - vTI Agriculture and Forestry Research**, Braunschweig, v. 1/2, n.58, p.139-144, 2008.

SENGUPTA, A.; GHOSH, S.; BASANT, A.; MALUSARE, S.; JOHRI, P.; PATHAK, S.; SHARMA, S.; SONAWAT, H. M. Global host metabolic response to *Plasmodium vivax* infection: a ¹H NMR based urinary metabonomic study. **Malaria Journal**, London, v. 10, p.384, 2011.

SHAO, H. B., CHU, L. Y., JALEEL, C. A., MANIVANNAN, P., PANNEERSELVAM, R.; SHAO, M. A. Understanding water deficit stress-induced changes in the basic metabolism of higher plants - biotechnologically and sustainably improving agriculture and the ecoenvironment in arid regions of the globe. **Critical Reviews in Biotechnology**, London, v. 29, p. 131–151, 2009.

SHARP, R.E.; DAVIES, J.W. Solute regulation and growth by roots and shoots of water-stressed maize plants. **Planta**, Berlin, v. 147, p.43–49, 1979.

SHARP, R.E. Comparative sensitivity of root and shoot growth and physiology to low water potentials. In: DAVIES, W. J.; JEFFCOAT, B. (Eds) **Importance of Root- Shoot Communication in the Response to Environmental Stress**. Bristol: British Society for Plant Growth Regulation, 1990. p. 29–44.

SHVALEVA, A.L.; COSTA E SILVA, F.; BREIA, E.; JOUVE, L.; HAUSMAN, J.F.; ALMEIDA, M.H.; MAROCO, J.P.; RODRIGUES, M.L.; PEREIRA, J.S.; CHAVES, M.M. Metabolic responses to water deficit in two *Eucalyptus globulus* clones with contrasting drought sensitivity. **Tree physiology**, Victoria, v. 26, p.239-248, 2005.

SMIRNOFF, N. Plant resistance to environmental stress. **Current Opinion Biotechnology**. London, v. 9, p. 214–219, 1998.

SIDDIQUI, M.T.; SHAH, A.H.; TARIQ, M.A. Effects of fertilization and water stress on *Eucalyptus camaldulensis* seedlings. **Journal of Tropical Forest Science**, Kuala Lumpur, v.20, n.3, p. 205–210, 2008.

SILVA, A.M.S.; EMERSON, G.C.C; REIS, E.M. Proteômica – uma abordagem funcional do estudo do genoma. **Saúde & Ambiente em Revista**, Duque de Caxias, v.2, n. 2, p.01-10, 2007.

SILVA, E.C.; NOGUEIRA, R.J.M.; ARAÚJO, F.P.; MELO, N.F. Influência do estresse hídrico no comportamento estomático de mudas enxertadas de três acessos de umbuzeiro. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FIOLOGIA VEGETAL 10., 2005. **Anais...**Recife: SBFV, 2005. 1 CD-ROM.

SILVA, M.R. **Caracterização morfológica, fisiológica e nutricional de mudas de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetidas a diferentes níveis de estresse hídrico durante a fase de rustificação**. 1998. 105p. Dissertação (Mestrado em Silvicultura) - Universidade do Federal do Paraná, Curitiba, 1998.

SILVA, J.C.; GORENSTEIN, M.V.; LI, G.Z.; VISSERS, J.P.; GEROMANOS, S.J. Absolute quantification of proteins by LCMSE: a virtue of parallel MS acquisition. **Molecular & Cellular Proteomics**, San Francisco, v.5, n.1, p. 144-156, 2006.

SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. Gene networks involved in drought stress response and tolerance. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 58, n.2, p. 221-227, 2007.

SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SEKI, M. Regulatory network of gene expression in the drought and cold stress responses. **Current Opinion in Plant Biology**. London, v. 6, p. 410-417, 2003.

SOUZA, S. M. de; CARVALHO, J. H. de **Comportamento de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh aos 36 meses de idade em Teresina, PI**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1984. 3p.

SOUZA, M.J.H.; RIBEIRO, A.; LEITE, H.G.; LEITE, F.P.; MINUZZI, R.B. Disponibilidade hídrica do solo e produtividade do eucalipto em três regiões da Bacia do Rio Doce. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v.30, p.399-410, 2006.

SOUZA, S. M. de; LIMA, P. C. F.; PIRES, I. E. **Comportamento de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh em Petrolina-PE, aos 36 meses de idade**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1985. 5p.

SPERRY, J.S.; HACKE, U.G.; OREN, R.; COMSTOCK, J.P. Water deficits and hydraulic limits to leaf water supply. **Plant, Cell & Environment**, Hoboken, v.25, p.251–263, 2002.

SRIVASTAVA, S; FRISTENSKY, B.; KAV, N. N. V. Constitutive Expression of a PR10 Protein Enhances the Germination of *Brassica napus* under Saline Conditions. **Plant Cell Physiology**, Kyoto, v. 45, n.9, p. 1320–1324, 2004.

STAPE, J.L.; BINKLEY, D.; RYAN, M.G. *Eucalyptus* production and the supply, use and efficiency of use of water, light and nitrogen across a geographic gradient in Brazil. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v.193, p.17-31, 2004.

SUN, J.; WU, Y.; WANG, J.; MA, F.; LIU, X.; LI, Q. Novel translationally controlled tumor protein homologue in the buccal gland secretion of *Lampetra japonica*. **Biochimie**, Dalian, v. 90, p. 1760-1768, 2008.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 3 ed. Porto Alegre: Artmed, 2004. 719p.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 4 ed. Porto Alegre: Artmed, 2009. 848p.

TARDIEU, F.; SIMMONNEAU, T. Variability among species of stomatal control under fluctuating soil water status and evaporative demand: modeling isohydric and anisohydric behaviours. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 49, p.419-432, 1998.

TAYLOR, I.B.; BURBIDGE, A.; THOMPSON, A.J. Control of abscisic acid synthesis. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.51, p.1563-1575, 2000.

THORNLEY, J. H. M. **Mathematical models in plant physiology**: A quantitative approach to problems in plant and crop physiology. New York: Academic Press Inc, 1976. 318p.

TIMPERIO, A. M.; EGIDI, M. G.; ZOLLA, L. Proteomic applied on plant abiotic stresses: role of the heat shock proteins (HSP). **Journal Proteomics**, London, v. 71, p. 391-411, 2008.

TOLEDO, G. L.; OVALLE, I. I. **Estatística básica**. 2 ed. São Paulo: Atlas, 2008. 457p.

TREVASKIS, B.; WATTS, R. A.; ANDERSSON, C. R.; LLEWELLYN, D. J.; HARGROVE, M. S.; OLSON, J. S.; DENNIS, E. S.; PEACOCK, W.J. Two hemoglobin genes in *Arabidopsis thaliana*: The evolutionary origins of leghemoglobins. **Plant Biology**, Austrália. v. 94, p. 12230–12234, 1997.

UMEZAWA, T.; FUJITA, M.; FUJITA, Y.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. Engineering drought tolerance in plants: discovering and tailoring genes unlock the future. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v. 17, p. 113-122, 2006.

VAN RENSBURG, L.; KRUGER, G.H.J. Applicability of abscisic acid and (or) proline accumulation as selection criteria for drought tolerance in *Nicotiana tabacum*. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 72, p.1535– 1540, 1994.

VALDÉS, A.E.; IRAR, S.; MAJADA, J.P.; RODRÍGUEZ, A.; FERNÁNDEZ, B.; PAGÈS, M. Drought tolerance acquisition in *Eucalyptus globulus* (Labill.): A research on plant morphology, physiology and proteomics. **Journal of Proteomics**, Amsterdam, v.79, p. 263–276, 2013.

VELLINI, A.L.T.T.; PAULA, N.F.; ALVES, P.L.C.A.; PAVANI, L.C.; BONINE, C.A.V.; SCARPINATI, E.A.; PAULA, R.C. Respostas fisiológicas de diferentes clones de eucalipto sob diferentes regimes de irrigação. **Revista Árvore**, Viçosa, v.32, n.4, p.651-663, 2008.

VELLINI, A. L. T. T. **Desempenho e divergência genética entre clones de *Eucalyptus* spp. em diferentes regimes de irrigação em casa de vegetação**. 2007. 94p. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

VIZZOTTO, M.; KROLOW, A. C.; WEBER, G. E. B. **Metabólitos Secundários Encontrados em Plantas e sua Importância**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2010. 16p. (Documentos 316).

WANG, D.; BACHELARD, E.P.; BANKS, J.C.G. Growth and water relations of seedlings of two subspecies of *E. globulus*. **Tree Physiology**, Victoria, v.4, p.129-138, 1988.

WARREN, C.R.; ARANDA, I.; CANO, F.J. Metabolomics demonstrates divergent responses of two *Eucalyptus* species to water stress. Springer. **Metabolomics**, Berlin, v. 8, p.186–200, 2012.

WARREN, C. R., BLEBY, T. M., ADAMS, M. A. Changes in gas exchange versus leaf solutes as a means to cope with summer drought in *Eucalyptus marginata*. **Oecologia**, Berlin, v.154, p. 1–10, 2007.

WESTERHUIS, J. A.; VELZEN, E. J.J.V.; HOEFSLOOT, H. C. J.; SMILDE, A. K. Multivariate paired data analysis: multilevel PLSDA versus OPLSDA. **Metabolomics**, Berlin, v.6, p.119–128, 2009.

WESTERHUIS JA, VAN VELZEN EJ, HOEFSLOOT HC, SMILDE AK. Multivariate paired data analysis: multilevel PLSDA versus OPLSDA. **Metabolomics**, Berlin, v. 6, p. 119–128, 2010.

WINGSLE, G.; HALLGREN, J.E. Influence of SO₂ and NO₂ exposure on glutathione, superoxide dismutase and glutathione reductase activities in Scots pine needles. **Journal of Experimental Botany**, Lancaster, v. 259, p. 463–470, 1993.

WHITEHEAD, D.; BEADLE, C. L. Physiological regulations in productivity and water use in *Eucalyptus*: a review. **Forest Ecology Management**, San Diego, v. 193, p. 113–140, 2004.

WILKINS, M. R.; SANCHEZ, J. C.; GOOLEY, A. A.; APPEL, R. D.; HUMPHERYSMITH, I.; HOCHSTRASSER, D. F.; WILLIAMS, K. L. Progress with proteome projects: why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. **Biotechnology and Genetic Engineering Reviews**, Newcastle, v. 13, p. 19-50, 1995.

WILMER, C.; FRICKER, M. **Stomata**. London: Chapman and Hall, 1996. 375 p.

WOODWARD, F.I.; KELLY, C.K. The influence of CO₂ concentration on stomatal density. **New Phytologist**, London, v.131, p. 311-327, 1995.

WRIGHT, I.J.; GROOM, P.K.; LAMONT, B.B.; POOT, P.; PRIOR, L.A.; REICH, P.B.; SCHULZE, ED.; VENEKLAAS, E.J.; WESTOBY, M. Leaf trait relationships in Australian plant species. **Functional Plant Biology**, Melbourn, v.31, p.551-558, 2004.

YAO, L-M.; WANG, B.; CHENG, L-J.; WU, T-L. Identification of Key Drought Stress-Related Genes in the Hyacinth Bean. **Plos One**, San Francisco, v. 8, n. 3, 2013.

ZHANG, J., DAVIES, W.J. Absciscic acid produced in dehydrating roots may enable the plant to measure the water status of the soil. **Plant Cell and Environment**, Hoboken, v.12, p.73–81, 1989.

ZHANG, J.W., MARSHALL, J.D., JAQUISH, B.C. Genetic differentiation in carbon isotope discrimination and gas exchange in *Pseudotsuga menziesii*. **Oecologia**, Berlin, v.93, p.80–87, 1993.

ANEXOS

ANEXO A

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continua)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
1	Eucgr.B02610.2	10 formyltetrahydrofolate synthetase	292,62	33,45	Controle
2	Eucgr.B02337.1	gras family transcription factor	200,15	16,61	Controle
3	Eucgr.H00856.1	nudix hydrolase 2 like	994,13	14,15	Controle
4	Eucgr.B02236.4	ran binding	10834,57	12,81	Controle
5	Eucgr.B02236.5	ran binding protein 1 a	10768,15	12,18	Controle
6	Eucgr.B02294.1	universal stress protein 1	19063,25	11,47	Controle
7	Eucgr.F02830.1	eukaryotic translation initiation factor 3	3920,23	11,13	Controle
8	Eucgr.F03923.8	protein topless	351,2	11,02	Controle
9	Eucgr.G01711.1	coatomer alpha	116,66	10,80	Controle
10	Eucgr.H03269.3	topless related protein 3 like	98,19	9,58	Controle
11	Eucgr.G01708.2	coatomer alpha	30,54	9,39	Controle
12	Eucgr.B02236.1	ran binding	9889,57	8,76	Controle
13	Eucgr.G02852.1	phenylalanine ammonia lyase	1214,98	8,58	Controle
14	Eucgr.D01171.1	small gtp binding protein	436,97	8,41	Controle
15	Eucgr.J01359.2	kh domain containing protein at4g18375 like	649,95	7,92	Controle
16	Eucgr.F03923.7	protein topless	443,87	7,61	Controle
17	Eucgr.C03201.1	sucrose synthase	578,73	7,03	Controle
18	Eucgr.H00205.1	sieve element occlusion a	522	6,96	Controle
19	Eucgr.B02864.2	probable fructose biphosphate aldolase chloroplastic	7184,99	6,89	Controle
20	Eucgr.K02962.2	40s ribosomal protein s4 like	593,78	6,82	Controle
21	Eucgr.F01140.2	nbs lrr resistance protein	42,48	6,49	Controle
22	Eucgr.H00618.1	transcription factor btf3	9572,51	6,30	Controle
23	Eucgr.H04952.1	protein	1362,77	6,11	Controle
24	Eucgr.C02238.1	protein disulfide	176,52	6,11	Controle
25	Eucgr.J03024.2	atp binding cassette	42,68	6,05	Controle
26	Eucgr.K00649.1	cyclin d1 binding protein 1 homolog	139,87	5,99	Controle
27	Eucgr.B03307.2	atp citrate synthase alpha chain protein 1	359,2	5,99	Controle
28	Eucgr.G02848.2	phenylalanine ammonia lyase	424,84	5,87	Controle
29	Eucgr.B00816.1	aldose 1 epimerase	2136,13	5,87	Controle
30	Eucgr.E01587.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	367,26	5,75	Controle
31	Eucgr.A02097.4	glutamate dehydrogenase 1	960,2	5,70	Controle
32	Eucgr.I01714.1	predicted protein Populus trichocarpa	156,1	5,64	Controle
33	Eucgr.H02737.2	40s ribosomal protein	718,57	5,53	Controle
34	Eucgr.B03146.1	protein spiral1 like2	1350,2	5,53	Controle
35	Eucgr.A02097.5	glutamate dehydrogenase 1	3253,49	5,53	Controle
36	Eucgr.J02866.4	nucleosome chromatin assembly factor group	387,63	5,42	Controle
37	Eucgr.K01508.1	methionine synthase	17127,67	5,37	Controle
38	Eucgr.B02287.1	hydrolyzing o glycosyl	180,48	5,37	Controle
39	Eucgr.H00539.1	atp binding	49,89	5,31	Controle
40	Eucgr.B01385.1	interferon induced gtp binding protein	112,86	5,26	Controle
41	Eucgr.A02907.1	quinone oxidoreductase 1 like	790,2	5,26	Controle
42	Eucgr.I01715.1	predicted protein Populus trichocarpa	730,08	5,21	Controle
43	Eucgr.C00350.1	eukaryotic translation initiation factor 5a2	2930,87	5,21	Controle
44	Eucgr.H04495.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	224,38	5,10	Controle
45	Eucgr.H02644.1	udp glycosyltransferase 75d1 like	434,83	5,05	Controle
46	Eucgr.E00805.5	24 kda seed maturation protein	1109,13	5,05	Controle
47	Eucgr.D02351.1	hqgt raise ame full hydroquinone glucosyltransferase ame full arbutin synthase	493,77	5,00	Controle
48	Eucgr.C04218.2	nuclear pore complex protein nup205	60,96	5,00	Controle
49	Eucgr.D01026.2	coatomer subunit epsilon 1	1457,89	4,95	Controle
50	Eucgr.B00852.4	eukaryotic peptide chain release factor gtp binding	807,89	4,95	Controle
51	Eucgr.H04495.2	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	443,38	4,85	Controle
52	Eucgr.H02643.1	udp glycosyltransferase 75d1 like	279,88	4,81	Controle
53	Eucgr.I01041.2	serine carboxypeptidase like 18	1254,97	4,76	Controle
54	Eucgr.F01691.2	trx domain containing protein	480,34	4,76	Controle
55	Eucgr.J01502.1	ribulose biphosphate carboxylase oxygenase small subunit	1589,26	4,71	Controle
56	Eucgr.F00470.1	alpha tubulin 1	16566,73	4,66	Controle
57	Eucgr.H04452.2	glutathione chloroplastic like	151,94	4,62	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
58	Eucgr.G02085.5	probable serine threonine protein kinase bud32 homolog	321,8	4,62	Controle
59	Eucgr.F03709.1	PREDICTED transportin 1 like Vitis vinifera	178,95	4,62	Controle
60	Eucgr.B03031.1	serine threonine protein phosphatase 2a regulatory subunit	2312,62	4,62	Controle
61	Eucgr.E00451.3	adenine phosphoribosyltransferase chloroplastic like	1307,5	4,62	Controle
62	Eucgr.H00058.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 1	53,09	4,57	Controle
63	Eucgr.E04296.1	coatomer subunit delta 2 like	200,19	4,57	Controle
64	Eucgr.D01707.2	importin subunit beta 1 like	789,36	4,57	Controle
65	Eucgr.B02118.1	dtbp glucose 4 6	13679,82	4,57	Controle
66	Eucgr.A02519.1	40s ribosomal protein	808,89	4,57	Controle
67	Eucgr.J02430.2	flavanone 3 dioxygenase isoform 1	1346,18	4,53	Controle
68	Eucgr.G01777.1	ubiquitin conjugating enzyme e2 10 like	1307,99	4,53	Controle
69	Eucgr.E03708.1	peroxidase 27	122,17	4,53	Controle
70	Eucgr.A02097.2	glutamate dehydrogenase 1	3253,49	4,48	Controle
71	Eucgr.D01847.1	beta chain	7978,09	4,44	Controle
72	Eucgr.A02985.2	atp binding	392,9	4,44	Controle
73	Eucgr.H04496.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	446,84	4,39	Controle
74	Eucgr.H01014.3	acylamino acid releasing enzyme	200,59	4,39	Controle
75	Eucgr.C02604.1	endosomal p24a protein	117,1	4,39	Controle
76	Eucgr.K03171.2	diaminopimelate epimerase	540,47	4,35	Controle
77	Eucgr.G00158.1	uridylylase kinase	6724,41	4,35	Controle
78	Eucgr.E00444.1	lactate dehydrogenase	431,53	4,35	Controle
79	Eucgr.D01707.1	importin subunit beta 1 like	789,36	4,35	Controle
80	Eucgr.C00769.1	sucrose synthase	2014,92	4,35	Controle
81	Eucgr.H00092.2	potassium channel	1098,85	4,31	Controle
82	Eucgr.D02251.1	nad dependent malic enzyme 59 kda mitochondrial	1980,21	4,31	Controle
83	Eucgr.J00343.1	mitochondrial import receptor subunit	786,86	4,26	Controle
84	Eucgr.I01712.1	predicted protein Populus trichocarpa	382,21	4,26	Controle
85	Eucgr.H04112.1	metk1 elasmolome full s adenosylmethionine synthase 1 short et synthase 1 ame full	33825,76	4,26	Controle
86	Eucgr.L00700.1	atp binding	42,19	4,26	Controle
87	Eucgr.J01908.1	predicted protein Populus trichocarpa	987,52	4,22	Controle
88	Eucgr.F02183.1	tubulin alpha	20427,12	4,22	Controle
89	Eucgr.E00182.2	phosphomannomutase isoform 2	856,21	4,22	Controle
90	Eucgr.K01355.1	vacuolar protein sorting associated	19,59	4,18	Controle
91	Eucgr.C02768.1	NA	216,97	4,14	Controle
92	Eucgr.B02118.2	dtbp glucose 4 6	7394,31	4,14	Controle
93	Eucgr.L02985.1	pip protein	5728,85	4,10	Controle
94	Eucgr.K02508.2	40s ribosomal protein s19	8303,66	4,10	Controle
95	Eucgr.K02261.1	guanine nucleotide binding protein subunit beta like protein	2597,38	4,10	Controle
96	Eucgr.K02283.3	glutamine synthetase	446,6	4,06	Controle
97	Eucgr.C01068.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100249171 Vitis vinifera	214,13	4,06	Controle
98	Eucgr.A01929.2	60s ribosomal protein l11	1240,97	4,06	Controle
99	Eucgr.B03604.2	tubulin alpha 3 alpha 5 chain	14908,19	4,01	Controle
100	Eucgr.K01960.1	protein	76,53	3,97	Controle
101	Eucgr.H01015.2	acylamino acid releasing enzyme	218,07	3,97	Controle
102	Eucgr.G02039.3	atp citrate lyase a 3	554,15	3,97	Controle
103	Eucgr.K03574.1	phytochrome c	28,43	3,94	Controle
104	Eucgr.H01453.1	tmv resistance protein n like	38,87	3,94	Controle
105	Eucgr.J01766.1	calpain putative Ricinus communis	18,73	3,90	Controle
106	Eucgr.G01706.2	cysteine proteinase rd19a	375,4	3,90	Controle
107	Eucgr.H03281.2	importin subunit alpha 1 like	2434,65	3,86	Controle
108	Eucgr.B02001.2	low quality protein amino acid aminotransferase	239,19	3,86	Controle
109	Eucgr.B01695.4	tetratricopeptide repeat protein 35	280,96	3,86	Controle
110	Eucgr.E03517.2	unnamed protein product Vitis vinifera	270,92	3,82	Controle
111	Eucgr.C02986.2	6 phosphofructokinase 3 like	807,75	3,82	Controle
112	Eucgr.F00636.2	upstream activation factor subunit uaf30	1728,46	3,78	Controle
113	Eucgr.F00636.1	upstream activation factor subunit uaf30	2129,38	3,78	Controle
114	Eucgr.D00011.1	haloacid dehalogenase like hydrolase domain containing protein	342,98	3,78	Controle
115	Eucgr.L01627.1	aspartyl protease family protein	155,23	3,74	Controle
116	Eucgr.K02533.1	low quality protein g3bp like	396,8	3,74	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
117	Eucgr.I01709.1	predicted protein Populus trichocarpa	805,02	3,74	Controle
118	Eucgr.B00499.1	glutathione s	1404,51	3,74	Controle
119	Eucgr.K00264.1	tubulin beta 8 chain	29411,66	3,71	Controle
120	Eucgr.J00048.6	actin depolymerizing factor 1	6547,15	3,71	Controle
121	Eucgr.I02620.1	rab gdp dissociation inhibitor	694,94	3,71	Controle
122	Eucgr.G01417.1	caffeoyl o methyltransferase 2	5451,98	3,71	Controle
123	Eucgr.K03601.5	3 ketoacyl thiolase	1430,41	3,67	Controle
124	Eucgr.K01053.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 2 1a like	384,54	3,67	Controle
125	Eucgr.G03371.1	actin related protein	233,72	3,67	Controle
126	Eucgr.G01350.2	cinnamyl alcohol dehydrogenase	295,63	3,67	Controle
127	Eucgr.F02830.2	eukaryotic translation initiation factor 3	1125,11	3,63	Controle
128	Eucgr.A00966.1	peroxidase 5 like isoform 1	982,47	3,63	Controle
129	Eucgr.D01351.1	aspartic proteinase	92,5	3,60	Controle
130	Eucgr.C01514.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit 12 like	192,14	3,60	Controle
131	Eucgr.I01764.1	glutaredoxin like protein	7550,62	3,56	Controle
132	Eucgr.F02299.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	849,08	3,56	Controle
133	Eucgr.D01612.1	tubulin beta chain	26568,57	3,56	Controle
134	Eucgr.J02866.3	wd 40 repeat containing protein msi4 like	502,31	3,53	Controle
135	Eucgr.I02231.1	phosphoserine aminotransferase	1157,91	3,53	Controle
136	Eucgr.I00719.1	protein transport protein	474,38	3,53	Controle
137	Eucgr.L02773.1	mitochondrial glycine decarboxylase complex t protein	4156,08	3,49	Controle
138	Eucgr.L01409.1	ngc b protein	43,46	3,49	Controle
139	Eucgr.J02430.1	flavanone 3 hydroxylase	3352,03	3,49	Controle
140	Eucgr.G00784.1	cc nbs lrr resistance protein	39,79	3,49	Controle
141	Eucgr.E00655.6	40s ribosomal protein	3689,63	3,49	Controle
142	Eucgr.B02769.1	carboxyl subunit of het accase	137,14	3,49	Controle
143	Eucgr.L02803.1	phospho 2 dehydro 3 deoxyheptonate aldolase chloroplast	178,86	3,46	Controle
144	Eucgr.L00094.1	cc nbs lrr resistance protein	88,49	3,46	Controle
145	Eucgr.K03460.2	c 1 tetrahydrofolate cytoplasmic	182,58	3,46	Controle
146	Eucgr.J01745.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100250144 Vitis vinifera	243,71	3,46	Controle
147	Eucgr.J00263.7	dehydroquinase dehydratase shikimate dehydrogenase	474,22	3,46	Controle
148	Eucgr.F02571.1	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate aspartate prephenate aminotrans	476,57	3,46	Controle
149	Eucgr.E03676.1	40s ribosomal protein	5271,34	3,46	Controle
150	Eucgr.A02359.1	zinc peroxisomal like	64,06	3,42	Controle
151	Eucgr.J01599.3	high mobility group family	1390,41	3,39	Controle
152	Eucgr.I00519.1	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptonate aldolase 3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	178,86	3,39	Controle
153	Eucgr.D00655.1	microtubule organization protein	33,17	3,39	Controle
154	Eucgr.K02531.2	3 phosphoserine phosphatase	728,13	3,35	Controle
155	Eucgr.K01666.1	beta tubulin 4	6862,86	3,32	Controle
156	Eucgr.H04996.2	pantothenate kinase putative Ricinus communis	485,71	3,32	Controle
157	Eucgr.F02567.1	2og fe oxygenase family protein	1792,56	3,32	Controle
158	Eucgr.E01322.1	arsenical pump driving	342,59	3,32	Controle
159	Eucgr.K01053.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit	1278,55	3,29	Controle
160	Eucgr.J02962.2	ras related protein rab7	502,85	3,29	Controle
161	Eucgr.K02858.1	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	3031,92	3,25	Controle
162	Eucgr.I00709.1	60s ribosomal protein	721,09	3,25	Controle
163	Eucgr.D02466.1	transketolase putative Ricinus communis	3497,42	3,25	Controle
164	Eucgr.I01691.2	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	2208,05	3,22	Controle
165	Eucgr.F02260.3	adenine phosphoribosyltransferase 1	2667,65	3,22	Controle
166	Eucgr.E01713.1	nad dependent malic enzyme 62 kda mitochondrial	779,97	3,22	Controle
167	Eucgr.B01579.2	epoxide hydrolase 1	747,95	3,22	Controle
168	Eucgr.A02985.1	atp binding	392,9	3,22	Controle
169	Eucgr.A00052.1	2 isopropylmalate synthase	946,3	3,22	Controle
170	Eucgr.J02821.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100267761 Vitis vinifera	8,29	3,22	Controle
171	Eucgr.D01029.2	gamma soluble nsf attachment	410,07	3,22	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
172	Eucgr.K02263.2	66 kda stress	196,89	3,19	Controle
173	Eucgr.H04659.1	nadh ubiquinone oxidoreductase	1510,41	3,19	Controle
174	Eucgr.C01749.3	dead box atp dependent rna helicase 56 like	1532,72	3,19	Controle
175	Eucgr.B03195.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 11	1622,46	3,19	Controle
176	Eucgr.B00991.1	ketose biphosphate aldolase class ii family protein	368,31	3,19	Controle
177	Eucgr.J00605.1	hydrolyzing o glycosyl	512,69	3,16	Controle
178	Eucgr.F03231.1	rhamnose synthase	857,98	3,16	Controle
179	Eucgr.C01514.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 12 like	252,04	3,16	Controle
180	Eucgr.B03004.1	glutaminyl trna synthetase	172,45	3,16	Controle
181	Eucgr.K02185.1	staphylococcal nuclease domain containing protein 1 like	378,81	3,13	Controle
182	Eucgr.I02782.1	elongation factor 1 gamma like	1368,6	3,13	Controle
183	Eucgr.H00474.1	auxin induced protein pcnt1 15 isoform 1	1521,89	3,13	Controle
184	Eucgr.B00132.3	aspartyl aminopeptidase	635,7	3,13	Controle
185	Eucgr.K00071.2	alcohol dehydrogenase like 1 like	289,5	3,10	Controle
186	Eucgr.I02468.2	xaa pro aminopeptidase	288,87	3,10	Controle
187	Eucgr.H04298.1	serine threonine protein kinase	1443,39	3,10	Controle
188	Eucgr.H03997.1	pathogenesis related protein sth 2	12769,71	3,10	Controle
189	Eucgr.H02828.1	chalcone synthase	497,23	3,10	Controle
190	Eucgr.D01341.1	adenylosuccinate synthetase	617,54	3,10	Controle
191	Eucgr.B01498.1	aldo keto reductase family 4 member c9 like	631,46	3,10	Controle
192	Eucgr.K02027.1	aspartyl trna cytoplasmic like	1109,92	3,06	Controle
193	Eucgr.H04500.2	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	318,65	3,06	Controle
194	Eucgr.G02157.3	PREDICTED phosphoglucosyltransferase cytoplasmic like Glycine max	176,91	3,06	Controle
195	Eucgr.F02160.2	e3 ubiquitin protein ligase upl2 like	51,19	3,06	Controle
196	Eucgr.E01713.2	nad dependent malic enzyme 62 kda mitochondrial like	1199,21	3,06	Controle
197	Eucgr.C01749.2	dead box atp dependent rna helicase 56 like	992,92	3,06	Controle
198	Eucgr.K02858.2	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	3031,92	3,03	Controle
199	Eucgr.H04825.1	alanine glyoxylate aminotransferase 2 homolog mitochondrial	1322,62	3,03	Controle
200	Eucgr.D00657.1	polyphenol chloroplast	459,64	3,03	Controle
201	Eucgr.C03560.2	protein	8970,9	3,03	Controle
202	Eucgr.J00907.1	phenylalanine ammonia lyase	610,93	3,00	Controle
203	Eucgr.H01094.1	sucrose synthase	714,5	3,00	Controle
204	Eucgr.F03856.1	usp cucme ame full udp sugar pyrophosphorylase ame full udp galactose glucose pyrop	1743,22	3,00	Controle
205	Eucgr.K01341.1	uncharacterized aminotransferase y4ub like	3796,45	2,97	Controle
206	Eucgr.G02157.1	pgmc pea ame full cytoplasmic short pgm ame full glucose phosphomutase	1587,31	2,97	Controle
207	Eucgr.K02726.2	ubiquitin like modifier activating enzyme	201,82	2,94	Controle
208	Eucgr.F00711.1	ubiquitin activating enzyme	125,62	2,94	Controle
209	Eucgr.D01798.1	reticulon like protein b2 like isoform 1	224,61	2,94	Controle
210	Eucgr.B00172.1	methionine sulfoxide reductase	456,59	2,94	Controle
211	Eucgr.A00095.1	PREDICTED fructokinase 2 Vitis vinifera	10009,26	2,94	Controle
212	Eucgr.J00239.1	26s proteasome regulatory particle non atpase subunit	1362,58	2,92	Controle
213	Eucgr.F01600.1	26s protease regulatory subunit	2908,9	2,92	Controle
214	Eucgr.F00430.1	beach domain containing protein lvsc partial	24,05	2,92	Controle
215	Eucgr.F00252.2	26s proteasome non atpase regulatory	3527,41	2,92	Controle
216	Eucgr.B02080.3	importin subunit alpha 1	2579,39	2,92	Controle
217	Eucgr.B02479.7	isovaleryl dehydrogenase mitochondrial like	274,83	2,92	Controle
218	Eucgr.K00048.2	60s ribosomal protein	14827,07	2,89	Controle
219	Eucgr.J02305.3	predicted protein Populus trichocarpa	1284,96	2,89	Controle
220	Eucgr.H02679.1	serine hydroxymethyltransferase 1	9752,97	2,89	Controle
221	Eucgr.H01428.4	methylcrotonoyl carboxylase subunit mitochondrial like	407,33	2,89	Controle
222	Eucgr.G02178.3	mlp like protein 34	493,9	2,89	Controle
223	Eucgr.F00249.1	probable carboxylesterase 2 like	430,68	2,89	Controle
224	Eucgr.D02270.1	dead box atp dependent rna	187,66	2,89	Controle
225	Eucgr.C02006.1	glutamate gated kainate type ion channel receptor subunit 5	59,25	2,89	Controle
226	Eucgr.G01975.2	glycyl trna synthetase mitochondrial like	164,44	2,86	Controle
227	Eucgr.F02948.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100265296 Vitis vinifera	169,75	2,86	Controle
228	Eucgr.D01540.1	palmitoyl protein thioesterase family protein	516,6	2,86	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
229	Eucgr.B03800.2	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	259,92	2,86	Controle
230	Eucgr.B02610.1	10 formyltetrahydrofolate synthetase	1497,1	2,86	Controle
231	Eucgr.A00547.1	pyruvate decarboxylase 1	1091,52	2,86	Controle
232	Eucgr.G01135.1	pathogenesis related protein 1	260,57	2,86	Controle
233	Eucgr.B00176.1	protein l isoaspartate o	1346,96	2,86	Controle
234	Eucgr.K02738.1	argininosuccinate chloroplastic like	639,68	2,83	Controle
235	Eucgr.J01455.1	tryptophan synthase beta chain 2	121,39	2,83	Controle
236	Eucgr.H03281.1	importin subunit alpha 1 like	2434,65	2,83	Controle
237	Eucgr.G03085.1	eukaryotic translation initiation	508,26	2,83	Controle
238	Eucgr.B03239.1	t complex protein 1 subunit epsilon like	470,64	2,83	Controle
239	Eucgr.A01018.2	serine threonine protein kinase	347,38	2,83	Controle
240	Eucgr.J02067.1	histone h2b	9892,89	2,80	Controle
241	Eucgr.I01332.1	nad linked oxidoreductase domain containing protein	670,14	2,80	Controle
242	Eucgr.H00090.1	3 ketoacyl thiolase	2081,85	2,80	Controle
243	Eucgr.D01734.3	long chain acyl synthetase 4	197,36	2,80	Controle
244	Eucgr.I02663.1	mitochondrial alternative oxidase 2a	524,89	2,77	Controle
245	Eucgr.I02307.2	aconitate hydratase 1 like	4335,91	2,77	Controle
246	Eucgr.D01169.1	dynamine related protein 1e isoform 1	83,67	2,77	Controle
247	Eucgr.B03603.1	mitochondrial 2 oxoglutarate malate carrier	735,51	2,77	Controle
248	Eucgr.B03437.1	aspartate semialdehyde	3745,82	2,77	Controle
249	Eucgr.A00971.1	60s ribosomal protein	6343,11	2,77	Controle
250	Eucgr.J02453.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4 like	775,01	2,75	Controle
251	Eucgr.H03354.2	hydroxycinnamoyl shikimate quinate	241,41	2,75	Controle
252	Eucgr.H01013.1	hydroxycinnamoyltransferase like protein	142,44	2,75	Controle
253	Eucgr.E02953.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	476,33	2,75	Controle
254	Eucgr.C01584.1	cyclase family protein	474,78	2,75	Controle
255	Eucgr.C00147.1	lupus la	73,26	2,75	Controle
256	Eucgr.C00147.1	serine carboxypeptidase like 18 like	73,26	2,75	Controle
257	Eucgr.I02739.1	udp glucose glycoprotein glucosyltransferase	39,84	2,72	Controle
258	Eucgr.H00043.1	probable methionyl trna synthetase	124,37	2,72	Controle
259	Eucgr.F01776.1	catalase isozyme 1 like	17754,99	2,72	Controle
260	Eucgr.B01579.3	epoxide hydrolase 1	974,87	2,72	Controle
261	Eucgr.B00704.1	actin related protein 4 like	220,08	2,72	Controle
262	Eucgr.B00132.2	aspartyl aminopeptidase	1044,83	2,72	Controle
263	Eucgr.F02353.1	protein	201,75	2,72	Controle
264	Eucgr.K02074.2	pyruvate cytosolic isozyme like	2332,61	2,69	Controle
265	Eucgr.K00427.1	60s acidic ribosomal protein	15844,36	2,69	Controle
266	Eucgr.J01844.1	trans cinnamate 4 monooxygenase	437,12	2,69	Controle
267	Eucgr.J00991.1	diphosphomevalonate decarboxylase like	499,46	2,69	Controle
268	Eucgr.I01691.4	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	744,03	2,69	Controle
269	Eucgr.H02622.1	spermidine synthase	787,6	2,69	Controle
270	Eucgr.H00849.1	acetyl c acetyltransferase	1901,11	2,69	Controle
271	Eucgr.F02656.2	uncharacterized oxidoreductase at4g09670 like	2193,06	2,69	Controle
272	Eucgr.E01246.1	cis zeatin o glucosyltransferase	90,63	2,69	Controle
273	Eucgr.C02386.1	plasma membrane atpase 4 isoform 1	36,7	2,69	Controle
274	Eucgr.C01003.1	malic enzyme	7579,41	2,69	Controle
275	Eucgr.B02080.2	importin subunit alpha 1 like	2786,03	2,69	Controle
276	Eucgr.A00982.1	cathepsin b like	253,88	2,69	Controle
277	Eucgr.L00266.1	lon protease homolog mitochondrial like	124,79	2,66	Controle
278	Eucgr.J01121.1	elongation factor 1	5813,71	2,66	Controle
279	Eucgr.J00292.2	dnaj protein homolog	534,75	2,66	Controle
280	Eucgr.H00571.1	dihydroxyacetone kinase family protein	342,62	2,66	Controle
281	Eucgr.E03613.1	plastid developmental protein dag	408,02	2,66	Controle
282	Eucgr.C03197.1	eukaryotic translation initiation factor 3	1197,69	2,66	Controle
283	Eucgr.C00102.1	mannosyl oligosaccharide alpha partial	108,94	2,66	Controle
284	Eucgr.B00732.1	40s ribosomal protein	3853,24	2,66	Controle
285	Eucgr.L01202.1	dimethyl 8 ribityllumazine chloroplastic like	1387,95	2,66	Controle
286	Eucgr.K01429.1	pre mrna processing factor 39 like	407,65	2,64	Controle
287	Eucgr.I02334.1	proteasome subunit alpha type 7	6447,98	2,64	Controle
288	Eucgr.I01668.3	cytochrome c1 heme mitochondrial like	1436,84	2,64	Controle
289	Eucgr.I01263.1	coatamer subunit gamma 2 like	463,1	2,64	Controle
290	Eucgr.I01163.1	probable carboxylesterase 2	1034,75	2,64	Controle
291	Eucgr.F02130.2	14 3 3f protein	10135,99	2,64	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
291	Eucgr.B02118.3	gdp d mannose 3 epimerase	4025,11	2,64	Controle
292	Eucgr.A01428.1	cytochrome b5 isoform 1	929,19	2,64	Controle
293	Eucgr.K02027.2	aspartyl trna cytoplasmic like	879,63	2,61	Controle
294	Eucgr.J01621.1	nadh dehydrogenase	2315,06	2,61	Controle
295	Eucgr.I02018.1	voltage dependent anion selective	4144,02	2,61	Controle
296	Eucgr.H04776.2	proteasome subunit alpha	380,12	2,61	Controle
297	Eucgr.D00111.1	histidinol chloroplastic like	815,84	2,61	Controle
298	Eucgr.C03560.1	protein	10805,31	2,61	Controle
299	Eucgr.B00242.1	cell division cycle protein 48 homolog	6560,4	2,61	Controle
300	Eucgr.A02267.2	mitochondrial l galactono lactone dehydrogenase	390,58	2,61	Controle
301	Eucgr.A02267.1	mitochondrial l galactono lactone dehydrogenase	695,57	2,61	Controle
302	Eucgr.K01258.1	transitional endoplasmic reticulum	12622,53	2,59	Controle
303	Eucgr.I02092.2	6 phosphogluconate decarboxylating like isoform 3	5960,8	2,59	Controle
304	Eucgr.I01333.1	nad linked oxidoreductase domain containing protein	487,23	2,59	Controle
305	Eucgr.G01375.1	2 oxoglutarate e1 component	434,46	2,59	Controle
306	Eucgr.G00444.1	coatomer subunit gamma 2 like	371,43	2,59	Controle
307	Eucgr.B01579.1	epoxide hydrolase 1	903,29	2,59	Controle
308	Eucgr.A02097.3	glutamate dehydrogenase 1	960,2	2,59	Controle
309	Eucgr.G03042.3	60s acidic ribosomal protein	11821,92	2,56	Controle
310	Eucgr.E03294.1	n ethylmaleimide sensitive fusion protein	212,56	2,56	Controle
311	Eucgr.B02610.3	10 formyltetrahydrofolate synthetase	1127,31	2,56	Controle
312	Eucgr.B00553.1	eukaryotic translation initiation factor 5a isoform i	3960,47	2,56	Controle
313	Eucgr.A02519.2	40s ribosomal protein	21525,16	2,56	Controle
314	Eucgr.A01152.1	60s ribosomal protein l12	12153,51	2,56	Controle
315	Eucgr.F04152.1	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase at1g34300	112,88	2,56	Controle
316	Eucgr.K02185.3	staphylococcal nuclease domain containing protein 1 like	334,88	2,53	Controle
317	Eucgr.K01223.5	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein 5 like	219	2,53	Controle
318	Eucgr.J02209.1	formate dehydrogenase	6688,96	2,53	Controle
319	Eucgr.F03085.1	mitochondrial processing peptidase subunit alpha	618,73	2,53	Controle
320	Eucgr.F02557.1	monoglyceride lipase like	507,46	2,53	Controle
321	Eucgr.E03986.2	nsf1 cofactor	773,91	2,53	Controle
322	Eucgr.B02294.2	universal stress protein 1	33844,54	2,53	Controle
323	Eucgr.B01990.4	mitochondrial rho gtpase 1	198,41	2,53	Controle
324	Eucgr.A01955.2	citrate glyoxysomal	223,35	2,53	Controle
325	Eucgr.A01913.1	14 3 3 like protein d	5522,37	2,53	Controle
326	Eucgr.A00971.2	60s ribosomal protein	15801,34	2,53	Controle
327	Eucgr.B01267.1	cspld poptr ame full casp like protein poptrdraft 820933	396,68	2,53	Controle
328	Eucgr.L02920.1	probable carboxylesterase 2	824,97	2,51	Controle
329	Eucgr.K00768.1	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransferase subunit beta like	282,13	2,51	Controle
330	Eucgr.J00121.2	appr 1 p processing enzyme family protein	4558,91	2,51	Controle
331	Eucgr.I01691.3	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	2208,05	2,51	Controle
332	Eucgr.H04065.1	galactokinase Cucumis melo	1405,99	2,51	Controle
333	Eucgr.G02235.2	atp binding	395,01	2,51	Controle
334	Eucgr.F01713.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100811870 Glycine max	1029,45	2,51	Controle
335	Eucgr.C02653.1	heat shock	3745,12	2,51	Controle
336	Eucgr.C01585.2	aspartate aminotransferase 2	2827,92	2,51	Controle
337	Eucgr.B00605.3	rna binding	1176,04	2,51	Controle
338	Eucgr.A01238.1	soluble inorganic pyrophosphatase	4353,83	2,51	Controle
339	Eucgr.K01867.2	dead box atp dependent rna helicase 37 like	332,87	2,48	Controle
340	Eucgr.K01867.1	dead box atp dependent rna helicase 37 like	492,97	2,48	Controle
341	Eucgr.J00025.1	heat shock cognate 70 kda protein isoform 1	37358,78	2,48	Controle
342	Eucgr.F03302.1	protein phosphatase	682,78	2,48	Controle
343	Eucgr.E04227.2	gtp binding rab2a like protein	382,83	2,48	Controle
344	Eucgr.E01107.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	3694,18	2,48	Controle
345	Eucgr.A01454.1	pp2a regulatory subunit tap46	763,65	2,48	Controle
346	Eucgr.A01453.1	plasma membrane atpase 4 isoform 1	235,83	2,48	Controle
347	Eucgr.A01200.1	glutathione s transferase omega	491,18	2,48	Controle
348	Eucgr.A00406.1	gdp dissociation inhibitor	2429,57	2,48	Controle
349	Eucgr.K01428.1	ras gtpase activating protein binding	488,91	2,46	Controle
350	Eucgr.H03948.3	glyoxysomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein mfpa	360,79	2,46	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
351	Eucgr.G02465.1	predicted protein Populus trichocarpa	50,4	2,46	Controle
352	Eucgr.D01750.2	udp glucose 4 epimerase	483,51	2,46	Controle
353	Eucgr.B01005.1	aldo keto	4109,47	2,46	Controle
354	Eucgr.L03768.1	pyruvate dehydrogenase e2 component	687,57	2,44	Controle
355	Eucgr.L02818.1	germin like protein subfamily 1 member	1064,53	2,44	Controle
356	Eucgr.K00001.1	plastid transcriptionally active 4	173,63	2,44	Controle
357	Eucgr.J01859.1	malonyl acyl carrier protein mitochondrial	409,88	2,44	Controle
358	Eucgr.I02452.1	succinate dehydrogenase	3520,84	2,44	Controle
359	Eucgr.I00375.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100252593 Vitis vinifera	169,75	2,44	Controle
360	Eucgr.G03132.1	manganese superoxide dismutase	1158,94	2,44	Controle
361	Eucgr.C00902.1	cytidine deaminase	1324,35	2,44	Controle
362	Eucgr.K03460.1	c 1 tetrahydrofolate cytoplasmic	496,87	2,41	Controle
363	Eucgr.H03953.1	lipoamide acyltransferase component of branched chain alpha keto acid	87,53	2,41	Controle
364	Eucgr.H00624.1	nascent polypeptide associated complex subunit beta	9556,76	2,41	Controle
365	Eucgr.F01711.1	t complex protein 1 subunit beta like	1187,49	2,41	Controle
366	Eucgr.E01416.1	proteasome subunit beta type	1503,19	2,41	Controle
367	Eucgr.D00535.1	pyruvate decarboxylase	1452,38	2,41	Controle
368	Eucgr.B01499.1	aldo keto reductase family 4 member c9 like	270,04	2,41	Controle
369	Eucgr.A02118.1	lysosomal beta glucosidase like	402,98	2,41	Controle
370	Eucgr.D00322.1	chlorophyll a b binding	3236,32	2,41	Controle
371	Eucgr.L03148.1	auxin induced protein pcnt115 isoform 1	3211,52	2,39	Controle
372	Eucgr.L01793.1	disease resistance protein	31,57	2,39	Controle
373	Eucgr.K01490.1	short chain type dehydrogenase reductase like	1995,68	2,39	Controle
374	Eucgr.K01363.2	elongation factor	978,42	2,39	Controle
375	Eucgr.J03179.1	vacuolar h atpase catalytic subunit	1800,24	2,39	Controle
376	Eucgr.I01037.1	serine carboxypeptidase like 18 like	888,51	2,39	Controle
377	Eucgr.I00424.1	hypothetical protein MTR 3g087510 Medicago truncatula	5656,95	2,39	Controle
378	Eucgr.B03307.3	atp citrate synthase alpha chain protein 1	132,05	2,39	Controle
379	Eucgr.K02244.1	chaperonin containing t complex protein delta	1223,81	2,36	Controle
380	Eucgr.H04132.1	swi snf related matrix associated actin dependent regulator of chromatin subfamily a	29,52	2,36	Controle
381	Eucgr.H02279.1	subtilisin like protease	134,58	2,36	Controle
382	Eucgr.G01949.1	vacuolar atp synthase subunit	917,48	2,36	Controle
383	Eucgr.F01883.4	protein	2166,36	2,36	Controle
384	Eucgr.B02864.1	probable fructose bisphosphate aldolase chloroplastic	8277,3	2,36	Controle
385	Eucgr.B01579.4	epoxide hydrolase 2 like	642,82	2,36	Controle
386	Eucgr.K02308.1	uncharacterized protein LOC100499834 Glycine max	9962,29	2,34	Controle
387	Eucgr.J02164.3	protein sec13 homolog	1100,66	2,34	Controle
388	Eucgr.J01697.1	u2 small nuclear ribonucleoprotein	1475,34	2,34	Controle
389	Eucgr.J00618.1	t complex protein 1 subunit eta	1014,32	2,34	Controle
390	Eucgr.H04369.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	406,16	2,34	Controle
391	Eucgr.G03042.2	60s acidic ribosomal protein p0	12213,03	2,34	Controle
392	Eucgr.G01905.1	acetyl coenzyme a synthetase like	84,44	2,34	Controle
393	Eucgr.D02119.5	small gtp binding protein	5758,75	2,34	Controle
394	Eucgr.L03025.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100784480 Glycine max	585,09	2,32	Controle
395	Eucgr.K03532.2	chaperone protein	777,89	2,32	Controle
396	Eucgr.J02293.1	prohibitin 3	951,97	2,32	Controle
397	Eucgr.J02164.2	protein sec13 homolog	1100,66	2,32	Controle
398	Eucgr.I00240.1	actin	35951,35	2,32	Controle
399	Eucgr.G03042.1	60s acidic ribosomal protein p0	17362,03	2,32	Controle
400	Eucgr.F04015.1	coatamer subunit beta 1 like	325,57	2,32	Controle
401	Eucgr.E04303.6	chromatin remodeling complex subunit	47,02	2,32	Controle
402	Eucgr.B04032.2	regulatory particle triple a atpase 3	7190,06	2,32	Controle
403	Eucgr.B03123.1	flavonol 4	636,03	2,32	Controle
404	Eucgr.A02651.1	quinone oxidoreductase pig3	1460,07	2,32	Controle
405	Eucgr.H01700.2	cystathionine beta synthase domain containing protein	206,09	2,32	Controle
406	Eucgr.L03224.1	amidase family protein	1514,49	2,29	Controle
407	Eucgr.K02668.1	ubiquitin conjugating enzyme e2	588,85	2,29	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
408	Eucgr.K02606.1	2 cys peroxiredoxin	6336,2	2,29	Controle
409	Eucgr.K02119.1	quinone oxidoreductase chloroplastic like	572,86	2,29	Controle
410	Eucgr.K02019.2	s formylglutathione hydrolase like	1045,36	2,29	Controle
411	Eucgr.I01206.1	2 oxoglutarate dependent dioxygenase	1244,39	2,29	Controle
412	Eucgr.I01129.2	polyadenylate binding protein 2 like	2945,75	2,29	Controle
413	Eucgr.G03035.2	26s proteasome regulatory particle non atpase subunit	931,07	2,29	Controle
414	Eucgr.G02807.1	translation elongation factor 1a 4	8161,02	2,29	Controle
415	Eucgr.E00370.2	small gtp binding protein	6419,5	2,29	Controle
416	Eucgr.D00194.2	proteasome subunit beta type	1978,55	2,29	Controle
417	Eucgr.C00247.2	eukaryotic initiation factor iso 4f subunit p82 34 like isoform 1	56,51	2,29	Controle
418	Eucgr.B03320.1	carbonic chloroplastic like isoform 1	5992,81	2,29	Controle
419	Eucgr.K02283.1	glutamine synthetase	1443,37	2,27	Controle
420	Eucgr.J02605.2	40s ribosomal protein	6788,38	2,27	Controle
421	Eucgr.I02137.3	40s ribosomal protein sa	6974,76	2,27	Controle
422	Eucgr.F02946.1	histidyl trna synthetase like	77,11	2,27	Controle
423	Eucgr.F02877.1	protein	711,71	2,27	Controle
424	Eucgr.B02942.2	pgmc poptn ame full cytoplasmic short pgm ame full glucose phosphomutase	2153,4	2,27	Controle
425	Eucgr.B02479.2	isovaleryl dehydrogenase mitochondrial like	324,49	2,27	Controle
426	Eucgr.B00436.3	delta 1 pyrroline 5 carboxylate dehydrogenase mitochondrial like	547,38	2,27	Controle
427	Eucgr.A01408.1	60s acidic ribosomal protein	5763,63	2,27	Controle
428	Eucgr.J02737.1	atpase subunit 1	383,79	2,25	Controle
429	Eucgr.J00434.1	PREDICTED uncharacterized protein At5g22580 Vitis vinifera	501,47	2,25	Controle
430	Eucgr.F04339.2	proteasome subunit beta type	840,2	2,25	Controle
431	Eucgr.F04339.1	proteasome subunit beta type	840,2	2,25	Controle
432	Eucgr.F03011.3	coatamer subunit beta 2 like	295,47	2,25	Controle
433	Eucgr.C02654.1	tmv resistance protein n	68,24	2,25	Controle
434	Eucgr.B03771.2	proteasome subunit alpha type 3	2103,25	2,25	Controle
435	Eucgr.B01152.1	endo beta d	7475,1	2,25	Controle
436	Eucgr.K01917.2	phosphatidylglycerol phosphatidylinositol transfer protein	499,11	2,25	Controle
437	Eucgr.H04500.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	365,89	2,23	Controle
438	Eucgr.F02797.3	pyruvate decarboxylase family protein	3244,12	2,23	Controle
439	Eucgr.F01229.1	phosphoenolpyruvate carboxylase	132,96	2,23	Controle
440	Eucgr.F00471.1	xylulose kinase	101,62	2,23	Controle
441	Eucgr.E03146.1	caffeic acid 3 o methyltransferase like isoform 2	1254,51	2,23	Controle
442	Eucgr.B01123.1	aluminum induced protein	656,51	2,23	Controle
443	Eucgr.B00913.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 14 like	3171,24	2,23	Controle
444	Eucgr.B00440.3	ubiquitin conjugating enzyme	1001,36	2,23	Controle
445	Eucgr.L02749.1	small nuclear ribonucleoprotein e	2271,48	2,23	Controle
446	Eucgr.K00787.1	aspartic proteinase	1120,23	2,20	Controle
447	Eucgr.I01134.1	caffeoyl 3 o methyltransferase	7062,55	2,20	Controle
448	Eucgr.H03608.1	endo beta d	3243,58	2,20	Controle
449	Eucgr.H00059.1	cytochrome b5	628,52	2,20	Controle
450	Eucgr.G02550.1	unnamed protein product Vitis vinifera	177,37	2,20	Controle
451	Eucgr.G01875.1	epidermal growth factor receptor substrate 15 like protein	432,55	2,20	Controle
452	Eucgr.B02479.6	isovaleryl dehydrogenase mitochondrial like	232,6	2,20	Controle
453	Eucgr.J02453.3	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4 like	1575,91	2,18	Controle
454	Eucgr.I02232.1	isocitrate dehydrogenase	1741,17	2,18	Controle
455	Eucgr.I01166.1	cxe carboxylesterase	1261,83	2,18	Controle
456	Eucgr.I00594.1	oligopeptidase a	1191,95	2,18	Controle
457	Eucgr.H04248.1	nbs lrr resistance protein	33,51	2,18	Controle
458	Eucgr.H03827.1	atp binding	37,13	2,18	Controle
459	Eucgr.G02570.1	cytosolic glutamine synthetase	377,29	2,18	Controle
460	Eucgr.F01299.1	gamma glutamyl hydrolase	91,61	2,18	Controle
461	Eucgr.E01780.1	phospholipase c 3	754,98	2,18	Controle
462	Eucgr.C03704.1	mitochondrial processing peptidase subunit alpha	4600,78	2,18	Controle
463	Eucgr.L01334.1	isoflavone reductase homolog	295,9	2,16	Controle
464	Eucgr.L01250.1	at5g17920 mpi7 60	862,24	2,16	Controle
465	Eucgr.J00965.2	ascorbate peroxidase	18632,5	2,16	Controle
466	Eucgr.G02608.2	prolyl oligopeptidase family protein	107,45	2,16	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
467	Eucgr.F00129.1	progesterone 5 beta reductase	1540,27	2,16	Controle
468	Eucgr.E02747.1	14 3 3 like protein d	16079,47	2,16	Controle
469	Eucgr.B03379.1	pyruvate dehydrogenase complex e1 alpha subunit	7159,8	2,16	Controle
470	Eucgr.D00436.1	I type lectin domain containing receptor kinase like	66,18	2,16	Controle
471	Eucgr.J00283.1	uricase nod 35	530,76	2,14	Controle
472	Eucgr.G03281.4	nucleotide binding	216	2,14	Controle
473	Eucgr.G02443.2	ras gtpase activating protein sh3 domain binding protein	2124,16	2,14	Controle
474	Eucgr.F01584.3	af282850 1allergenic isoflavone reductase like protein bet v	6465,23	2,14	Controle
475	Eucgr.E02641.1	tir nbs lrr type r protein 7	57,82	2,14	Controle
476	Eucgr.C01749.1	dead box atp dependent rna helicase 56 like	992,92	2,14	Controle
477	Eucgr.B03557.1	ubiquitin thioesterase otubain like protein	1126,05	2,14	Controle
478	Eucgr.B02460.2	atp binding	225,77	2,14	Controle
479	Eucgr.J02293.2	prohibitin 3	951,97	2,12	Controle
480	Eucgr.J01907.2	ubiquitin activating enzyme e1 2 like	195,09	2,12	Controle
481	Eucgr.D00127.1	gtp dependent nucleic acid binding protein	2844,6	2,12	Controle
482	Eucgr.B04032.3	26s protease regulatory subunit	2656,34	2,12	Controle
483	Eucgr.B03460.3	PREDICTED 3 oxoacyl acyl carrier protein reductase chloroplastic Vitis vinifera	266,3	2,12	Controle
484	Eucgr.B02456.2	cytosolic ascorbate peroxidase	66934,66	2,12	Controle
485	Eucgr.B00511.2	protein	3863,1	2,12	Controle
486	Eucgr.L02167.1	rna binding post transcriptional regulator csx1 like	2073,4	2,12	Controle
487	Eucgr.K03158.2	arginine biosynthesis bifunctional protein	826,3	2,10	Controle
488	Eucgr.J00864.1	succinyl ligase	2311,58	2,10	Controle
489	Eucgr.I02334.2	proteasome subunit alpha type 7	3207,22	2,10	Controle
490	Eucgr.H04142.1	grip and coiled coil domain containing	447,8	2,10	Controle
491	Eucgr.H04065.3	galactokinase Cucumis melo	1189,76	2,10	Controle
492	Eucgr.H00090.2	3 ketoacyl thiolase	1762,42	2,10	Controle
493	Eucgr.F04458.3	3 mercaptopyruvate sulfurtransferase	599,41	2,10	Controle
494	Eucgr.D00301.2	ribosomal protein s14	2108,06	2,10	Controle
495	Eucgr.B01005.2	aldo keto	3917,25	2,10	Controle
496	Eucgr.I01331.1	v type proton atpase 16 kda proteolipid subunit like	2604,46	2,10	Controle
497	Eucgr.K03426.1	npl4 like protein 1 like	409,27	2,08	Controle
498	Eucgr.J02208.1	formate dehydrogenase	6973,6	2,08	Controle
499	Eucgr.I01691.1	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	1067,19	2,08	Controle
500	Eucgr.G02932.1	actin 4	18752,69	2,08	Controle
501	Eucgr.C03557.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	733,35	2,08	Controle
502	Eucgr.B01498.2	aldo keto reductase family 4 member c9 like	381,36	2,08	Controle
503	Eucgr.B01003.1	aldo keto	4520,23	2,08	Controle
504	Eucgr.C01585.3	aatc dauca ame full aspartate cytoplasmic ame full transaminase a	1193,48	2,05	Controle
505	Eucgr.H00182.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100256194 Vitis vinifera	2461,43	2,05	Controle
506	Eucgr.K02766.1	programmed cell death protein 4	1623,01	2,03	Controle
507	Eucgr.J00193.3	clathrin heavy chain 1 like	545,84	2,03	Controle
508	Eucgr.H04950.1	alcohol dehydrogenase	5912,58	2,03	Controle
509	Eucgr.H04012.1	allergen pru p	16301,62	2,03	Controle
510	Eucgr.H02666.1	dna directed rna polymerase ii subunit rpb9	1790,21	2,03	Controle
511	Eucgr.H00952.2	zinc finger	148,02	2,03	Controle
512	Eucgr.H00595.1	glutamate decarboxylase like	1613,23	2,03	Controle
513	Eucgr.G01978.1	predicted protein Populus trichocarpa	14677,46	2,03	Controle
514	Eucgr.F03161.3	dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate	3024,11	2,03	Controle
515	Eucgr.F02901.2	nadp specific isocitrate	8520,27	2,03	Controle
516	Eucgr.F02797.1	pyruvate decarboxylase family protein	3427,11	2,03	Controle
517	Eucgr.D02537.1	actin Caragana korshinskii	28204,63	2,03	Controle
518	Eucgr.C01646.2	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	766,95	2,03	Controle
519	Eucgr.B00144.1	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	42649,97	2,03	Controle
520	Eucgr.L02843.1	low quality protein quinone oxidoreductase pig3	1203,17	2,01	Controle
521	Eucgr.L01547.1	serine carboxypeptidase ii 2	632,44	2,01	Controle
522	Eucgr.K01191.2	atp synthase subunit	475,08	2,01	Controle
523	Eucgr.H02826.3	dehydratase family	732,76	2,01	Controle
524	Eucgr.G02896.1	beta hexosaminidase subunit b2 like	592,38	2,01	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
525	Eucgr.F03611.2	pyrophosphate dependent phosphofructokinase alpha subunit	469,4	2,01	Controle
526	Eucgr.F03537.1	t complex protein 1 subunit beta	2708,83	2,01	Controle
527	Eucgr.D02118.1	predicted protein Populus trichocarpa	1988,18	2,01	Controle
528	Eucgr.D00028.1	thioredoxin mitochondrial like	882,87	2,01	Controle
529	Eucgr.C00803.1	cysteine protease cp1	1369,8	2,01	Controle
530	Eucgr.B03800.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	214,76	2,01	Controle
531	Eucgr.A00102.1	transcription factor	1909,34	2,01	Controle
532	Eucgr.K03315.1	nadh ubiquinone oxidoreductase 24 kd	902,29	1,99	Controle
533	Eucgr.K00456.1	band 7 family protein	498,92	1,99	Controle
534	Eucgr.J00982.2	amino acid binding	428,69	1,99	Controle
535	Eucgr.I01182.2	probable n acetyl gamma glutamyl phosphate chloroplastic	201,16	1,99	Controle
536	Eucgr.F03152.1	dead box rna helicase like protein	9243,7	1,99	Controle
537	Eucgr.F03099.1	snf7 family protein	813,28	1,99	Controle
538	Eucgr.F02310.2	cysteine proteinase rd21a like	3521,82	1,99	Controle
539	Eucgr.E00620.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	2794,16	1,99	Controle
540	Eucgr.D02118.3	unknown Populus trichocarpa	2950,09	1,99	Controle
541	Eucgr.D00699.2	quinone oxidoreductase pig3	513,4	1,99	Controle
542	Eucgr.B02123.1	stress responsive alpha beta barrel domain protein	2093,03	1,99	Controle
543	Eucgr.I01134.2	caffeoyl o methyltransferase	3066,06	1,97	Controle
544	Eucgr.F04463.1	phosphoglycerate kinase	37103,17	1,97	Controle
545	Eucgr.D01990.1	ef hand family protein	44361,75	1,97	Controle
546	Eucgr.D01888.1	pathogenesis related partial	722,99	1,97	Controle
547	Eucgr.F03443.1	tryptophan synthase beta subunit	241,01	1,97	Controle
548	Eucgr.F02830.3	eukaryotic translation initiation factor 3	748,87	1,97	Controle
549	Eucgr.L03240.1	ribosomal protein l9	14224,14	1,95	Controle
550	Eucgr.K03531.3	protein disulfide	22154,24	1,95	Controle
551	Eucgr.F04463.4	phosphoglycerate kinase	30234,44	1,95	Controle
552	Eucgr.A02448.1	PREDICTED enoyl acyl carrier protein reductase NADH chloroplasticlike Vitis v	1640,66	1,95	Controle
553	Eucgr.F00972.2	electron transport	133,03	1,95	Controle
554	Eucgr.L00852.1	sieve element occlusion a	1141,41	1,93	Controle
555	Eucgr.J02991.1	97 kda heat shock	1718,84	1,93	Controle
556	Eucgr.J02234.1	unnamed protein product Vitis vinifera	221,84	1,93	Controle
557	Eucgr.J01534.1	methyltransferase like protein 10 like	198,36	1,93	Controle
558	Eucgr.H04013.3	mal d	18172,54	1,93	Controle
559	Eucgr.F01586.1	proteasome subunit alpha	1385,99	1,93	Controle
560	Eucgr.E02761.1	chaperonin containing t complex protein gamma	423,7	1,93	Controle
561	Eucgr.C04168.1	gtp binding nuclear protein ran 3 like	10673,09	1,93	Controle
562	Eucgr.G00863.1	cc nbs lrr resistance protein	19,7	1,93	Controle
563	Eucgr.I01911.2	atpase plasma membrane type like	245,92	1,92	Controle
564	Eucgr.H00136.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein	455,51	1,92	Controle
565	Eucgr.G01858.4	pdf1 interacting protein partial	606,65	1,92	Controle
566	Eucgr.F03251.1	mdhm eucgu ame full malate mitochondrial flags precursor	13912,53	1,92	Controle
567	Eucgr.F02825.1	protease do like 7 like	365,35	1,92	Controle
568	Eucgr.C03922.1	iaa amino acid hydrolase ilr1 like 4	304,44	1,92	Controle
569	Eucgr.C00632.2	upf0587 protein c1orf123 homolog	2398,7	1,92	Controle
570	Eucgr.A01044.2	heat shock	559,21	1,92	Controle
571	Eucgr.J00461.1	peptidylprolyl isomerase domain and wd repeat containing protein 1 like	171,51	1,92	Controle
572	Eucgr.K02786.2	elongation factor chloroplastic like	1130,99	1,90	Controle
573	Eucgr.J02207.2	formate dehydrogenase	7014,74	1,90	Controle
574	Eucgr.I01305.1	cysteine proteinase rd19a	611,13	1,90	Controle
575	Eucgr.I00879.1	germination specific cysteine protease 1 like isoform 1	3392,11	1,90	Controle
576	Eucgr.G02996.1	daz associated protein 1 like	1365,63	1,90	Controle
577	Eucgr.F04472.1	latex abundant protein	2727,55	1,90	Controle
578	Eucgr.F04195.1	peroxidase 12 like	17259,06	1,90	Controle
579	Eucgr.E02397.2	prefoldin subunit	604,83	1,90	Controle
580	Eucgr.E01445.2	arginase putative Ricinus communis	5295,02	1,90	Controle
581	Eucgr.C03704.2	mitochondrial processing peptidase subunit alpha	3955,93	1,90	Controle
582	Eucgr.B01390.1	interferon induced gtp binding protein	96,21	1,90	Controle
583	Eucgr.B01011.2	mtnd2 vitvi ame full dihydroxy 3 keto 5 methylthiopentene dioxygen ase 2 ame full	667,5	1,90	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
584	Eucgr.A00172.1	major allergen pru ar 1	43420,26	1,90	Controle
585	Eucgr.K03043.1	proteasome inhibitor subunit 1	221,59	1,88	Controle
586	Eucgr.J02207.1	formate dehydrogenase	4272,64	1,88	Controle
587	Eucgr.G01640.4	diaminopimelate decarboxylase chloroplastic isoform 1	264,2	1,88	Controle
588	Eucgr.E03148.1	isoliquiritigenin 2 o methyltransferase like	805,5	1,88	Controle
589	Eucgr.C02514.1	serine carboxypeptidase ii 2	1683,04	1,88	Controle
590	Eucgr.B01724.1	cysteine synthase	9919,57	1,88	Controle
591	Eucgr.A02306.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit e like	168,1	1,88	Controle
592	Eucgr.K03456.1	glutathione s transferase f13	5574,36	1,86	Controle
593	Eucgr.J00025.2	heat shock cognate 70 kda protein isoform 1	31196,96	1,86	Controle
594	Eucgr.I00241.1	actin	28071,35	1,86	Controle
595	Eucgr.H03609.3	endo beta d	1607,32	1,86	Controle
596	Eucgr.H03140.2	elongation factor beta 1	8196,31	1,86	Controle
597	Eucgr.H01524.1	elongation factor	8452,31	1,86	Controle
598	Eucgr.G02443.1	ras gtpase activating protein sh3 domain binding protein	1854,23	1,86	Controle
599	Eucgr.G02332.1	dihydrolipoyllysine residue acetyltransferase component of pyruvate	795,84	1,86	Controle
600	Eucgr.F03104.1	ubiquitin carboxyl terminal	95,56	1,86	Controle
601	Eucgr.F02876.1	protein	1769,65	1,86	Controle
602	Eucgr.F02423.2	annexin d1	2235,72	1,86	Controle
603	Eucgr.F02133.1	glucose 6 phosphate isomerase like	1073,05	1,86	Controle
604	Eucgr.A00549.2	pyruvate decarboxylase isozyme 2 like	515,48	1,86	Controle
605	Eucgr.K03601.4	3 ketoacyl thiolase	1440,44	1,84	Controle
606	Eucgr.J00524.1	ruvb like 1 like	433,7	1,84	Controle
607	Eucgr.I01374.1	triosephosphate isomerase	2745,26	1,84	Controle
608	Eucgr.H03559.1	leucine rich repeat containing	585,86	1,84	Controle
609	Eucgr.H00143.2	succinyl ligase	16308,96	1,84	Controle
610	Eucgr.D00127.2	gtp dependent nucleic acid binding protein	1503,45	1,84	Controle
611	Eucgr.A02095.1	t complex protein 1 subunit theta like	1871,54	1,84	Controle
612	Eucgr.A00188.1	major allergen pru ar 1	85706,75	1,84	Controle
613	Eucgr.K03531.2	protein disulfide	22309,36	1,82	Controle
614	Eucgr.K03531.1	protein disulfide	22836,92	1,82	Controle
615	Eucgr.K02475.2	protein	7644,4	1,82	Controle
616	Eucgr.J02408.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase pin1 like	560,05	1,82	Controle
617	Eucgr.H00663.1	upf0426 protein chloroplastic like	444,42	1,82	Controle
618	Eucgr.G03107.2	alpha soluble nsf attachment protein	5996,28	1,82	Controle
619	Eucgr.F01883.3	protein	2924,46	1,82	Controle
620	Eucgr.F01666.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase 1 like	1108,64	1,82	Controle
621	Eucgr.E02375.1	programmed cell death protein 5 like	2001,5	1,82	Controle
622	Eucgr.D02110.1	autoinhibited h atpase	110,29	1,82	Controle
623	Eucgr.B02632.1	glutamate decarboxylase	445,01	1,82	Controle
624	Eucgr.A00990.1	rhicadhesin receptor	190,29	1,82	Controle
625	Eucgr.J00624.1	serrate rna effector molecule like	206,32	1,80	Controle
626	Eucgr.J00164.4	biotin carboxyl carrier protein of acetyl carboxylase like	956,14	1,80	Controle
627	Eucgr.J00023.2	heat shock	31094,18	1,80	Controle
628	Eucgr.H04086.1	NA	6769,69	1,80	Controle
629	Eucgr.B02780.1	d inducible glutathione s transferase	223,81	1,80	Controle
630	Eucgr.B01698.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit f	1395,14	1,80	Controle
631	Eucgr.I00692.2	ruvb like 2 like	88,68	1,79	Controle
632	Eucgr.H00199.1	predicted protein Populus trichocarpa	433,82	1,79	Controle
633	Eucgr.F03980.1	heat shock	19668,17	1,79	Controle
634	Eucgr.F03856.2	usp cucme ame full udp sugar pyrophosphorylase ame full udp galactose glucose pyrop	2131,91	1,79	Controle
635	Eucgr.F02035.1	neighbor of	266,27	1,79	Controle
636	Eucgr.B03531.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	78,58	1,79	Controle
637	Eucgr.B02917.1	major latex	10590,96	1,79	Controle
638	Eucgr.B00438.1	histone ubiquitination proteins group	685,26	1,79	Controle
639	Eucgr.L01440.1	poly binding	3300,69	1,77	Controle
640	Eucgr.K02073.2	fructose bisphosphate aldolase cytoplasmic isozyme	19064,35	1,77	Controle
641	Eucgr.I01129.1	polyadenylate binding protein 2 like	3545,52	1,77	Controle
642	Eucgr.H00143.1	succinyl ligase	17642,34	1,77	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
643	Eucgr.F02905.2	utp alpha d glucose 1 phosphate uridylyltransferase	14604,08	1,77	Controle
644	Eucgr.F02310.1	cysteine proteinase rd21a like	1453,18	1,77	Controle
645	Eucgr.F00310.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260886 isoform 2 Vitis vinifera	1520,33	1,77	Controle
646	Eucgr.E02058.1	hypothetical protein MPER 06206 Monilophthora perniciososa FA553	22282,73	1,77	Controle
647	Eucgr.B02456.1	cytosolic ascorbate peroxidase	66934,66	1,77	Controle
648	Eucgr.A00868.3	pmgi mescr ame full bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase short	16961,1	1,77	Controle
649	Eucgr.K01080.2	acyl coenzyme a oxidase peroxisomal	197,87	1,75	Controle
650	Eucgr.J00124.1	superoxide dismutase	671,22	1,75	Controle
651	Eucgr.H03928.1	translationally controlled tumor	4832,47	1,75	Controle
652	Eucgr.D00287.1	ornithine aminotransferase	193,07	1,75	Controle
653	Eucgr.A02291.1	polyadenylate binding protein interacting protein 2	823,2	1,75	Controle
654	Eucgr.A00378.1	60s acidic ribosomal protein	26570,64	1,75	Controle
655	Eucgr.J01075.1	NA	733,58	1,73	Controle
656	Eucgr.J00982.3	amino acid binding	428,69	1,73	Controle
657	Eucgr.J00936.1	beta galactosidase 8 like	89,55	1,73	Controle
658	Eucgr.J00859.1	dead box atp dependent rna	212,78	1,73	Controle
659	Eucgr.J00583.1	dnaj protein homolog	616,21	1,73	Controle
660	Eucgr.D00987.1	monothiol glutaredoxin s15	2946,11	1,73	Controle
661	Eucgr.A01481.1	probable receptor like protein kinase at5g39020 like eukaryotic initiation factor iso 4f subunit p82 34 like	133,4	1,73	Controle
662	Eucgr.C00248.1	isoform 1	164,12	1,73	Controle
663	Eucgr.K01841.1	actin	24299,84	1,72	Controle
664	Eucgr.H02650.1	selenium binding protein 1 like	443,97	1,72	Controle
665	Eucgr.G02764.1	dhar class glutathione transferase dhar3	10405,74	1,72	Controle
666	Eucgr.G02114.1	ubx domain containing protein	499,03	1,72	Controle
667	Eucgr.A02793.4	remorin family protein	275,94	1,72	Controle
668	Eucgr.K03158.1	arginine biosynthesis bifunctional protein chloroplastic like	409,55	1,70	Controle
669	Eucgr.J01595.1	dehydroascorbate reductase	43,76	1,70	Controle
670	Eucgr.H02588.1	probable nucleoredoxin 1 like	1070,51	1,70	Controle
671	Eucgr.G02175.3	major latex protein homologue	20213,27	1,70	Controle
672	Eucgr.F03755.1	ubiquitin fold modifier 1	5200,26	1,70	Controle
673	Eucgr.F02537.1	PREDICTED uncharacterized protein At2g34160 Vitis vinifera	4882,83	1,70	Controle
674	Eucgr.E04249.1	glycine cleavage system h protein	1555,53	1,70	Controle
675	Eucgr.K03002.1	neutral ceramidase like	372,3	1,70	Controle
676	Eucgr.G01206.1	endo beta xylanase a like	273,86	1,70	Controle
677	Eucgr.J00164.3	biotin carboxyl carrier protein of acetyl	687,2	1,68	Controle
678	Eucgr.I02784.1	ras related protein raba2a	583,64	1,68	Controle
679	Eucgr.F03922.1	cobw domain containing protein 2 like isoform 2	497,8	1,68	Controle
680	Eucgr.F02900.1	glutamate decarboxylase 1	7744,03	1,68	Controle
681	Eucgr.F00034.1	serpin like partial	439,23	1,68	Controle
682	Eucgr.A00868.1	pmgi mescr ame full bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase short	17968,09	1,68	Controle
683	Eucgr.F02899.1	universal stress protein a like protein	3816,5	1,67	Controle
684	Eucgr.I02163.1	alanine aminotransferase 2	3877,39	1,65	Controle
685	Eucgr.F03224.1	pfkb type carbohydrate kinase family protein	443	1,65	Controle
686	Eucgr.F03134.1	chaperonin cpn60 like protein	773,55	1,65	Controle
687	Eucgr.D00629.1	glutaredoxin s17	394,62	1,65	Controle
688	Eucgr.D00177.1	ferredoxin nadp reductase	2308,96	1,65	Controle
689	Eucgr.C00793.1	mtna poptr ame full methylthioribose 1 phosphate isomerase short m1pi short mtr 1 p	1210,93	1,65	Controle
690	Eucgr.B00131.2	adenylate kinase b	7150,15	1,65	Controle
691	Eucgr.H00144.2	harpin binding protein 1	874,82	1,63	Controle
692	Eucgr.E02712.1	predicted protein Populus trichocarpa	1543,24	1,63	Controle
693	Eucgr.C00846.1	threonine synthase	180,1	1,63	Controle
694	Eucgr.H04375.1	aldo keto	362,2	1,63	Controle
695	Eucgr.A02116.1	endo alpha glucanase	226,7	1,63	Controle
696	Eucgr.K02766.2	programmed cell death protein 4	1524,02	1,62	Controle
697	Eucgr.J02478.1	skp1 like protein 1a like	1454,33	1,62	Controle
698	Eucgr.J02207.3	formate dehydrogenase	6206,85	1,62	Controle
699	Eucgr.I02062.1	protein disulfide	216,74	1,62	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
700	Eucgr.I01982.1	chaperone protein chloroplastic like	54,94	1,62	Controle
701	Eucgr.G03107.1	alpha soluble nsf attachment protein	11413,54	1,62	Controle
702	Eucgr.G02684.1	ubiquitin conjugating family protein	8469,99	1,62	Controle
703	Eucgr.G01706.1	cysteine proteinase rd19a	478,56	1,62	Controle
704	Eucgr.G01113.1	low quality protein serine carboxypeptidase like 18 like	737,7	1,62	Controle
705	Eucgr.F02797.2	pyruvate decarboxylase family protein	3427,11	1,62	Controle
706	Eucgr.C00962.1	prof1 ricco ame full profilin 1	14959,39	1,62	Controle
707	Eucgr.C00146.1	serine carboxypeptidase like 18 like	1612,97	1,62	Controle
708	Eucgr.B03675.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100246702 Vitis vinifera	255,5	1,62	Controle
709	Eucgr.B00336.1	betaine aldehyde dehydrogenase	1661,92	1,62	Controle
710	Eucgr.G03388.1	carrier mitochondrial like	671,71	1,60	Controle
711	Eucgr.F04466.1	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	4255,95	1,60	Controle
712	Eucgr.B00436.2	delta 1 pyrroline 5 carboxylate dehydrogenase mitochondrial like	213,02	1,60	Controle
713	Eucgr.B00034.1	14 3 3 like protein	20785,31	1,60	Controle
714	Eucgr.A01915.2	phosphoenolpyruvate carboxylase	886,18	1,60	Controle
715	Eucgr.G02176.1	major latex	6260,7	1,58	Controle
716	Eucgr.C03901.1	nucleosome chromatin assembly factor group	640,34	1,58	Controle
717	Eucgr.C01076.3	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein mitochondrial like isoform 1	562,89	1,58	Controle
718	Eucgr.J01165.3	splicing factor 3b subunit 3 like	133,83	1,57	Controle
719	Eucgr.G02544.1	porin voltage dependent anion selective channel protein	2038,91	1,57	Controle
720	Eucgr.F03041.3	golgin candidate 5 like isoform 1	155,94	1,57	Controle
721	Eucgr.F00184.2	cysteine protease	1066,78	1,57	Controle
722	Eucgr.C01818.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	958,29	1,57	Controle
723	Eucgr.B02314.2	pumilio homolog 2 like	133,74	1,57	Controle
724	Eucgr.A01915.1	phosphoenolpyruvate carboxylase	886,18	1,57	Controle
725	Eucgr.J02596.2	proteasome subunit alpha type 5	7998,64	1,55	Controle
726	Eucgr.H03609.2	endo beta d	1791,02	1,55	Controle
727	Eucgr.H03140.1	elongation factor beta 1	9572,97	1,55	Controle
728	Eucgr.G02720.2	pyruvate cytosolic isozyme like	6539,06	1,55	Controle
729	Eucgr.F02659.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase 1 like	663,92	1,55	Controle
730	Eucgr.A00992.1	peptidyl prolyl cis trans	184,86	1,55	Controle
731	Eucgr.K03158.3	arginine biosynthesis bifunctional protein	178,94	1,54	Controle
732	Eucgr.K01314.3	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	3703,4	1,54	Controle
733	Eucgr.G02720.1	pyruvate cytosolic isozyme like	6539,06	1,54	Controle
734	Eucgr.G02663.2	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	105,06	1,54	Controle
735	Eucgr.D00992.2	monothiol glutaredoxin	5375,61	1,54	Controle
736	Eucgr.B03019.1	dna repair protein rad23 3 like isoform 1	961,45	1,54	Controle
737	Eucgr.A02935.1	glutamate dehydrogenase 2	1099,32	1,54	Controle
738	Eucgr.I00242.1	carbamoyl phosphate synthase small chain	920,43	1,52	Controle
739	Eucgr.H04426.2	copper zinc superoxide dismutase	10339,25	1,52	Controle
740	Eucgr.F02897.2	eukaryotic translation initiation factor 3	829	1,52	Controle
741	Eucgr.C00345.1	leucine aminopeptidase chloroplastic isoform 1	4834,58	1,52	Controle
742	Eucgr.D02465.1	5 enolpyruvylshikimate 3 phosphate synthase	402,05	1,52	Controle
743	Eucgr.K01045.1	adp atp carrier 3 protein	919,82	1,51	Controle
744	Eucgr.J00674.3	uncharacterized protein LOC100527727 Glycine max	1307,22	1,51	Controle
745	Eucgr.E01748.1	tubulin specific chaperone a	1252,89	1,51	Controle
746	Eucgr.D02512.1	structural constituent of nuclear	98,01	1,51	Controle
747	Eucgr.C00625.1	far upstream element binding protein	183,78	1,51	Controle
748	Eucgr.B02909.1	10 kda chaperonin	11539,13	1,51	Controle
749	Eucgr.L02071.1	major latex	21147,49	1,49	Controle
750	Eucgr.J01477.1	14 3 3 family protein	35754,98	1,49	Controle
751	Eucgr.I00377.1	formation of crista junctions protein 1 like	572,7	1,49	Controle
752	Eucgr.E00828.1	vacuolar atp synthase subunit	2778,9	1,49	Controle
753	Eucgr.F01880.1	ornithine chloroplastic	315,83	1,49	Controle
754	Eucgr.B03507.2	nuclear transport	503,02	1,49	Controle
755	Eucgr.H02593.1	probable nucleoredoxin 1 like	4347,32	1,48	Controle
756	Eucgr.F03253.1	polyadenylate binding cytoplasmic and nuclear like	124,4	1,48	Controle
757	Eucgr.C03069.1	puromycin sensitive aminopeptidase	551,92	1,48	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
758	Eucgr.K03576.1	galactose oxidase kelch repeat containing protein	11723,78	1,46	Controle
759	Eucgr.K00727.1	glutamate 1 semialdehyde	292,05	1,46	Controle
760	Eucgr.H02592.1	probable nucleoredoxin 1 like	2345,76	1,46	Controle
761	Eucgr.E01779.1	calcium binding ef hand family protein	1024,86	1,46	Controle
762	Eucgr.A02717.1	nadh dehydrogenase 1 alpha subcomplex 5	6758,15	1,46	Controle
763	Eucgr.J01595.2	dehydroascorbate reductase	194,01	1,45	Controle
764	Eucgr.H04880.1	probable atp synthase 24 kda mitochondrial	10446,12	1,45	Controle
765	Eucgr.H03154.1	ureidoglycolate amidohydrolase	431,24	1,45	Controle
766	Eucgr.H01094.2	sucrose synthase	307,99	1,45	Controle
767	Eucgr.C00370.2	temperature induced lipocalin	473,66	1,45	Controle
768	Eucgr.K01191.3	atp synthase subunit	335,14	1,45	Controle
769	Eucgr.K02286.2	jpr orf1	164,33	1,43	Controle
770	Eucgr.K02286.1	dihydropyrimidine dehydrogenase	313,08	1,43	Controle
771	Eucgr.I01792.1	serine type peptidase	177,08	1,43	Controle
772	Eucgr.G02430.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase e	689,56	1,43	Controle
773	Eucgr.F04198.1	peroxidase 12 like	4181,68	1,43	Controle
774	Eucgr.C03295.3	20 kda chloroplastic	9014,17	1,43	Controle
775	Eucgr.C01076.2	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein mitochondrial like isoform 1	627,6	1,43	Controle
776	Eucgr.K00241.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254986 Vitis vinifera	493,87	1,42	Controle
777	Eucgr.J02074.1	mip tip subfamily	465,09	1,42	Controle
778	Eucgr.J00965.1	ascorbate peroxidase	18632,5	1,42	Controle
779	Eucgr.F03661.5	dna damage inducible protein	840,07	1,42	Controle
780	Eucgr.I02668.2	at5g64160 mhj24 14	533,12	1,42	Controle
781	Eucgr.G02989.1	PREDICTED uncharacterized protein At2g39795 mitochondrial Vitis vinifera	172,22	1,40	Controle
782	Eucgr.G01931.1	lysosomal alpha	226,73	1,40	Controle
783	Eucgr.A01460.1	nuclear movement protein	3360,34	1,40	Controle
784	Eucgr.I02177.1	gibberellin 3 beta	195,42	1,40	Controle
785	Eucgr.G01120.1	I galactose dehydrogenase	989,1	1,39	Controle
786	Eucgr.F02897.3	eukaryotic translation initiation factor 3	748,75	1,39	Controle
787	Eucgr.F03319.1	thioredoxin chloroplastic like	215,15	1,39	Controle
788	Eucgr.I00375.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100252593 Vitis vinifera	527,49	1,39	Controle
789	Eucgr.I01038.1	serine carboxypeptidase like 18 like	349,31	1,38	Controle
790	Eucgr.F02715.2	transcription factor vip1 like	1786,57	1,38	Controle
791	Eucgr.E02375.2	programmed cell	558,12	1,38	Controle
792	Eucgr.B00357.1	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	113,42	1,38	Controle
793	Eucgr.F04344.2	I ascorbate peroxidase chloroplastic like isoform 2	3686,9	1,36	Controle
794	Eucgr.E00535.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100251323 Vitis vinifera	119,04	1,36	Controle
795	Eucgr.B00144.4	glyceraldehyde 3 phosphate	23863,75	1,36	Controle
796	Eucgr.L03049.1	thioredoxin chloroplastic like	571,63	1,36	Controle
797	Eucgr.J01000.2	copper chaperone	5895,5	1,35	Controle
798	Eucgr.J00524.2	ruvb like 1 like	729,4	1,35	Controle
799	Eucgr.F00330.3	14 3 3 like protein	5275,08	1,34	Controle
800	Eucgr.E00562.1	elicitor responsive protein 3 like	919,77	1,34	Controle
801	Eucgr.A01913.2	14 3 3 like protein d	4890,34	1,34	Controle
802	Eucgr.L01770.1	luminal binding protein	10449,13	1,32	Controle
803	Eucgr.K02311.1	uv induced protein uvi31	1376,24	1,32	Controle
804	Eucgr.G02764.3	dhar class glutathione transferase dhar3	8677,98	1,32	Controle
805	Eucgr.B02916.1	major latex	3012,44	1,32	Controle
806	Eucgr.B02914.1	major latex	16674,75	1,32	Controle
807	Eucgr.E00656.1	monodehydroascorbate reductase	6113,28	1,31	Controle
808	Eucgr.C03295.4	20 kda chloroplastic	7760,48	1,31	Controle
809	Eucgr.D02221.1	plastid lipid associated protein chloroplast	122,69	1,31	Controle
810	Eucgr.B03410.1	unnamed protein product Vitis vinifera	274,97	1,31	Controle
811	Eucgr.I02666.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100259875 Vitis vinifera	743,88	1,30	Controle
812	Eucgr.G02177.1	major latex	18515,87	1,28	Controle
813	Eucgr.B02532.2	ru large subunit binding protein subunit chloroplastic like	2549,61	1,28	Controle
814	Eucgr.A02547.1	sucrose 6 phosphate phosphatase	250,9	1,28	Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
815	Eucgr.H04324.1	probable prefoldin subunit 4	5530,48	1,27	Controle
816	Eucgr.H03154.2	n carbamoyl l amino acid hydrolase like	369,8	1,27	Controle
817	Eucgr.A01555.1	peroxiredoxin chloroplastic	10650,97	1,27	Controle
818	Eucgr.J01000.1	copper chaperone	10153,01	1,26	Controle
819	Eucgr.B03677.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100246702 Vitis vinifera	257,97	1,26	Controle
820	Eucgr.F01612.1	predicted protein Populus trichocarpa	534,42	1,26	Controle
821	Eucgr.K03531.4	protein disulfide	16697,33	1,25	Controle
822	Eucgr.A02072.2	hydroxyproline rich glycoprotein family protein	4831,14	1,23	Controle
823	Eucgr.K02497.1	heparanase like protein 1 like	161,31	1,23	Controle
824	Eucgr.B00144.2	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	25826,91	1,22	Controle
825	Eucgr.K00245.1	steroid binding	185,8	1,21	Controle
826	Eucgr.J02954.1	peroxyureidoacrylate ureidoacrylate amidohydrolase like	5265	1,20	Controle
827	Eucgr.G02804.1	atp synthase d	9517,36	1,20	Controle
828	Eucgr.D02118.2	predicted protein Populus trichocarpa	959,18	1,20	Controle
829	Eucgr.B03528.1	glucose 6 phosphate 1	201,36	1,20	Controle
830	Eucgr.F00184.1	cysteine protease	1101,51	1,19	Controle
831	Eucgr.I01495.1	class i chitinase	1832,71	1,19	Controle
832	Eucgr.F01777.1	catalase isozyme 1 isoform 1	4189,37	1,17	Controle
833	Eucgr.K02606.2	2 cys peroxiredoxin	3136,61	1,17	Controle
834	Eucgr.E00375.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase isozyme l3	260,66	1,17	Controle
835	Eucgr.F04345.2	protein disulfide	9505,51	1,16	Controle
836	Eucgr.I00377.2	formation of crista junctions protein 1 like	257,34	1,16	Controle
837	Eucgr.A02888.1	beta soluble isoenzyme i	341,02	1,15	Controle
838	Eucgr.I01600.1	lysosomal alpha mannosidase	1007,73	1,14	Controle
839	Eucgr.H02589.1	probable nucleoredoxin 1 like	559,4	1,12	Controle
840	Eucgr.E02058.2	hypothetical protein MPER 06206 Moniliophthora perniciosa FA553	40014,79	1,11	Controle
841	Eucgr.G02175.2	major latex	18349,68	1,08	Controle
842	Eucgr.C03295.1	20 kda chloroplastic	8064,38	1,08	Controle
843	Eucgr.I02771.1	heat shock	1876,81	1,08	Controle
844	Eucgr.H03982.1	major allergen pru ar 1	32021,1	1,06	Controle
1	Eucgr.K00480.2	predicted protein Populus trichocarpa	778,16	10,91	Tratamento
2	Eucgr.E00323.1	regulator of nonsense transcripts like protein	17,99	7,77	Tratamento
3	Eucgr.H03981.1	pr 10 type pathogenesis related protein	5748,41	6,82	Tratamento
4	Eucgr.C03295.2	20 kda chloroplastic	2042,08	4,06	Tratamento
5	Eucgr.B00144.3	glyceraldehyde 3 phosphate	11742,82	3,56	Tratamento
6	Eucgr.B02673.2	microtubule associated protein 70 2 like	170,81	3,32	Tratamento
7	Eucgr.K03315.2	nadh dehydrogenase flavoprotein 2	122,48	3,29	Tratamento
8	Eucgr.H04536.1	translationally controlled tumor protein	4384,86	3,29	Tratamento
9	Eucgr.I01042.1	serine carboxypeptidase like 18 like	90,94	3,19	Tratamento
10	Eucgr.J02288.1	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	8754,76	3,16	Tratamento
11	Eucgr.D01239.2	palmitoyl protein thioesterase family protein	209,32	2,97	Tratamento
12	Eucgr.K02475.1	protein	8100,99	2,61	Tratamento
13	Eucgr.H04951.1	protein	549,75	2,53	Tratamento
14	Eucgr.K00093.2	protein toplless	321,5	2,48	Tratamento
15	Eucgr.F02790.1	lish domain and heat repeat containing protein kiaa1468 homolog	18,91	2,39	Tratamento
16	Eucgr.E00655.7	40s ribosomal protein s10 1 like	1268,48	2,36	Tratamento
17	Eucgr.B01285.2	cullin 1 isoform 1	58,97	2,10	Tratamento
18	Eucgr.I01236.1	non symbiotic hemoglobin class 1	1108,03	2,08	Tratamento
19	Eucgr.B03604.3	tubulin alpha 1 chain like	4280,72	2,03	Tratamento
20	Eucgr.D02029.1	acid invertase	13,85	2,01	Tratamento
21	Eucgr.J01192.1	anx4 fraan ame full annexin like protein rj4	537,05	1,95	Tratamento
22	Eucgr.D00854.1	oxygen evolving enhancer protein chloroplast	1775,53	1,90	Tratamento
23	Eucgr.J01957.1	kda class i heat shock protein	838,25	1,90	Tratamento
24	Eucgr.I01821.1	aldehyde dehydrogenase 1 precursor	71,88	1,80	Tratamento
25	Eucgr.J02122.2	folypolyglutamate synthase	342,59	1,75	Tratamento
26	Eucgr.B00581.1	heat shock protein	613,98	1,73	Tratamento
27	Eucgr.D02652.3	soluble inorganic pyrophosphatase	1024,68	1,70	Tratamento
28	Eucgr.G00520.1	cc nbs lrr resistance protein	73,44	1,63	Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
29	Eucgr.H04426.3	copper zinc superoxide dismutase	6630,71	1,55	Tratamento
30	Eucgr.C01003.2	malic enzyme	1123,34	1,55	Tratamento
31	Eucgr.K01549.2	protein grpe like	127,67	1,54	Tratamento
32	Eucgr.D01341.2	adenylosuccinate synthetase	293,73	1,54	Tratamento
33	Eucgr.H03989.1	pathogenesis related protein sth 2	8449,8	1,48	Tratamento
34	Eucgr.C00389.1	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase rks1like	41,35	1,40	Tratamento
35	Eucgr.K02596.1	iaa amino acid hydrolase	506,54	1,39	Tratamento
36	Eucgr.A01960.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100255858 Vitis vinifera	26,31	1,39	Tratamento
37	Eucgr.H04394.1	cysteine synthase	532,77	1,36	Tratamento
38	Eucgr.B02251.1	pyridoxine biosynthesis protein	74,36	1,34	Tratamento
39	Eucgr.E04228.3	nucleotide binding	99,59	1,31	Tratamento
40	Eucgr.F00330.2	14 3 3 like protein	5275,08	1,21	Tratamento
41	Eucgr.E00579.1	glutathione peroxidase	1796,56	1,06	Tratamento
1	Eucgr.L02935.1	pseudouridine synthase and archaeosine transglycosylase like protein	512,88	-	Exclusivo Controle
2	Eucgr.L02718.2	gtp binding protein	5508,42	-	Exclusivo Controle
3	Eucgr.L02718.1	gtp binding nuclear protein ran 3 like	5549,9	-	Exclusivo Controle
4	Eucgr.L02024.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	370,12	-	Exclusivo Controle
5	Eucgr.L01629.1	aspartic proteinase nepenthesin 2 like	282,01	-	Exclusivo Controle
6	Eucgr.L01619.1	nmda receptor regulated	682,59	-	Exclusivo Controle
7	Eucgr.L01482.1	d inducible glutathione s transferase	140,99	-	Exclusivo Controle
8	Eucgr.L01476.1	beta hexosaminidase subunit b2 like	310,73	-	Exclusivo Controle
9	Eucgr.L00891.1	ubiquitin extension protein	13435,37	-	Exclusivo Controle
10	Eucgr.L00845.1	acetyl coenzyme a synthetase	106,45	-	Exclusivo Controle
11	Eucgr.L00816.1	gds1 esterase lipase	317,79	-	Exclusivo Controle
12	Eucgr.L00752.2	60s ribosomal protein l7 4 like	1630,78	-	Exclusivo Controle
13	Eucgr.L00026.1	mitogen activated protein kinase	1045,59	-	Exclusivo Controle
14	Eucgr.L00010.1	u5 snrp specific factor	195,79	-	Exclusivo Controle
15	Eucgr.K03601.2	3 ketoacyl thiolase	763,06	-	Exclusivo Controle
16	Eucgr.K03556.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	264,96	-	Exclusivo Controle
17	Eucgr.K03496.1	epoxide hydrolase	212,13	-	Exclusivo Controle
18	Eucgr.K03384.3	at1g03250 f15k9 13	286,07	-	Exclusivo Controle
19	Eucgr.K03315.3	nadh dehydrogenase flavoprotein 2	1303,5	-	Exclusivo Controle
20	Eucgr.K03271.1	desacetoxvindoline 4	1148,91	-	Exclusivo Controle
21	Eucgr.K03021.1	glutathione s transferase	461,33	-	Exclusivo Controle
22	Eucgr.K02840.3	pantothenate kinase 2 like	534,63	-	Exclusivo Controle
23	Eucgr.K02531.1	3 phosphoserine phosphatase	797,02	-	Exclusivo Controle
24	Eucgr.K02508.1	40s ribosomal protein s19	2498,27	-	Exclusivo Controle
25	Eucgr.K02267.1	ras related protein raba6b	1020,52	-	Exclusivo Controle
26	Eucgr.K02263.1	66 kda stress	300,89	-	Exclusivo Controle
27	Eucgr.K02023.1	ubiquitin fusion protein	13012,53	-	Exclusivo Controle
28	Eucgr.K01802.2	villin 1	170,58	-	Exclusivo Controle
29	Eucgr.K01653.1	probable glutathione s transferase	897,86	-	Exclusivo Controle
30	Eucgr.K01630.3	mitochondria fission 1	1717,33	-	Exclusivo Controle
31	Eucgr.K01360.1	2 dehydro 3 deoxyphosphooctonate aldolase	1548,79	-	Exclusivo Controle
32	Eucgr.K01286.2	hypothetical protein MTR 7g073340 Medicago truncatula	1051,73	-	Exclusivo Controle
33	Eucgr.K01237.1	glutathione s transferase	147,23	-	Exclusivo Controle
34	Eucgr.K01236.1	glutathione s transferase gst 22	2589,95	-	Exclusivo Controle
35	Eucgr.K01223.1	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein 5 like	258,87	-	Exclusivo Controle
36	Eucgr.K01196.1	rhamnose synthase	124,82	-	Exclusivo Controle
37	Eucgr.K01066.1	prohibitin 1 like protein	995,24	-	Exclusivo Controle
38	Eucgr.K00934.1	tyrosyl trna synthetase	364,63	-	Exclusivo Controle
39	Eucgr.K00929.1	external nadh ubiquinone oxidoreductase mitochondrial	163,13	-	Exclusivo Controle
40	Eucgr.K00795.1	pulegone reductase	810,96	-	Exclusivo Controle
41	Eucgr.K00793.1	pulegone reductase	897,53	-	Exclusivo Controle
42	Eucgr.K00772.1	NA	407,09	-	Exclusivo Controle
43	Eucgr.K00288.1	rna 2 o methyltransferase fibrillar 2 like isoform 2	328,58	-	Exclusivo Controle
44	Eucgr.K00241.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254986 Vitis vinifera	270,3	-	Exclusivo Controle
45	Eucgr.K00046.1	iaa amino acid hydrolase ilr1	1189,39	-	Exclusivo Controle
46	Eucgr.K00011.1	probable 6 phosphogluconolactonase chloroplastic like	445,82	-	Exclusivo Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
47	Eucgr.J03045.1	lys 63 specific deubiquitinase brcc36	271,42	-	Exclusivo Controle
48	Eucgr.J02842.1	dead box atp dependent rna	15722,21	-	Exclusivo Controle
49	Eucgr.J02596.1	proteasome subunit alpha type 5	5880,73	-	Exclusivo Controle
50	Eucgr.J02567.1	serine threonine protein phosphatase 7 like	214,96	-	Exclusivo Controle
51	Eucgr.J02265.1	gpda cupla ame full glycerol 3 phosphate dehydrogenase	251,38	-	Exclusivo Controle
52	Eucgr.J02262.1	pentatricopeptide repeat containing	126,55	-	Exclusivo Controle
53	Eucgr.J02207.4	formate dehydrogenase	7014,74	-	Exclusivo Controle
54	Eucgr.J02120.5	ccr4 not transcription complex subunit	102,57	-	Exclusivo Controle
55	Eucgr.J01979.1	kda class i heat shock protein	572,09	-	Exclusivo Controle
56	Eucgr.J01800.1	hypothetical protein MTR 8g085590 Medicago truncatula	643,42	-	Exclusivo Controle
57	Eucgr.J01600.3	rna and export factor binding	219,52	-	Exclusivo Controle
58	Eucgr.J01502.2	ribulose biphosphate carboxylase oxygenase small subunit	2233,13	-	Exclusivo Controle
59	Eucgr.J01124.1	ureidoglycolate hydrolase	280,95	-	Exclusivo Controle
60	Eucgr.J01087.1	aquaporin pip2 2 like	927,48	-	Exclusivo Controle
61	Eucgr.J01052.1	carboxyesterase 20	142,13	-	Exclusivo Controle
62	Eucgr.J00625.1	60s ribosomal protein	3734,05	-	Exclusivo Controle
63	Eucgr.J00583.2	seed maturation protein pm37	1510,62	-	Exclusivo Controle
64	Eucgr.J00577.2	j domain containing protein	303,39	-	Exclusivo Controle
65	Eucgr.J00529.2	nrl4b tobac ame full bifunctional nitrilase nitrile hydratase nit4b short trit4b ame	684,39	-	Exclusivo Controle
66	Eucgr.J00413.1	udp d apiose udp d xylose synthase 2	516,13	-	Exclusivo Controle
67	Eucgr.J00263.4	dehydroquinase dehydratase shikimate dehydrogenase	114,42	-	Exclusivo Controle
68	Eucgr.J00069.1	flavonol 4	310,51	-	Exclusivo Controle
69	Eucgr.I02569.1	glutamyl trna amidotransferase subunit	216,01	-	Exclusivo Controle
70	Eucgr.I02568.2	glutamyl trna amidotransferase subunit	345,33	-	Exclusivo Controle
71	Eucgr.I02469.1	xaa pro aminopeptidase	390,48	-	Exclusivo Controle
72	Eucgr.I02418.2	soluble inorganic pyrophosphatase	3593,19	-	Exclusivo Controle
73	Eucgr.I02360.1	60s ribosomal protein l8	133,45	-	Exclusivo Controle
74	Eucgr.I02018.2	voltage dependent anion selective	3474,93	-	Exclusivo Controle
75	Eucgr.I01779.7	adp ribosylation factor	2041,41	-	Exclusivo Controle
76	Eucgr.I01779.5	adp ribosylation factor	2446,75	-	Exclusivo Controle
77	Eucgr.I01779.4	adp ribosylation factor	6188,56	-	Exclusivo Controle
78	Eucgr.I01521.3	cholesterol transport protein	185,69	-	Exclusivo Controle
79	Eucgr.I01306.3	vacuolar proton	187,09	-	Exclusivo Controle
80	Eucgr.I01041.1	serine carboxypeptidase like 18	1254,97	-	Exclusivo Controle
81	Eucgr.I01020.1	gtp binding protein alpha	87,56	-	Exclusivo Controle
82	Eucgr.I00887.2	2 oxoglutarate dependent dioxygenase	162,18	-	Exclusivo Controle
83	Eucgr.H04967.1	protein da1 related 1 like isoform 2	201,6	-	Exclusivo Controle
84	Eucgr.H04786.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	811,37	-	Exclusivo Controle
85	Eucgr.H04776.1	proteasome subunit alpha	1445,35	-	Exclusivo Controle
86	Eucgr.H04640.2	small rubber particle	950,58	-	Exclusivo Controle
87	Eucgr.H04446.1	glutathione chloroplastic like	832,45	-	Exclusivo Controle
88	Eucgr.H04426.4	copper zinc superoxide dismutase	5155,04	-	Exclusivo Controle
89	Eucgr.H04426.1	copper zinc superoxide dismutase	6360,32	-	Exclusivo Controle
90	Eucgr.H04161.1	germin like protein subfamily 1 member	1613,57	-	Exclusivo Controle
91	Eucgr.H04128.1	cytosolic purine 5	369,62	-	Exclusivo Controle
92	Eucgr.H04013.2	mal d	341,12	-	Exclusivo Controle
93	Eucgr.H04007.1	allergen pru p	20904,51	-	Exclusivo Controle
94	Eucgr.H03972.1	major allergen pru ar 1	466,67	-	Exclusivo Controle
95	Eucgr.H03613.1	endo beta d	866,94	-	Exclusivo Controle
96	Eucgr.H03303.1	importin alpha	979,94	-	Exclusivo Controle
97	Eucgr.H03177.1	adenosylhomocysteinase s adenosyl l homocysteine hydrolase	966,14	-	Exclusivo Controle
98	Eucgr.H02960.3	stem 28 kda glycoprotein	367,95	-	Exclusivo Controle
99	Eucgr.H02912.1	calcium ion binding	253,85	-	Exclusivo Controle
100	Eucgr.H02855.1	bgl18 orysj ame full beta glucosidase 18 short os4bglu18 flags precursor	317,85	-	Exclusivo Controle
101	Eucgr.H02737.1	40s ribosomal protein s4 like	219,05	-	Exclusivo Controle
102	Eucgr.H02641.1	udp glycosyltransferase 75d1 like	215,5	-	Exclusivo Controle
103	Eucgr.H02573.1	glutathione s	444,52	-	Exclusivo Controle
104	Eucgr.H02400.1	wd repeat containing protein 5 like	182,63	-	Exclusivo Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
105	Eucgr.H02116.1	candidate disease resistance protein	151,24	-	Exclusivo Controle
106	Eucgr.H01253.1	proteasome subunit beta type	1675,43	-	Exclusivo Controle
107	Eucgr.H01164.1	af410333 1 at3g62730 f26k9 160	1605,8	-	Exclusivo Controle
108	Eucgr.H01134.1	cytochrome p450	212,02	-	Exclusivo Controle
109	Eucgr.H00714.1	d amino acid dehydrogenase small subunit	125,79	-	Exclusivo Controle
110	Eucgr.H00695.1	udp glycosyltransferase 74e2 like	191,83	-	Exclusivo Controle
111	Eucgr.H00692.1	udp glycosyltransferase 74e2 like	80,38	-	Exclusivo Controle
112	Eucgr.H00469.1	aldo keto reductase akr	4135,77	-	Exclusivo Controle
113	Eucgr.H00466.1	aldo keto reductase akr	3362,22	-	Exclusivo Controle
114	Eucgr.H00431.2	dimethylmalate lyase	66,45	-	Exclusivo Controle
115	Eucgr.H00134.2	60s ribosomal protein l23	1382,41	-	Exclusivo Controle
116	Eucgr.G03402.1	thioredoxin domain containing protein	1258,49	-	Exclusivo Controle
117	Eucgr.G03366.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100258445 Vitis vinifera	468,91	-	Exclusivo Controle
118	Eucgr.G03281.3	protein transport protein sec31 like isoform 1	394,7	-	Exclusivo Controle
119	Eucgr.G03107.4	alpha soluble nsf attachment protein	921,26	-	Exclusivo Controle
120	Eucgr.G03107.3	alpha soluble nsf attachment protein	5293,65	-	Exclusivo Controle
121	Eucgr.G03035.1	26s proteasome regulatory particle non atpase subunit	339,78	-	Exclusivo Controle
122	Eucgr.G02782.1	nitrilase like protein	276,76	-	Exclusivo Controle
123	Eucgr.G02764.2	dhar class glutathione transferase dhar3	5197,75	-	Exclusivo Controle
124	Eucgr.G02685.2	40s ribosomal protein s17	1223,41	-	Exclusivo Controle
125	Eucgr.G02685.1	40s ribosomal protein s17	790,14	-	Exclusivo Controle
126	Eucgr.G02545.1	hypersensitive induced response protein	382,7	-	Exclusivo Controle
127	Eucgr.G02539.4	ssdna binding transcriptional regulator	458,43	-	Exclusivo Controle
128	Eucgr.G02468.1	eukaryotic translation initiation factor 5a1	5741,96	-	Exclusivo Controle
129	Eucgr.G02422.1	translin family protein	290,83	-	Exclusivo Controle
130	Eucgr.G02235.1	atp binding	259,97	-	Exclusivo Controle
131	Eucgr.G02182.4	prolactin regulatory element binding	229,97	-	Exclusivo Controle
132	Eucgr.G01186.1	alpha tubulin 1	33123,63	-	Exclusivo Controle
133	Eucgr.G01120.2	l galactose dehydrogenase	448,04	-	Exclusivo Controle
134	Eucgr.G01038.1	dna directed rna polymerases i and iii subunit rpc2	465,4	-	Exclusivo Controle
135	Eucgr.G00854.1	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptonate aldolase 3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	98,53	-	Exclusivo Controle
136	Eucgr.G00661.1	rna recognition motif and cchc type zinc finger domain containing protein	325,04	-	Exclusivo Controle
137	Eucgr.G00618.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100245237 Vitis vinifera	128,38	-	Exclusivo Controle
138	Eucgr.G00530.1	cc nbs lrr resistance protein	173,21	-	Exclusivo Controle
139	Eucgr.F04458.2	3 mercaptopyruvate sulfurtransferase like	728,66	-	Exclusivo Controle
140	Eucgr.F04230.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100818599 Glycine max	133,09	-	Exclusivo Controle
141	Eucgr.F04205.2	polypyrimidine tract binding protein homolog 3 isoform 1	656,89	-	Exclusivo Controle
142	Eucgr.F04205.1	polypyrimidine tract binding protein homolog 3 isoform 1	134,52	-	Exclusivo Controle
143	Eucgr.F04106.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100256915 Vitis vinifera	382,67	-	Exclusivo Controle
144	Eucgr.F03992.1	aldose 1	226,38	-	Exclusivo Controle
145	Eucgr.F03557.1	catalase isozyme 1 isoform 1	4994,35	-	Exclusivo Controle
146	Eucgr.F03269.1	peptide n4 n acetyl beta glucosaminyl asparagine amidase	173,35	-	Exclusivo Controle
147	Eucgr.F03245.1	photosystem ii phosphoprotein	883,95	-	Exclusivo Controle
148	Eucgr.F03233.1	atnadk 3 nadk3 kinase 3	286,5	-	Exclusivo Controle
149	Eucgr.F03231.2	ramnose synthase	674,21	-	Exclusivo Controle
150	Eucgr.F03161.1	dihydroipoamide acetyltransferase component of pyruvate	2576	-	Exclusivo Controle
151	Eucgr.F03148.3	nonclathrin coat protein zeta1 cop	831,3	-	Exclusivo Controle
152	Eucgr.F02952.2	bifunctional aspartokinase homoserine dehydrogenase	120,99	-	Exclusivo Controle
153	Eucgr.F02952.1	bifunctional aspartokinase homoserine dehydrogenase	120,99	-	Exclusivo Controle
154	Eucgr.F02946.2	histidyl tna synthetase like	113,32	-	Exclusivo Controle
155	Eucgr.F02905.3	udp glucose pyrophosphorylase	2556,58	-	Exclusivo Controle
156	Eucgr.F02741.1	pentatricopeptide repeat containing protein	43,3	-	Exclusivo Controle
157	Eucgr.F02611.1	calcium dependent protein	181,34	-	Exclusivo Controle
158	Eucgr.F02566.1	gibberellin 20	954,45	-	Exclusivo Controle
159	Eucgr.F02260.2	adenine phosphoribosyltransferase 1	261,37	-	Exclusivo Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
160	Eucgr.F01905.1	oep24 pea ame full outer envelope pore protein chloroplastic ame full chloroplastic	555,14	-	Exclusivo Controle
161	Eucgr.F01883.2	protein	916,9	-	Exclusivo Controle
162	Eucgr.F01813.2	dna binding	215,25	-	Exclusivo Controle
163	Eucgr.F01775.2	catalase isozyme 1 like	13549,23	-	Exclusivo Controle
164	Eucgr.F01775.1	catalase isozyme 1 like	14450,23	-	Exclusivo Controle
165	Eucgr.F01589.1	dihydroflavonol 4 reductase	700,14	-	Exclusivo Controle
166	Eucgr.F01226.3	ubiquitin conjugating enzyme e2 35	4135,18	-	Exclusivo Controle
167	Eucgr.F01184.1	homogentisate	204,66	-	Exclusivo Controle
168	Eucgr.F01183.1	rab gtpase homolog a1f	1147,52	-	Exclusivo Controle
169	Eucgr.F01180.2	zinc binding	177,67	-	Exclusivo Controle
170	Eucgr.F00212.1	subtilisin like protease	117,65	-	Exclusivo Controle
171	Eucgr.F00036.1	serpin like partial	120,17	-	Exclusivo Controle
172	Eucgr.E04317.3	sh3 domain containing protein	124,97	-	Exclusivo Controle
173	Eucgr.E04281.1	epsin n terminal homology domain containing protein	191,4	-	Exclusivo Controle
174	Eucgr.E04226.1	probable galactinol sucrose galactosyltransferase 2 like	96,83	-	Exclusivo Controle
175	Eucgr.E03917.1	myo inositol	279,34	-	Exclusivo Controle
176	Eucgr.E03517.1	unnamed protein product Vitis vinifera	239,09	-	Exclusivo Controle
177	Eucgr.E03203.2	disease resistance protein	63,99	-	Exclusivo Controle
178	Eucgr.E03169.1	ras related protein raba1f	794,09	-	Exclusivo Controle
179	Eucgr.E02950.1	udp glucose flavonoid 3 o glucosyltransferase 7	305,03	-	Exclusivo Controle
180	Eucgr.E02899.1	protein srg1	201,83	-	Exclusivo Controle
181	Eucgr.E02853.1	cyclic phosphodiesterase	401,53	-	Exclusivo Controle
182	Eucgr.E01127.1	rhodanese like domain containing protein	944,73	-	Exclusivo Controle
183	Eucgr.E01105.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1669,84	-	Exclusivo Controle
184	Eucgr.E01103.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1532,37	-	Exclusivo Controle
185	Eucgr.E00873.2	dynammin related protein 5a	83,5	-	Exclusivo Controle
186	Eucgr.E00375.2	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase isozyme l3	237,46	-	Exclusivo Controle
187	Eucgr.E00280.4	protein dif	598,44	-	Exclusivo Controle
188	Eucgr.E00280.3	protein dif	705,58	-	Exclusivo Controle
189	Eucgr.E00184.1	pmm soybn ame full phosphomannomutase ame full	940,88	-	Exclusivo Controle
190	Eucgr.D02508.3	40s ribosomal protein s14	687,67	-	Exclusivo Controle
191	Eucgr.D02465.2	5 enolpyruvylshikimate 3 phosphate synthase	274,78	-	Exclusivo Controle
192	Eucgr.D02251.5	nad dependent malic enzyme 59 kda mitochondrial	1763,69	-	Exclusivo Controle
193	Eucgr.D02217.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	181,62	-	Exclusivo Controle
194	Eucgr.D01945.2	anthocyanidin synthase	757,61	-	Exclusivo Controle
195	Eucgr.D01945.1	anthocyanidin synthase	602,82	-	Exclusivo Controle
196	Eucgr.D01776.7	ubiquitin conjugating enzyme e2 17 kda like isoform 1	3770,38	-	Exclusivo Controle
197	Eucgr.D01776.6	protein	2549,9	-	Exclusivo Controle
198	Eucgr.D01681.2	cystathionine gamma	479,43	-	Exclusivo Controle
199	Eucgr.D01652.1	histone h4	4877,49	-	Exclusivo Controle
200	Eucgr.D01225.1	copper binding protein 3	1335,24	-	Exclusivo Controle
201	Eucgr.D01223.1	unknown Populus trichocarpa	256,24	-	Exclusivo Controle
202	Eucgr.D01130.2	uric acid degradation bifunctional protein ttl like	117,87	-	Exclusivo Controle
203	Eucgr.D00750.1	vesicle associated membrane family protein	231,59	-	Exclusivo Controle
204	Eucgr.D00699.1	quinone oxidoreductase pig3	4179,87	-	Exclusivo Controle
205	Eucgr.D00614.1	eukaryotic translation initiation factor 3	227,53	-	Exclusivo Controle
206	Eucgr.D00484.1	oryzain alpha chain like	197,43	-	Exclusivo Controle
207	Eucgr.D00478.1	60s ribosomal protein l11 2	1262,41	-	Exclusivo Controle
208	Eucgr.D00319.1	chlorophyll a b binding	1116,84	-	Exclusivo Controle
209	Eucgr.D00034.4	kinase family protein	143,11	-	Exclusivo Controle
210	Eucgr.C04098.2	cytochrome p450	143,28	-	Exclusivo Controle
211	Eucgr.C04028.1	aspartic proteinase nepenthesin 2	810,97	-	Exclusivo Controle
212	Eucgr.C03922.2	iaa amino acid hydrolase 11	451,43	-	Exclusivo Controle
213	Eucgr.C03703.1	6 phosphofructokinase 3 like	318,06	-	Exclusivo Controle
214	Eucgr.C03689.2	mitochondrial processing peptidase subunit mitochondrial	109	-	Exclusivo Controle
215	Eucgr.C03295.5	20 kda chloroplastic	3025,24	-	Exclusivo Controle
216	Eucgr.C03047.2	precursor of carboxylase p protein glycine decarboxylase complex	435,88	-	Exclusivo Controle
217	Eucgr.C02921.1	carotenoid 9 cleavage dioxygenase 1 like	246,02	-	Exclusivo Controle
218	Eucgr.C02459.1	phenazine biosynthesis	237,81	-	Exclusivo Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
219	Eucgr.C02458.1	uncharacterized isomerase bh0283 like	552,18	-	Exclusivo Controle
220	Eucgr.C01358.2	topless related protein 4 like	410,39	-	Exclusivo Controle
221	Eucgr.C01265.1	peroxisomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein aim1like	373,84	-	Exclusivo Controle
222	Eucgr.C01119.5	acyl protein thioesterase 2 like	525	-	Exclusivo Controle
223	Eucgr.C01003.3	malic enzyme	5829,02	-	Exclusivo Controle
224	Eucgr.C00830.2	40s ribosomal protein s3 3	7258,02	-	Exclusivo Controle
225	Eucgr.C00627.2	clathrin interactor epsin 1 like isoform 1	483,59	-	Exclusivo Controle
226	Eucgr.C00609.2	nadp dependent malic enzyme like	888,17	-	Exclusivo Controle
227	Eucgr.C00609.1	nadp dependent malic enzyme like	957,9	-	Exclusivo Controle
228	Eucgr.C00436.2	serine threonine protein	76,52	-	Exclusivo Controle
229	Eucgr.C00390.1	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase rks1like	146,01	-	Exclusivo Controle
230	Eucgr.C00154.3	nadph cytochrome p450 reductase	52,04	-	Exclusivo Controle
231	Eucgr.C00150.1	ribulose biphosphate carboxylase small chain	3405,04	-	Exclusivo Controle
232	Eucgr.B03792.2	nadh cytochrome b5	282,86	-	Exclusivo Controle
233	Eucgr.B03771.1	proteasome subunit alpha type 3	4680,03	-	Exclusivo Controle
234	Eucgr.B03746.1	flavonoid 3 hydroxylase	376,46	-	Exclusivo Controle
235	Eucgr.B03742.2	flavonoid 3 hydroxylase	478,13	-	Exclusivo Controle
236	Eucgr.B03696.1	cinnamoyl reductase like protein	548,75	-	Exclusivo Controle
237	Eucgr.B03507.1	nuclear transport	846,76	-	Exclusivo Controle
238	Eucgr.B03460.2	PREDICTED 3 oxoacyl acyl carrier protein reductase chloroplastic Vitis vinifera	798,55	-	Exclusivo Controle
239	Eucgr.B03414.1	ubiquitin conjugating enzyme e2 17 kda	775,25	-	Exclusivo Controle
240	Eucgr.B03411.2	nadh dehydrogenase	1023,68	-	Exclusivo Controle
241	Eucgr.B03390.2	aminophospholipid atpase	69,98	-	Exclusivo Controle
242	Eucgr.B03289.1	protein	1449,69	-	Exclusivo Controle
243	Eucgr.B03201.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	279,79	-	Exclusivo Controle
244	Eucgr.B03143.3	probable 6 phosphogluconolactonase 2 like	990,49	-	Exclusivo Controle
245	Eucgr.B02942.1	pgmc popntn ame full cytoplasmic short pgm ame full glucose phosphomutase	1708,33	-	Exclusivo Controle
246	Eucgr.B02913.1	major latex	1004,07	-	Exclusivo Controle
247	Eucgr.B02802.2	chaperone protein dnaj	347,33	-	Exclusivo Controle
248	Eucgr.B02673.1	microtubule associated protein 70 2 like	170,81	-	Exclusivo Controle
249	Eucgr.B02627.1	hypothetical protein VITISV 025194 Vitis vinifera	293,11	-	Exclusivo Controle
250	Eucgr.B02577.1	protein phosphatase 2a catalytic subunit	373,88	-	Exclusivo Controle
251	Eucgr.B02456.4	cytosolic ascorbate peroxidase	42241,25	-	Exclusivo Controle
252	Eucgr.B02429.1	ubiquinone biosynthesis protein coq	158,88	-	Exclusivo Controle
253	Eucgr.B02285.1	tubulin beta	18684,71	-	Exclusivo Controle
254	Eucgr.B02080.1	importin subunit alpha 1 like	3343,36	-	Exclusivo Controle
255	Eucgr.B01818.1	isopenicillin n epimerase like isoform 1	360,51	-	Exclusivo Controle
256	Eucgr.B01773.1	unnamed protein product Vitis vinifera	244,26	-	Exclusivo Controle
257	Eucgr.B01633.1	interferon induced gtp binding protein	555,26	-	Exclusivo Controle
258	Eucgr.B01148.1	NA	84,03	-	Exclusivo Controle
259	Eucgr.B00672.1	single stranded dna binding mitochondrial	377,57	-	Exclusivo Controle
260	Eucgr.B00580.2	flavonoid 3 hydroxylase	355,67	-	Exclusivo Controle
261	Eucgr.B00578.1	flavonoid 3 hydroxylase	161,13	-	Exclusivo Controle
262	Eucgr.B00511.1	protein	3863,1	-	Exclusivo Controle
263	Eucgr.B00335.1	betaine aldehyde dehydrogenase	1118,99	-	Exclusivo Controle
264	Eucgr.B00293.1	anthranilate chloroplast precursor	251,42	-	Exclusivo Controle
265	Eucgr.A02940.3	poly binding protein 1	540,07	-	Exclusivo Controle
266	Eucgr.A02929.1	methionine sulfoxide reductase type	194,24	-	Exclusivo Controle
267	Eucgr.A02913.1	n beta n acetylglucosaminyl l	152,91	-	Exclusivo Controle
268	Eucgr.A02865.1	peptidase family m48 family protein	172,44	-	Exclusivo Controle
269	Eucgr.A02786.1	metal ion binding	1244,83	-	Exclusivo Controle
270	Eucgr.A02652.1	quinone oxidoreductase pig3	1440,05	-	Exclusivo Controle
271	Eucgr.A02258.2	strictosidine synthase family protein	951,06	-	Exclusivo Controle
272	Eucgr.A02097.1	glutamate dehydrogenase 1	1995,12	-	Exclusivo Controle
273	Eucgr.A02048.1	tt12 2 mate transporter	451,88	-	Exclusivo Controle
274	Eucgr.A02047.1	tt12 2 mate transporter	431,11	-	Exclusivo Controle
275	Eucgr.A02022.1	4 hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	317,88	-	Exclusivo Controle
276	Eucgr.A01916.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100266079 Vitis vinifera	582,97	-	Exclusivo Controle
277	Eucgr.A01913.4	14 3 3 like protein	6885,04	-	Exclusivo Controle
278	Eucgr.A01385.1	peroxidase 5 like isoform 1	453,76	-	Exclusivo Controle

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
279	Eucgr.A01241.1	histone h2a like	658,46	-	Exclusivo Controle
280	Eucgr.A01126.1	aconitate hydratase 3	7344,34	-	Exclusivo Controle
281	Eucgr.A01047.1	chlorophyll a b binding	1687,03	-	Exclusivo Controle
282	Eucgr.A00982.3	cathepsin b	376,7	-	Exclusivo Controle
283	Eucgr.A00868.2	pmgi mescr ame full bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase short	9064,61	-	Exclusivo Controle
284	Eucgr.A00723.1	pentatricopeptide repeat containing	189,76	-	Exclusivo Controle
285	Eucgr.A00378.2	60s acidic ribosomal protein	697,43	-	Exclusivo Controle
286	Eucgr.A00344.1	gtp binding protein sar1a	284,37	-	Exclusivo Controle
287	Eucgr.A00246.1	2 isopropylmalate synthase 2	293,5	-	Exclusivo Controle
288	Eucgr.A00138.1	major allergen Pru ar 1	679,87	-	Exclusivo Controle
289	Eucgr.A00023.1	rna polymerase rpb8	334,55	-	Exclusivo Controle
1	Eucgr.L03383.1	chloroplast ribose 5 phosphate isomerase	791,63	-	Exclusivo Tratamento
2	Eucgr.L02942.1	adp ribosylation factor	3411,07	-	Exclusivo Tratamento
3	Eucgr.L02922.1	disease resistance protein rga2 like	57,88	-	Exclusivo Tratamento
4	Eucgr.L02454.1	phosphoribosylformylglycinamide cyclo chloroplastic mitochondrial	666,93	-	Exclusivo Tratamento
5	Eucgr.L02119.1	brassinosteroid insensitive 1 associated receptor kinase 1	262,12	-	Exclusivo Tratamento
6	Eucgr.L02116.1	vitamin b12 independent methionine 5 methyltetrahydropteroyltriglutamate homocysteine	1516,97	-	Exclusivo Tratamento
7	Eucgr.L02006.2	protein	484,67	-	Exclusivo Tratamento
8	Eucgr.L01962.1	thaumatin like protein	651,78	-	Exclusivo Tratamento
9	Eucgr.L01943.1	thioredoxin like protein	1245,39	-	Exclusivo Tratamento
10	Eucgr.L01730.1	ubiquitin putative Ricinus communis	225,54	-	Exclusivo Tratamento
11	Eucgr.L01629.2	aspartic proteinase nepenthesin 2 like	172,7	-	Exclusivo Tratamento
12	Eucgr.L01603.1	peroxidase 27	607,4	-	Exclusivo Tratamento
13	Eucgr.L01220.1	acetyl coenzyme a synthetase	164,2	-	Exclusivo Tratamento
14	Eucgr.L01166.1	serine protease	1029,22	-	Exclusivo Tratamento
15	Eucgr.L01138.1	proliferation associated protein 2g4 like	131,47	-	Exclusivo Tratamento
16	Eucgr.L00958.1	cytochrome p450	581,1	-	Exclusivo Tratamento
17	Eucgr.L00918.1	cysteine proteinase	1081,27	-	Exclusivo Tratamento
18	Eucgr.L00752.1	60s ribosomal protein l7 4 like	397,09	-	Exclusivo Tratamento
19	Eucgr.L00073.3	cc nbs lrr resistance protein	108,77	-	Exclusivo Tratamento
20	Eucgr.L00052.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100779210 Glycine max	254,74	-	Exclusivo Tratamento
21	Eucgr.K03599.2	alcohol dehydrogenase 1	1506,26	-	Exclusivo Tratamento
22	Eucgr.K03448.1	protein binding	160,91	-	Exclusivo Tratamento
23	Eucgr.K03316.1	histone acetyltransferase	118,77	-	Exclusivo Tratamento
24	Eucgr.K03307.1	glutathione reductase	165,42	-	Exclusivo Tratamento
25	Eucgr.K03287.1	deoxyhypusine hydroxylase	139,86	-	Exclusivo Tratamento
26	Eucgr.K03244.2	mip pip subfamily	1384,35	-	Exclusivo Tratamento
27	Eucgr.K03136.1	methallothioneine like protein	1680,85	-	Exclusivo Tratamento
28	Eucgr.K03122.1	gras family transcription factor	262,31	-	Exclusivo Tratamento
29	Eucgr.K02990.1	histone h4	4027,15	-	Exclusivo Tratamento
30	Eucgr.K02985.1	rna polymerase ii c terminal domain phosphatase like 2 like	170,34	-	Exclusivo Tratamento
31	Eucgr.K02961.3	ferritin 4	1171,05	-	Exclusivo Tratamento
32	Eucgr.K02961.1	iron binding protein	472,32	-	Exclusivo Tratamento
33	Eucgr.K02796.1	phloem specific protein	3922,14	-	Exclusivo Tratamento
34	Eucgr.K02506.1	udp glucose 6 dehydrogenase	290,96	-	Exclusivo Tratamento
35	Eucgr.K02428.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase family protein	190,58	-	Exclusivo Tratamento
36	Eucgr.K02313.1	predicted protein Populus trichocarpa	135,03	-	Exclusivo Tratamento
37	Eucgr.K02291.5	dihydroxy 2 butanone kinase	203,74	-	Exclusivo Tratamento
38	Eucgr.K02291.3	dihydroxyacetone kinase family protein	193,39	-	Exclusivo Tratamento
39	Eucgr.K02236.1	ribosomal protein s24 s35	161,4	-	Exclusivo Tratamento
40	Eucgr.K02066.1	unknown Glycine max	72,4	-	Exclusivo Tratamento
41	Eucgr.K02044.2	probable cytosolic iron sulfur protein assembly protein	230,42	-	Exclusivo Tratamento
42	Eucgr.K01958.1	hypothetical protein VITISV_009466 Vitis vinifera	187,41	-	Exclusivo Tratamento
43	Eucgr.K01549.1	protein grape like	736,06	-	Exclusivo Tratamento
44	Eucgr.K01511.1	methionine synthase	34,78	-	Exclusivo Tratamento
45	Eucgr.K01476.2	transcription factor putative Ricinus communis	159,43	-	Exclusivo Tratamento
46	Eucgr.K01476.1	transcription factor putative Ricinus communis	144,38	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
47	Eucgr.K01433.1	histone lysine n methyltransferase suvr4	148,02	-	Exclusivo Tratamento
48	Eucgr.K01314.2	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	5974,21	-	Exclusivo Tratamento
49	Eucgr.K01314.1	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	7905,11	-	Exclusivo Tratamento
50	Eucgr.K01080.1	acyl coenzyme a oxidase peroxisomal	250,18	-	Exclusivo Tratamento
51	Eucgr.K01066.3	prohibitin 1 like protein	455,83	-	Exclusivo Tratamento
52	Eucgr.K00787.2	aspartic proteinase	289,37	-	Exclusivo Tratamento
53	Eucgr.K00671.1	NA	811,16	-	Exclusivo Tratamento
54	Eucgr.K00647.1	curved dna binding protein	89,32	-	Exclusivo Tratamento
55	Eucgr.K00583.1	atp binding cassette	167,17	-	Exclusivo Tratamento
56	Eucgr.K00534.1	multidrug resistance protein	20,72	-	Exclusivo Tratamento
57	Eucgr.K00490.1	probable receptor like protein kinase at1g67000 like	234,12	-	Exclusivo Tratamento
58	Eucgr.K00081.1	nucleic acid binding	654,94	-	Exclusivo Tratamento
59	Eucgr.J03191.1	mitochondrial transcription termination factor family protein	108,59	-	Exclusivo Tratamento
60	Eucgr.J03157.1	udp glycosyltransferase 90a1 like	193,08	-	Exclusivo Tratamento
61	Eucgr.J03094.1	atpase plasma membrane type like	141,24	-	Exclusivo Tratamento
62	Eucgr.J03051.1	biotin carboxyl carrier protein of acetyl carboxylase chloroplastic like	358,47	-	Exclusivo Tratamento
63	Eucgr.J02940.2	af262997 1nadp dependent malic protein	73,91	-	Exclusivo Tratamento
64	Eucgr.J02759.1	disease resistance protein	250,22	-	Exclusivo Tratamento
65	Eucgr.J02619.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	110,55	-	Exclusivo Tratamento
66	Eucgr.J02528.2	protein grip like	140,79	-	Exclusivo Tratamento
67	Eucgr.J02453.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4 like	244,47	-	Exclusivo Tratamento
68	Eucgr.J02403.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100802226 Glycine max	68,32	-	Exclusivo Tratamento
69	Eucgr.J02305.4	predicted protein Populus trichocarpa	928,99	-	Exclusivo Tratamento
70	Eucgr.J02305.2	predicted protein Populus trichocarpa	1111,82	-	Exclusivo Tratamento
71	Eucgr.J02207.5	formate dehydrogenase	6622,05	-	Exclusivo Tratamento
72	Eucgr.J01983.1	kda class i heat shock protein	9532,8	-	Exclusivo Tratamento
73	Eucgr.J01977.1	kda class i heat shock protein	5152,89	-	Exclusivo Tratamento
74	Eucgr.J01976.1	kda class i heat shock protein	6006,43	-	Exclusivo Tratamento
75	Eucgr.J01960.1	kda class i heat shock protein	4058,96	-	Exclusivo Tratamento
76	Eucgr.J01766.2	calpain putative Ricinus communis	166,31	-	Exclusivo Tratamento
77	Eucgr.J01717.1	unnamed protein product Vitis vinifera	291,96	-	Exclusivo Tratamento
78	Eucgr.J01625.2	unknown protein Vitis vinifera	1241,49	-	Exclusivo Tratamento
79	Eucgr.J01505.2	predicted protein Populus trichocarpa	125,55	-	Exclusivo Tratamento
80	Eucgr.J01335.1	pentatricopeptide repeat containing protein	194,24	-	Exclusivo Tratamento
81	Eucgr.J01158.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase family protein	204,56	-	Exclusivo Tratamento
82	Eucgr.J01142.4	protein in2 1 homolog b like	1440,21	-	Exclusivo Tratamento
83	Eucgr.J01142.3	protein in2 1 homolog b like	1943,68	-	Exclusivo Tratamento
84	Eucgr.J01142.2	protein in2 1 homolog b like	2757,25	-	Exclusivo Tratamento
85	Eucgr.J01047.1	gibberellin receptor	335,87	-	Exclusivo Tratamento
86	Eucgr.J00669.1	predicted protein Populus trichocarpa	186,51	-	Exclusivo Tratamento
87	Eucgr.J00292.1	dnaj protein homolog	433	-	Exclusivo Tratamento
88	Eucgr.J00163.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100253544 Vitis vinifera	274,14	-	Exclusivo Tratamento
89	Eucgr.J00075.1	protein	323,13	-	Exclusivo Tratamento
90	Eucgr.J00048.5	actin depolymerizing factor 4	6847,24	-	Exclusivo Tratamento
91	Eucgr.J00048.4	actin depolymerizing factor 1	3980,87	-	Exclusivo Tratamento
92	Eucgr.I02806.4	2 c methyl d erythritol 4 phosphate cytidyltransferase	389,44	-	Exclusivo Tratamento
93	Eucgr.I02806.2	2 c methyl d erythritol 4 phosphate cytidyltransferase	192,6	-	Exclusivo Tratamento
94	Eucgr.I02551.1	NA	453,96	-	Exclusivo Tratamento
95	Eucgr.I02418.1	soluble inorganic pyrophosphatase like	2058,73	-	Exclusivo Tratamento
96	Eucgr.I02395.1	dehydrin 1	501,04	-	Exclusivo Tratamento
97	Eucgr.I02347.3	calcium dependent protein kinase 18	135,81	-	Exclusivo Tratamento
98	Eucgr.I02307.3	aconitate hydratase 1 like	3833,32	-	Exclusivo Tratamento
99	Eucgr.I02214.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100250729 Vitis vinifera	271,5	-	Exclusivo Tratamento
100	Eucgr.I02136.1	kda class iii heat shock protein	260,68	-	Exclusivo Tratamento
101	Eucgr.I02087.1	uridylate kinase	814,91	-	Exclusivo Tratamento
102	Eucgr.I02024.1	40s ribosomal protein	781,54	-	Exclusivo Tratamento
103	Eucgr.I01885.1	multidrug pheromone mdr abc transporter family	91,48	-	Exclusivo Tratamento
104	Eucgr.I01790.1	carbonic chloroplastic like isoform 1	645,06	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
105	Eucgr.I01779.6	adp ribosylation factor	2040,98	-	Exclusivo Tratamento
106	Eucgr.I01779.3	adp ribosylation factor	2273,07	-	Exclusivo Tratamento
107	Eucgr.I01720.1	small gtp binding protein	51,88	-	Exclusivo Tratamento
108	Eucgr.I01713.1	protein tplate like	120,06	-	Exclusivo Tratamento
109	Eucgr.I01665.1	protein tplate like	88,18	-	Exclusivo Tratamento
110	Eucgr.I01663.1	ribosome recycling factor	239,68	-	Exclusivo Tratamento
111	Eucgr.I01404.2	senescence related protein	283,66	-	Exclusivo Tratamento
112	Eucgr.I01379.1	translation initiation	71,44	-	Exclusivo Tratamento
113	Eucgr.I01281.3	glucose 1 phosphate adenyltransferase large subunit 1	217,69	-	Exclusivo Tratamento
114	Eucgr.I01241.1	4 hydroxy 3 methylbut 2 enyl diphosphate	196,88	-	Exclusivo Tratamento
115	Eucgr.I01237.1	non symbiotic hemoglobin class 1	4474,32	-	Exclusivo Tratamento
116	Eucgr.I01138.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	137,84	-	Exclusivo Tratamento
117	Eucgr.I01138.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	126,71	-	Exclusivo Tratamento
118	Eucgr.I01087.1	gh3 family protein	159,62	-	Exclusivo Tratamento
119	Eucgr.I01039.3	serine carboxypeptidase like 18 like	184,1	-	Exclusivo Tratamento
120	Eucgr.I01017.1	zinc finger	67,86	-	Exclusivo Tratamento
121	Eucgr.I00214.2	phosphatidylinositol 4 kinase beta 1 like	62,51	-	Exclusivo Tratamento
122	Eucgr.I00183.4	e3 ubiquitin protein ligase rglg1 isoform 2	287,04	-	Exclusivo Tratamento
123	Eucgr.I00047.2	protease do like mitochondrial like	216,48	-	Exclusivo Tratamento
124	Eucgr.H04996.1	pantothenate kinase putative Ricinus communis	376,48	-	Exclusivo Tratamento
125	Eucgr.H04904.1	NA	296,24	-	Exclusivo Tratamento
126	Eucgr.H04829.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100782686 Glycine max	214,45	-	Exclusivo Tratamento
127	Eucgr.H04662.1	lipoxygenase chloroplastic	78,28	-	Exclusivo Tratamento
128	Eucgr.H04376.1	aldo keto	250,17	-	Exclusivo Tratamento
129	Eucgr.H04374.2	aldo keto	285,05	-	Exclusivo Tratamento
130	Eucgr.H04368.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	177,6	-	Exclusivo Tratamento
131	Eucgr.H04367.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	129,41	-	Exclusivo Tratamento
132	Eucgr.H04085.1	craniofacial development protein 1 like	280,43	-	Exclusivo Tratamento
133	Eucgr.H04036.1	gtp binding protein	923,39	-	Exclusivo Tratamento
134	Eucgr.H04009.1	pathogenesis related protein sth 2	563,92	-	Exclusivo Tratamento
135	Eucgr.H03861.1	monothiol glutaredoxin s2	246,23	-	Exclusivo Tratamento
136	Eucgr.H03835.1	cysteine rich receptor like protein kinase 25 like isoform 3	188,35	-	Exclusivo Tratamento
137	Eucgr.H03812.1	ngc d protein	14,92	-	Exclusivo Tratamento
138	Eucgr.H03518.1	heat shock cognate 70 kda protein 4 like	201,81	-	Exclusivo Tratamento
139	Eucgr.H03465.1	protein	2148,72	-	Exclusivo Tratamento
140	Eucgr.H03423.1	40s ribosomal protein s3a like	603,64	-	Exclusivo Tratamento
141	Eucgr.H03395.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100251040 isoform 1 Vitis vinifera	234,03	-	Exclusivo Tratamento
142	Eucgr.H03280.1	dna polymerase iii polc type	256,96	-	Exclusivo Tratamento
143	Eucgr.H03134.1	tir nbs lrr class disease resistance protein	316,32	-	Exclusivo Tratamento
144	Eucgr.H02854.5	uncharacterized wd repeat containing	173,01	-	Exclusivo Tratamento
145	Eucgr.H02591.1	receptor like kinase	113,07	-	Exclusivo Tratamento
146	Eucgr.H02302.1	proteasome subunit beta type	508,9	-	Exclusivo Tratamento
147	Eucgr.H02093.1	cbs domain containing protein chloroplastic like	419,16	-	Exclusivo Tratamento
148	Eucgr.H01601.1	probable receptor like protein kinase at1g67000 like	217,56	-	Exclusivo Tratamento
149	Eucgr.H01473.3	ribosome recycling chloroplastic like	725,5	-	Exclusivo Tratamento
150	Eucgr.H01083.1	fumarate class ii	58,04	-	Exclusivo Tratamento
151	Eucgr.H00857.1	nudix hydrolase 2 like	182,23	-	Exclusivo Tratamento
152	Eucgr.H00739.1	dopamine beta	279,95	-	Exclusivo Tratamento
153	Eucgr.H00737.1	dopamine beta	191,11	-	Exclusivo Tratamento
154	Eucgr.H00663.2	upf0426 protein chloroplastic like	236,59	-	Exclusivo Tratamento
155	Eucgr.H00498.1	ras related protein raba5c like isoform 2	168,76	-	Exclusivo Tratamento
156	Eucgr.H00495.1	rho gdp dissociation inhibitor 1 like	225,86	-	Exclusivo Tratamento
157	Eucgr.H00469.2	aldo keto reductase akr	2225,33	-	Exclusivo Tratamento
158	Eucgr.H00431.1	dimethylmalate lyase	337,3	-	Exclusivo Tratamento
159	Eucgr.H00240.1	serine threonine protein kinase	79,63	-	Exclusivo Tratamento
160	Eucgr.H00188.1	cellulose synthase like protein g2 like	142,9	-	Exclusivo Tratamento
161	Eucgr.H00038.1	beta galactosidase 9	51,03	-	Exclusivo Tratamento
162	Eucgr.G03398.1	small molecular weight g protein 1	639,95	-	Exclusivo Tratamento
163	Eucgr.G03281.2	protein transport protein sec31 like isoform 1	75,41	-	Exclusivo Tratamento
164	Eucgr.G03281.1	protein transport protein sec31 like isoform 1	347,1	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
165	Eucgr.G03178.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262520 Vitis vinifera	243,01	-	Exclusivo Tratamento
166	Eucgr.G03135.1	transcription factor rf2b	212,75	-	Exclusivo Tratamento
167	Eucgr.G02848.1	phenylalanine ammonia lyase	294,02	-	Exclusivo Tratamento
168	Eucgr.G02468.3	eukaryotic translation initiation factor 5a1	2579,14	-	Exclusivo Tratamento
169	Eucgr.G02327.1	alpha xylosidase isoform 1	16,83	-	Exclusivo Tratamento
170	Eucgr.G02110.1	calcium ion binding	535	-	Exclusivo Tratamento
171	Eucgr.G01975.1	glycyl trna synthetase mitochondrial like	480,86	-	Exclusivo Tratamento
172	Eucgr.G01451.1	NA	127,75	-	Exclusivo Tratamento
173	Eucgr.G01213.1	endo beta xylanase a like	130,51	-	Exclusivo Tratamento
174	Eucgr.G00734.1	Irr receptor like serine threonine protein kinase fls2 like	8,85	-	Exclusivo Tratamento
175	Eucgr.G00713.1	cc nbs Irr resistance protein	67,1	-	Exclusivo Tratamento
176	Eucgr.G00658.1	af485267 1class iii peroxidase	233,28	-	Exclusivo Tratamento
177	Eucgr.G00279.1	disease resistance response	335,53	-	Exclusivo Tratamento
178	Eucgr.G00177.1	NA	780,04	-	Exclusivo Tratamento
179	Eucgr.G00116.1	uridylate kinase	703,17	-	Exclusivo Tratamento
180	Eucgr.G00061.1	heat shock protein 22	1197,53	-	Exclusivo Tratamento
181	Eucgr.F04402.1	aldehyde dehydrogenase family 7 member a1	101,49	-	Exclusivo Tratamento
182	Eucgr.F04393.1	serine threonine protein plant	76,83	-	Exclusivo Tratamento
183	Eucgr.F04109.1	kda class iv heat shock protein	3780,68	-	Exclusivo Tratamento
184	Eucgr.F04099.3	chlorophyll a b binding	199,29	-	Exclusivo Tratamento
185	Eucgr.F03873.1	gtp binding	319,72	-	Exclusivo Tratamento
186	Eucgr.F03798.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254101 Vitis vinifera	170,84	-	Exclusivo Tratamento
187	Eucgr.F03796.2	delta aminolevulinic acid dehydratase	230,21	-	Exclusivo Tratamento
188	Eucgr.F03796.1	delta aminolevulinic acid dehydratase	181,28	-	Exclusivo Tratamento
189	Eucgr.F03735.1	serine hydroxymethyltransferase 4	159,59	-	Exclusivo Tratamento
190	Eucgr.F03661.1	dna damage inducible protein	1112,69	-	Exclusivo Tratamento
191	Eucgr.F03611.1	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransferase subunit alpha like	48,46	-	Exclusivo Tratamento
192	Eucgr.F03470.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100253742 Vitis vinifera	211,36	-	Exclusivo Tratamento
193	Eucgr.F03374.1	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase at4g27290 like	111,17	-	Exclusivo Tratamento
194	Eucgr.F03278.2	ras related protein rab 11b	737,99	-	Exclusivo Tratamento
195	Eucgr.F03278.1	ras related protein rab 11b	618,45	-	Exclusivo Tratamento
196	Eucgr.F03113.3	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase at4g27290 like	388,33	-	Exclusivo Tratamento
197	Eucgr.F03036.1	hydroxyphenylpyruvate reductase	322,02	-	Exclusivo Tratamento
198	Eucgr.F02918.2	protease C56 putative Ricinus communis	2086,67	-	Exclusivo Tratamento
199	Eucgr.F02898.1	kda heat shock peroxisomal	319,14	-	Exclusivo Tratamento
200	Eucgr.F02571.2	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate aspartate prephenate aminotrans	329,98	-	Exclusivo Tratamento
201	Eucgr.F02430.1	leucine rich repeat family protein protein kinase family protein	99,95	-	Exclusivo Tratamento
202	Eucgr.F02175.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260884 Vitis vinifera	203,54	-	Exclusivo Tratamento
203	Eucgr.F01854.1	thioredoxin h1	844,59	-	Exclusivo Tratamento
204	Eucgr.F01760.1	anthranilate n benzoyltransferase	105,19	-	Exclusivo Tratamento
205	Eucgr.F01713.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100811870 Glycine max	712,81	-	Exclusivo Tratamento
206	Eucgr.F01691.1	trx domain containing protein	571,39	-	Exclusivo Tratamento
207	Eucgr.F01659.1	nucleotide binding	17,85	-	Exclusivo Tratamento
208	Eucgr.F01584.2	fra e allergen	2985,72	-	Exclusivo Tratamento
209	Eucgr.F01564.1	predicted protein Populus trichocarpa	77,67	-	Exclusivo Tratamento
210	Eucgr.F01401.2	hydroxyacylglutathione hydrolase mitochondrial like	812,59	-	Exclusivo Tratamento
211	Eucgr.F01374.1	big map kinase	144,52	-	Exclusivo Tratamento
212	Eucgr.F01247.2	pathogen related protein	117,7	-	Exclusivo Tratamento
213	Eucgr.F01247.1	pathogen related protein	430,51	-	Exclusivo Tratamento
214	Eucgr.F01140.1	bed finger nbs Irr resistance protein	178,95	-	Exclusivo Tratamento
215	Eucgr.F01136.1	bed finger nbs Irr resistance protein	203,82	-	Exclusivo Tratamento
216	Eucgr.F00972.1	electron transport	248,72	-	Exclusivo Tratamento
217	Eucgr.F00785.1	taxane 13 alpha hydroxylase	323,36	-	Exclusivo Tratamento
218	Eucgr.F00302.1	vq motif containing protein	265,12	-	Exclusivo Tratamento
219	Eucgr.F00228.3	photosystem i light harvesting complex protein 5	367,17	-	Exclusivo Tratamento
220	Eucgr.F00035.1	serpin like partial	20,87	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
221	Eucgr.E04369.1	receptor like protein 12 like	482,4	-	Exclusivo Tratamento
222	Eucgr.E04368.1	receptor protein kinase like protein	243,12	-	Exclusivo Tratamento
223	Eucgr.E04249.3	precursor of carboxylase h protein glycine decarboxylase complex	940,2	-	Exclusivo Tratamento
224	Eucgr.E04249.2	glycine cleavage system h protein	1390,42	-	Exclusivo Tratamento
225	Eucgr.E04227.1	gtp binding rab2a like protein	607,84	-	Exclusivo Tratamento
226	Eucgr.E03831.2	calcineurin b like protein	89,76	-	Exclusivo Tratamento
227	Eucgr.E03684.2	cytochrome p450	164,93	-	Exclusivo Tratamento
228	Eucgr.E03679.1	cytochrome p450	147,82	-	Exclusivo Tratamento
229	Eucgr.E03585.1	cysteine rich receptor like protein kinase 29 like	267,83	-	Exclusivo Tratamento
230	Eucgr.E03104.1	pointed first leaf	421,69	-	Exclusivo Tratamento
231	Eucgr.E02846.2	pre rna processing protein tsr1 homolog	103,27	-	Exclusivo Tratamento
232	Eucgr.E02748.1	pollen allergen che a 1	698,66	-	Exclusivo Tratamento
233	Eucgr.E02588.1	disease resistance like protein	133,47	-	Exclusivo Tratamento
234	Eucgr.E02414.2	unnamed protein product Vitis vinifera	117,11	-	Exclusivo Tratamento
235	Eucgr.E02397.1	prefoldin subunit	1496,41	-	Exclusivo Tratamento
236	Eucgr.E01898.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	176,08	-	Exclusivo Tratamento
237	Eucgr.E01828.1	atp binding	198,14	-	Exclusivo Tratamento
238	Eucgr.E01740.2	3 hydroxyisobutyryl hydrolase 1	158,68	-	Exclusivo Tratamento
239	Eucgr.E01634.1	glycerol 3 phosphate acyltransferase	437,73	-	Exclusivo Tratamento
240	Eucgr.E01418.2	ku p80 dna	139,65	-	Exclusivo Tratamento
241	Eucgr.E01304.1	nbs lrr resistance protein	288,92	-	Exclusivo Tratamento
242	Eucgr.E01280.1	NA	345,22	-	Exclusivo Tratamento
243	Eucgr.E01110.2	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1947,74	-	Exclusivo Tratamento
244	Eucgr.E01104.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1811,22	-	Exclusivo Tratamento
245	Eucgr.E00833.3	ubiquitin conjugating enzyme	1075,56	-	Exclusivo Tratamento
246	Eucgr.E00655.5	40s ribosomal protein	3753,05	-	Exclusivo Tratamento
247	Eucgr.E00253.1	heat shock factor protein	256,09	-	Exclusivo Tratamento
248	Eucgr.E00228.3	glycerol 3 phosphate acyltransferase	333,91	-	Exclusivo Tratamento
249	Eucgr.E00181.1	tetrahydrofolate synthase	189,82	-	Exclusivo Tratamento
250	Eucgr.E00084.1	udp galactose fucoside alpha 3 galactosyltransferase	122,06	-	Exclusivo Tratamento
251	Eucgr.D02537.2	actin Caragana korshinskii	17015,71	-	Exclusivo Tratamento
252	Eucgr.D02491.1	vesicle associated protein 1 2 like	395,03	-	Exclusivo Tratamento
253	Eucgr.D02438.1	diaminopimelate decarboxylase chloroplastic isoform 2	659,49	-	Exclusivo Tratamento
254	Eucgr.D02119.7	small gtp binding protein	618,99	-	Exclusivo Tratamento
255	Eucgr.D02075.2	protein arginine n methyltransferase like	117,28	-	Exclusivo Tratamento
256	Eucgr.D02073.3	kda heat shock mitochondrial isoform 1	304,56	-	Exclusivo Tratamento
257	Eucgr.D02073.2	mitochondrial small heat shock protein	697,24	-	Exclusivo Tratamento
258	Eucgr.D02033.2	adenine phosphoribosyltransferase chloroplastic like	1748,97	-	Exclusivo Tratamento
259	Eucgr.D01772.2	ubiquitin ligase protein	96,79	-	Exclusivo Tratamento
260	Eucgr.D01772.1	ubiquitin ligase protein	47,6	-	Exclusivo Tratamento
261	Eucgr.D01580.1	prefoldin subunit 3	905,6	-	Exclusivo Tratamento
262	Eucgr.D01493.1	hypothetical protein Osl 02805 Oryza sativa Indica Group	53,81	-	Exclusivo Tratamento
263	Eucgr.D01319.1	pyruvate decarboxylase	296,27	-	Exclusivo Tratamento
264	Eucgr.D01239.1	palmitoyl protein thioesterase family protein	332,85	-	Exclusivo Tratamento
265	Eucgr.D01128.1	trm112 like protein	2296,16	-	Exclusivo Tratamento
266	Eucgr.D01052.1	zinc finger	140,88	-	Exclusivo Tratamento
267	Eucgr.D01040.2	zinc finger protein zpr1 like isoform 1	182,79	-	Exclusivo Tratamento
268	Eucgr.D01013.1	pentatricopeptide repeat containing protein	102,22	-	Exclusivo Tratamento
269	Eucgr.D00987.2	monothiol glutaredoxin s15	326,48	-	Exclusivo Tratamento
270	Eucgr.D00719.1	vacuolar protein 8 like	218,95	-	Exclusivo Tratamento
271	Eucgr.D00648.1	epoxide hydrolase 2 like	131,18	-	Exclusivo Tratamento
272	Eucgr.D00513.1	cysteine	313,28	-	Exclusivo Tratamento
273	Eucgr.D00347.1	at4g18060 f15j5 30	214,95	-	Exclusivo Tratamento
274	Eucgr.D00301.1	40s ribosomal protein s14	349,97	-	Exclusivo Tratamento
275	Eucgr.D00288.1	glycolate oxidase	128,24	-	Exclusivo Tratamento
276	Eucgr.D00287.4	probable ornithine aminotransferase	280,71	-	Exclusivo Tratamento
277	Eucgr.D00111.2	histidinol chloroplastic like	281,16	-	Exclusivo Tratamento
278	Eucgr.C04390.2	3 hydroxyisobutyryl hydrolase 1 like	156,76	-	Exclusivo Tratamento
279	Eucgr.C04073.1	zinc finger	74,34	-	Exclusivo Tratamento
280	Eucgr.C03891.1	ectonucleotide pyrophosphatase	185,7	-	Exclusivo Tratamento
281	Eucgr.C03406.4	pre mrna cleavage factor 25kd	180,41	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
282	Eucgr.C03264.1	tubulin tyrosine ligase like protein 12 like	144,04	-	Exclusivo Tratamento
283	Eucgr.C03067.1	puromycin sensitive aminopeptidase like	23,46	-	Exclusivo Tratamento
284	Eucgr.C02894.1	aspartate aminotransferase 2	713,12	-	Exclusivo Tratamento
285	Eucgr.C02602.2	phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase chloroplastic	146,12	-	Exclusivo Tratamento
286	Eucgr.C02144.2	endonuclease v like	196,88	-	Exclusivo Tratamento
287	Eucgr.C01646.1	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	710,1	-	Exclusivo Tratamento
288	Eucgr.C01291.1	gtp binding nuclear protein ran 3 like	852,76	-	Exclusivo Tratamento
289	Eucgr.C01073.1	sigma factor sigb regulation protein	239,82	-	Exclusivo Tratamento
290	Eucgr.C00990.1	uncharacterized oxidoreductase ykwc like	49,75	-	Exclusivo Tratamento
291	Eucgr.C00824.2	rna polymerase associated protein ctr9 homolog	79,52	-	Exclusivo Tratamento
292	Eucgr.C00678.1	heat shock protein	814,48	-	Exclusivo Tratamento
293	Eucgr.C00393.1	glycosyl hydrolase family protein with chitinase insertion domain	449,76	-	Exclusivo Tratamento
294	Eucgr.C00370.1	temperature induced lipocalin	858	-	Exclusivo Tratamento
295	Eucgr.C00296.1	nls tir nbs lrr resistance protein	95,84	-	Exclusivo Tratamento
296	Eucgr.C00110.2	heat shock protein 70 interacting	254,11	-	Exclusivo Tratamento
297	Eucgr.C00068.1	pre mma splicing factor isy	458,42	-	Exclusivo Tratamento
298	Eucgr.B04005.1	sorting nexin	173,8	-	Exclusivo Tratamento
299	Eucgr.B03913.1	serine carboxypeptidase like 51 like	147,05	-	Exclusivo Tratamento
300	Eucgr.B03891.1	fructose bisphosphate aldolase	6212,36	-	Exclusivo Tratamento
301	Eucgr.B03672.2	putative protein Arabidopsis thaliana	37,78	-	Exclusivo Tratamento
302	Eucgr.B03461.1	hypothetical protein MTR 3g085720 Medicago truncatula	249,08	-	Exclusivo Tratamento
303	Eucgr.B03414.2	ubiquitin conjugating enzyme e2 17 kda	907,07	-	Exclusivo Tratamento
304	Eucgr.B03360.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100241586 Vitis vinifera	211,03	-	Exclusivo Tratamento
305	Eucgr.B03270.1	translation initiation	75,91	-	Exclusivo Tratamento
306	Eucgr.B03218.1	elongation factor 1	13066,88	-	Exclusivo Tratamento
307	Eucgr.B03067.5	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 like	342,99	-	Exclusivo Tratamento
308	Eucgr.B03067.2	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 like	880,22	-	Exclusivo Tratamento
309	Eucgr.B03067.1	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 like	367,11	-	Exclusivo Tratamento
310	Eucgr.B03019.2	dna repair protein rad23 3 like isoform 3	1380,05	-	Exclusivo Tratamento
311	Eucgr.B02718.1	uracil phosphoribosyltransferase	104,16	-	Exclusivo Tratamento
312	Eucgr.B02681.1	rna dependent rna polymerase	156,6	-	Exclusivo Tratamento
313	Eucgr.B02584.1	glutathione s transferase u17	730,63	-	Exclusivo Tratamento
314	Eucgr.B02583.1	serine threonine protein plant	71,1	-	Exclusivo Tratamento
315	Eucgr.B02532.1	ru large subunit binding protein subunit chloroplastic like	5158,67	-	Exclusivo Tratamento
316	Eucgr.B02479.5	isovaleryl dehydrogenase mitochondrial like	240,14	-	Exclusivo Tratamento
317	Eucgr.B02456.3	cytosolic ascorbate peroxidase	57291,46	-	Exclusivo Tratamento
318	Eucgr.B02340.1	gras family transcription factor	291,72	-	Exclusivo Tratamento
319	Eucgr.B02151.2	atp binding domain containing protein	113,25	-	Exclusivo Tratamento
320	Eucgr.B01892.2	mtnd2 vitvi ame full dihydroxy 3 keto 5 methylthiopentene dioxygenase 2 ame full	760,81	-	Exclusivo Tratamento
321	Eucgr.B01820.1	aspartic proteinase	191,9	-	Exclusivo Tratamento
322	Eucgr.B01722.1	cysteine synthase	4549,18	-	Exclusivo Tratamento
323	Eucgr.B01695.3	tetratricopeptide repeat protein 35	299,35	-	Exclusivo Tratamento
324	Eucgr.B01555.1	pre mma splicing factor slu7 a like	167,93	-	Exclusivo Tratamento
325	Eucgr.B01246.1	isoflavone reductase homolog	261,71	-	Exclusivo Tratamento
326	Eucgr.B01189.1	peptide methionine sulfoxide reductase msrb	632,34	-	Exclusivo Tratamento
327	Eucgr.B01151.1	dienelactone hydrolase family protein	253,62	-	Exclusivo Tratamento
328	Eucgr.B01116.1	protein sec13 homolog	125,47	-	Exclusivo Tratamento
329	Eucgr.B01032.1	cc nbs lrr resistance protein	76,9	-	Exclusivo Tratamento
330	Eucgr.B00725.5	unnamed protein product Vitis vinifera	73,16	-	Exclusivo Tratamento
331	Eucgr.B00605.2	rna binding	452,43	-	Exclusivo Tratamento
332	Eucgr.B00429.1	hypersensitive induced response protein	819,65	-	Exclusivo Tratamento
333	Eucgr.B00428.1	hypersensitive induced response protein	166,15	-	Exclusivo Tratamento
334	Eucgr.B00416.1	momilactone a synthase	183,6	-	Exclusivo Tratamento
335	Eucgr.B00415.1	momilactone a synthase	250,24	-	Exclusivo Tratamento
336	Eucgr.B00145.5	isoflavone reductase homolog	366,23	-	Exclusivo Tratamento
337	Eucgr.B00145.1	isoflavone reductase homolog	96,53	-	Exclusivo Tratamento
338	Eucgr.A02870.1	caffeic o methyltransferase 1	250,9	-	Exclusivo Tratamento
339	Eucgr.A02800.1	adp ribosylation factor related protein 1 like	226,63	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 11 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone susceptível (41) ao estresse hídrico

(conclusão)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
340	Eucgr.A02790.1	responsive to dessication 29b	554,9	-	Exclusivo Tratamento
341	Eucgr.A02672.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	671,33	-	Exclusivo Tratamento
342	Eucgr.A02073.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	928,28	-	Exclusivo Tratamento
343	Eucgr.A02073.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	230,4	-	Exclusivo Tratamento
344	Eucgr.A02027.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254120 Vitis vinifera	220,05	-	Exclusivo Tratamento
345	Eucgr.A02017.1	vacuolar protein sorting associated protein 16 homolog	133,73	-	Exclusivo Tratamento
346	Eucgr.A01955.1	citrate glyoxysomal	184,12	-	Exclusivo Tratamento
347	Eucgr.A01936.1	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase sd25 like	501,56	-	Exclusivo Tratamento
348	Eucgr.A01871.1	fasciclin like arabinogalactan protein 9 isoform 1	731,6	-	Exclusivo Tratamento
349	Eucgr.A01858.1	dnaj heat shock family protein	368,13	-	Exclusivo Tratamento
350	Eucgr.A01436.1	unnamed protein product Vitis vinifera	421,49	-	Exclusivo Tratamento
351	Eucgr.A01412.1	rna binding protein	135,02	-	Exclusivo Tratamento
352	Eucgr.A01018.1	serine threonine protein kinase	598,39	-	Exclusivo Tratamento
353	Eucgr.A00983.1	Irr receptor like serine threonine protein kinase rpk2 like	119,81	-	Exclusivo Tratamento
354	Eucgr.A00982.2	cathepsin b	451,62	-	Exclusivo Tratamento
355	Eucgr.A00935.1	protein	242,68	-	Exclusivo Tratamento
356	Eucgr.A00914.1	ctp phosphorylcholine cytidyltransferase	230,19	-	Exclusivo Tratamento
357	Eucgr.A00509.1	clathrin light chain 2 like	1309,56	-	Exclusivo Tratamento
358	Eucgr.A00382.1	peroxisomal enoyl hydratase isomerase family protein	493,56	-	Exclusivo Tratamento
359	Eucgr.A00139.1	universal stress protein family protein	291,56	-	Exclusivo Tratamento
360	Eucgr.A00018.2	membrane associated 30 kda chloroplast	203,95	-	Exclusivo Tratamento

ANEXO B

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continua)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
1	Eucgr.C03675.1	receptor protein kinase like protein	115,44	88,23	Controle
2	Eucgr.K03295.1	cytochrome p450 94a1	94,77	13,20	Controle
3	Eucgr.H00432.2	clathrin interactor epsin 2 like	148,62	11,94	Controle
4	Eucgr.B01600.2	60s ribosomal protein l22 like protein	3256,36	10,49	Controle
5	Eucgr.E02286.1	leucine rich repeat containing	59,82	8,00	Controle
6	Eucgr.K01241.1	cyclic nucleotide gated ion channel 15 like	196,59	7,85	Controle
7	Eucgr.F01780.2	niemann pick c1	13,59	7,85	Controle
8	Eucgr.K00288.1	rrna 2 o methyltransferase fibrillar 2 like isoform 2	710,06	6,62	Controle
9	Eucgr.J03021.1	2 oxoglutarate dependent dioxygenase	182,98	6,49	Controle
10	Eucgr.K00070.1	low quality protein alcohol dehydrogenase like 1 like	248,72	6,36	Controle
11	Eucgr.A02870.1	caffeic o methyltransferase 1	1575,48	6,11	Controle
12	Eucgr.D02023.1	elongation factor chloroplastic like	4,52	6,11	Controle
13	Eucgr.K02990.1	histone h4	10396,87	5,75	Controle
14	Eucgr.H04428.2	dehydroquinase dehydratase shikimate dehydrogenase	390,36	5,58	Controle
15	Eucgr.F02567.1	2og fe oxygenase family protein	1252,94	5,47	Controle
16	Eucgr.H01094.2	sucrose synthase	420,21	5,31	Controle
17	Eucgr.H04378.2	peptide n n acetyl beta glucosaminyl asparagine amidase	505,28	5,31	Controle
18	Eucgr.B03902.2	udp apiose xylose synthase	885,37	5,16	Controle
19	Eucgr.F04208.1	60s ribosomal protein l3 like	505,93	4,76	Controle
20	Eucgr.E00099.3	exocyst complex component 5	57,27	4,71	Controle
21	Eucgr.F01172.1	branched chain amino acid aminotransferase like protein chloroplastic like	201,22	4,66	Controle
22	Eucgr.I01097.1	pathogenesis related protein 17	572,61	4,66	Controle
23	Eucgr.C02309.2	pseudouridine 5 monophosphatase like	467,99	4,62	Controle
24	Eucgr.H03694.1	tir nbs disease resistance like protein	91,72	4,57	Controle
25	Eucgr.H02279.1	subtilisin like protease	268,71	4,53	Controle
26	Eucgr.D02508.3	40s ribosomal protein s14	1302,63	4,44	Controle
27	Eucgr.H00827.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	80,96	4,39	Controle
28	Eucgr.H04366.1	auxin induced protein pcnt115	816,72	4,31	Controle
29	Eucgr.H02340.1	v type proton atpase subunit h like	258,22	4,31	Controle
30	Eucgr.K01415.1	wd repeat containing protein 70 like	37,73	4,18	Controle
31	Eucgr.H03028.2	60s ribosomal protein	482,39	4,10	Controle
32	Eucgr.K01223.5	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein 5 like	168,15	4,01	Controle
33	Eucgr.G03219.1	e3 ubiquitin protein ligase keg	115,51	3,94	Controle
34	Eucgr.B00637.1	isoaspartyl peptidase l asparaginase 1	1473,55	3,94	Controle
35	Eucgr.F03505.1	microtubule associated protein map65 1a precursor of carboxylase p protein glycine decarboxylase complex	227,32	3,78	Controle
36	Eucgr.C00646.1	sucrose synthase	523,91	3,71	Controle
37	Eucgr.C03205.1	mitochondrial glycine decarboxylase complex t protein	971,83	3,71	Controle
38	Eucgr.L02773.1	h transporting atpase plant fungi plasma membrane	4082,45	3,63	Controle
39	Eucgr.C00140.1	kda class iv heat shock protein	637,4	3,56	Controle
40	Eucgr.F04109.1	argonaute protein group	2601,76	3,53	Controle
41	Eucgr.D00105.1	eukaryotic translation initiation factor 3	41,71	3,53	Controle
42	Eucgr.F02830.2	at1g08480 t27g7 10	1081,1	3,49	Controle
43	Eucgr.J00592.1	histone h4	5378,05	3,46	Controle
44	Eucgr.A00511.1	histone h3	9597,5	3,46	Controle
45	Eucgr.I00535.2	gtp binding nuclear protein ran 3 like	7501,27	3,46	Controle
46	Eucgr.C01113.1	sucrose synthase	9257,08	3,42	Controle
47	Eucgr.C03204.1	actin related protein 4 like	335,94	3,39	Controle
48	Eucgr.B00704.1	udp glucose 6 dehydrogenase	345,9	3,39	Controle
49	Eucgr.K02506.1	atp citrate synthase alpha chain protein 1	1215,03	3,39	Controle
50	Eucgr.B03307.3	60s ribosomal protein l22 like protein	331,32	3,39	Controle
51	Eucgr.B01600.1	dipeptidyl peptidase 8 like	4895,26	3,39	Controle
52	Eucgr.K00374.1	short chain type dehydrogenase reductase like	219,48	3,39	Controle
53	Eucgr.K01487.1	glutamate dehydrogenase 1	1666,39	3,35	Controle
54	Eucgr.A02097.3	histone h4	3583,91	3,35	Controle
55	Eucgr.E01075.1	alcohol dehydrogenase class iii	8195,71	3,35	Controle
56	Eucgr.K01401.1	tryptophan synthase beta subunit	3382,93	3,32	Controle
57	Eucgr.F03443.1	caffeic o methyltransferase 1	462,34	3,32	Controle
58	Eucgr.A01397.1	gtp binding nuclear protein ran 3 like	5014,65	3,29	Controle
59	Eucgr.C04168.1	protein disulfide	6909,98	3,29	Controle
60	Eucgr.C02238.1	at1g11860 f12f1 30	96,62	3,29	Controle
61	Eucgr.E03909.1		4931,71	3,29	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
62	Eucgr.C00617.1	6 phosphofructokinase 3 like	810,12	3,29	Controle
63	Eucgr.H01169.1	phi class glutathione s transferase protein	10437,3	3,22	Controle
64	Eucgr.K01401.3	alcohol dehydrogenase class iii	1900,29	3,22	Controle
65	Eucgr.E03148.1	isoliquiritigenin 2 o methyltransferase like	479,31	3,22	Controle
66	Eucgr.H00092.2	potassium channel	1059,66	3,19	Controle
67	Eucgr.J00625.1	60s ribosomal protein	6870,09	3,19	Controle
68	Eucgr.I01020.1	gtp binding protein alpha	209,1	3,19	Controle
69	Eucgr.J02430.2	flavanone 3 dioxygenase isoform 1	1382,3	3,19	Controle
70	Eucgr.J01715.1	leucine rich repeat receptor like protein kinase at2g19210 like	137,21	3,19	Controle
71	Eucgr.J00040.6	dt dp glucose 4 6	6190,85	3,19	Controle
72	Eucgr.B01579.1	epoxide hydrolase 1	323,3	3,16	Controle
73	Eucgr.D02270.1	dead box atp dependent rna	108,86	3,16	Controle
74	Eucgr.J02430.1	flavanone 3 hydroxylase	3210,84	3,16	Controle
75	Eucgr.E00444.1	lactate dehydrogenase	216,85	3,16	Controle
76	Eucgr.J01907.1	ubiquitin activating enzyme e1 2 like	413,85	3,13	Controle
77	Eucgr.K01960.1	protein	48,92	3,13	Controle
78	Eucgr.B03604.2	tubulin alpha 3 alpha 5 chain	21001,89	3,06	Controle
79	Eucgr.A01021.1	metk2 elaum ame full s adenosylmethionine synthase 2 short et synthase 2 ame full	41798,18	3,06	Controle
80	Eucgr.G02921.1	dt dp glucose 4 6	7866,59	3,06	Controle
81	Eucgr.A02371.1	40s ribosomal protein s2 4 like	2260,77	3,06	Controle
82	Eucgr.A02780.1	tripeptidyl peptidase 2	288,68	3,06	Controle
83	Eucgr.B02150.1	calcium ion binding	170,13	3,03	Controle
84	Eucgr.I02422.1	isoflavone reductase like protein	436,73	3,03	Controle
85	Eucgr.D00645.1	epoxide hydrolase 2 like	1393,31	3,03	Controle
86	Eucgr.H04776.1	proteasome subunit alpha	2463,47	3,00	Controle
87	Eucgr.D01169.1	dynamain related protein 1e isoform 1	172,81	2,97	Controle
88	Eucgr.F03605.4	cinnamoyl reductase	648,41	2,97	Controle
89	Eucgr.L01249.1	vitamin b12 independent methionine 5 methyltetrahydropteroyltriglutamate homocysteine	8589,85	2,97	Controle
90	RANDOM7521	e 7521	42,16	2,94	Controle
91	Eucgr.D02351.1	hqgt raise ame full hydroquinone glucosyltransferase ame full arbutin synthase	442,28	2,92	Controle
92	Eucgr.J00327.2	pyruvate kinase	1878,57	2,92	Controle
93	Eucgr.J00690.3	bifunctional aminoacyl trna synthetase	598,36	2,92	Controle
94	Eucgr.C03199.1	sucrose synthase	6973,03	2,92	Controle
95	RANDOM37208	e 37208	42,16	2,92	Controle
96	Eucgr.J00193.3	clathrin heavy chain 1 like	1208,8	2,89	Controle
97	Eucgr.D00301.2	ribosomal protein s14	5870,78	2,86	Controle
98	Eucgr.D01026.2	coatomer subunit epsilon 1	1562,32	2,86	Controle
99	Eucgr.B02285.1	tubulin beta	26272,28	2,86	Controle
100	RANDOM28056	e 28056	42,16	2,86	Controle
101	Eucgr.B01579.4	epoxide hydrolase 2 like	449,83	2,83	Controle
102	Eucgr.J00991.1	diphosphomevalonate decarboxylase like	500,25	2,83	Controle
103	Eucgr.F01775.2	catalase isozyme 1 like	33284,29	2,83	Controle
104	Eucgr.H04045.1	atp citrate synthase beta chain protein 1 like	1478,76	2,83	Controle
105	Eucgr.C03201.1	sucrose synthase	1178,21	2,80	Controle
106	Eucgr.E00174.1	Remorin putative Ricinus communis	538,93	2,80	Controle
107	Eucgr.D02089.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100266068 Vitis vinifera	36,52	2,80	Controle
108	Eucgr.J01948.1	zinc finger cchh domain containing protein 40 like	91,14	2,80	Controle
109	Eucgr.D01996.1	amine oxidase	344,63	2,80	Controle
110	Eucgr.B03031.1	serine threonine protein phosphatase 2a regulatory subunit	2751,09	2,77	Controle
111	Eucgr.B02118.3	gdp d mannose 3 epimerase	3621,37	2,77	Controle
112	Eucgr.I01691.3	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	3735,23	2,77	Controle
113	Eucgr.E00655.6	40s ribosomal protein	5485,25	2,77	Controle
114	Eucgr.I01035.1	serine carboxypeptidase like 18	1365,18	2,77	Controle
115	Eucgr.H01006.1	atp dependent clp protease subunit	783,96	2,77	Controle
116	Eucgr.F02830.1	eukaryotic translation initiation factor 3	944,53	2,75	Controle
117	Eucgr.G02848.2	phenylalanine ammonia lyase	686,28	2,75	Controle
118	Eucgr.J01079.1	phenylalanine ammonia lyase	825,2	2,75	Controle
119	Eucgr.D00251.1	neuroblastoma amplified sequence	110,11	2,72	Controle
120	Eucgr.B02118.1	dt dp glucose 4 6	9082,72	2,72	Controle
121	Eucgr.A01954.1	atp synthase subunit	714,21	2,72	Controle
122	Eucgr.J00683.1	dihydropyrimidinase putative Ricinus communis	1313,28	2,72	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
123	Eucgr.C00561.1	receptor like protein kinase hsl1 like	26,67	2,69	Controle
124	Eucgr.K02185.2	staphylococcal nuclease domain containing protein 1	1252,37	2,69	Controle
125	Eucgr.G00633.1	kinetochore protein ndc80 homolog	123,97	2,69	Controle
126	Eucgr.C00769.1	sucrose synthase	4717,33	2,66	Controle
127	Eucgr.G03242.1	uridine 5 monophosphate synthase like	575,85	2,66	Controle
128	Eucgr.G02039.3	atp citrate lyase a 3	1120,3	2,64	Controle
129	Eucgr.K00264.1	tubulin beta 8 chain	38925,86	2,64	Controle
130	Eucgr.F01010.1	sucrose synthase	635,35	2,64	Controle
131	Eucgr.B03298.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	141,39	2,64	Controle
132	Eucgr.J01149.1	histone h4	7932,2	2,64	Controle
133	Eucgr.A00394.4	methylenetetrahydrofolate reductase	1000,05	2,64	Controle
134	Eucgr.G03138.3	chalcone isomerase	6880,31	2,64	Controle
135	Eucgr.H04427.2	bifunctional 3 dehydroquinate dehydratase shikimate chloroplastic like	1420,55	2,64	Controle
136	Eucgr.I02466.1	flavoprotein wrba	859,77	2,61	Controle
137	Eucgr.J00953.5	PREDICTED uncharacterized protein LOC100252594 Vitis vinifera	178,3	2,61	Controle
138	Eucgr.J02488.1	aconitate hydratase 1	2311,27	2,61	Controle
139	Eucgr.H02643.1	udp glycosyltransferase 75d1 like	368,32	2,59	Controle
140	Eucgr.J00909.1	cyclic nucleotide gated ion channel 15 like	148,69	2,59	Controle
141	Eucgr.A02370.1	40s ribosomal protein s2	2361,21	2,59	Controle
142	Eucgr.E04228.3	nucleotide binding	30,18	2,56	Controle
143	Eucgr.K02074.2	pyruvate cytosolic isozyme like	2109,71	2,56	Controle
144	Eucgr.J00263.7	dehydroquinate dehydratase shikimate dehydrogenase	458,49	2,56	Controle
145	Eucgr.C01003.1	malic enzyme	11063,41	2,56	Controle
146	Eucgr.G01491.1	a g specific adenine glycosylase	317,27	2,56	Controle
147	Eucgr.J01372.1	udp glucose dehydrogenase	2067,11	2,56	Controle
148	Eucgr.B02591.2	zinc finger ccch domain containing protein 14 like	606,22	2,56	Controle
149	Eucgr.F01001.1	histone h2a 10	1340,69	2,56	Controle
150	Eucgr.H04367.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	424,48	2,56	Controle
151	Eucgr.G03366.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100258445 Vitis vinifera	643,03	2,56	Controle
152	Eucgr.K01653.1	probable glutathione s transferase	620,48	2,53	Controle
153	Eucgr.K01511.1	methionine synthase	48,28	2,53	Controle
154	Eucgr.B02118.2	dtbp glucose 4 6	9173,91	2,53	Controle
155	Eucgr.I02400.2	thioredoxin domain containing protein 9	257,47	2,53	Controle
156	Eucgr.A00084.1	40s ribosomal protein s15a 1 like	2252,61	2,53	Controle
157	Eucgr.C01248.1	uncharacterized isomerase bh0283 like	87,17	2,53	Controle
158	Eucgr.K02871.2	dna binding	52,36	2,51	Controle
159	Eucgr.B02769.1	carboxyl subunit of het accase	327,53	2,51	Controle
160	Eucgr.F00366.2	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptone aldolase 3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	1316,28	2,51	Controle
161	Eucgr.G02917.1	40s ribosomal protein s15a 1 like	1509,81	2,51	Controle
162	Eucgr.C04084.1	small nuclear	524,42	2,51	Controle
163	Eucgr.B02460.3	atp binding	270,04	2,51	Controle
164	Eucgr.F02499.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	83,42	2,51	Controle
165	Eucgr.F04015.1	coatomer subunit beta 1 like	506	2,48	Controle
166	Eucgr.F01776.1	catalase isozyme 1 like	23844,3	2,48	Controle
167	Eucgr.A01021.2	metk2 elaum ame full s adenosylmethionine synthase 2 short et synthase 2 ame full	47792,57	2,48	Controle
168	Eucgr.G03075.1	clathrin heavy chain 1 like	1124,8	2,48	Controle
169	Eucgr.K03205.1	60s ribosomal protein l1	1198,77	2,48	Controle
170	Eucgr.G01192.1	serine carboxypeptidase like 18	1588,99	2,48	Controle
171	Eucgr.C03728.3	hexokinase 1	828,09	2,48	Controle
172	Eucgr.D02465.2	5 enolpyruvylshikimate 3 phosphate synthase	190,5	2,46	Controle
173	Eucgr.D01612.1	tubulin beta chain	34488,96	2,46	Controle
174	Eucgr.D01847.1	beta chain	7600,35	2,46	Controle
175	Eucgr.G01473.1	gibberellin receptor	301,27	2,46	Controle
176	Eucgr.I02620.1	rab gdp dissociation inhibitor	412,55	2,46	Controle
177	Eucgr.C02207.1	kh domain containing protein at4g18375 like	247,54	2,46	Controle
178	Eucgr.F02744.1	alcohol partial	6451,19	2,46	Controle
179	Eucgr.K01515.1	vitamin b12 independent methionine 5 methyltetrahydropteroyltriglutamate homocysteine	3411,56	2,46	Controle
180	Eucgr.C04061.1	autoinhibited h atpase	157,12	2,46	Controle
181	Eucgr.I01746.1	NA	26,31	2,46	Controle
182	Eucgr.I01510.2	isocitrate dehydrogenase	2694,73	2,46	Controle
183	Eucgr.G01558.1	aspartyl protease family protein	286,79	2,46	Controle
184	Eucgr.G02071.1	65 kda microtubule associated protein 6 like	476,82	2,46	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
185	Eucgr.B04005.1	sorting nexin	207,59	2,44	Controle
186	Eucgr.J01359.2	kh domain containing protein at4g18375 like	671,45	2,44	Controle
187	Eucgr.E01713.2	nad dependent malic enzyme 62 kda mitochondrial like	637,54	2,44	Controle
188	Eucgr.G01417.1	caffeoyl o methyltransferase 2	6310,28	2,44	Controle
189	Eucgr.A02306.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit e like	417,06	2,44	Controle
190	Eucgr.B02637.1	galacturonic acid reductase	905,54	2,44	Controle
191	Eucgr.L02803.1	phospho 2 dehydro 3 deoxyheptanate aldolase chloroplast	546,02	2,41	Controle
192	Eucgr.H02644.1	udp glycosyltransferase 75d1 like	279,08	2,41	Controle
193	Eucgr.A01929.2	60s ribosomal protein l11	1762,6	2,41	Controle
194	Eucgr.K02544.2	alpha glucan protein synthase	9325,88	2,41	Controle
195	Eucgr.L00756.1	60s ribosomal protein l7 4 like	477,16	2,41	Controle
196	Eucgr.D02110.1	autoinhibited h atpase	143,18	2,41	Controle
197	Eucgr.K01429.1	pre mna processing factor 39 like	61,19	2,41	Controle
198	Eucgr.F04425.1	valyl trna synthetase	95,54	2,41	Controle
199	Eucgr.G02157.1	pgmc pea ame full cytoplasmic short pgm ame full glucose phosphomutase	2692,11	2,39	Controle
200	Eucgr.B00499.1	glutathione s	866,87	2,39	Controle
201	Eucgr.H03939.3	60s ribosomal protein l22 like protein	6355,99	2,39	Controle
202	Eucgr.G03088.2	ferritin chloroplastic	4371,72	2,39	Controle
203	Eucgr.G03088.1	ferritin chloroplastic	4371,72	2,39	Controle
204	Eucgr.E03339.1	caffeic acid 3 o methyltransferase like isoform 2	1064,88	2,39	Controle
205	Eucgr.D02251.1	nad dependent malic enzyme 59 kda mitochondrial	425,09	2,36	Controle
206	Eucgr.E01416.1	proteasome subunit beta type	3165,56	2,36	Controle
207	Eucgr.B02376.1	heat shock protein putative Ricinus communis	2943,33	2,36	Controle
208	Eucgr.B02211.1	dead box atp dependent rna helicase	757,22	2,36	Controle
209	Eucgr.G00649.1	beta xylosidase alpha l arabinofuranosidase 2 like	352,5	2,36	Controle
210	Eucgr.A01423.1	uncharacterized oxidoreductase chloroplastic like	266,79	2,36	Controle
211	Eucgr.C03206.1	aconitate hydratase 1 like	1148,3	2,36	Controle
212	Eucgr.C04014.1	sarcosine oxidase	583,56	2,36	Controle
213	Eucgr.K01422.1	nadh dehydrogenase	1528,24	2,36	Controle
214	Eucgr.J00612.1	vitamin b12 independent methionine 5 methyltetrahydropteroyltriglutamate homocysteine mediator of rna polymerase ii transcription subunit 22 like	21324,08	2,36	Controle
215	Eucgr.C03287.1	pentatricopeptide repeat containing protein	262,69	2,36	Controle
216	Eucgr.F02741.1	alanine glyoxylate aminotransferase 2 homolog	47,05	2,34	Controle
217	Eucgr.H04825.1	mitochondrial	1629,97	2,34	Controle
218	Eucgr.H00462.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit h	274,39	2,34	Controle
219	Eucgr.L01765.1	nadp dependent malic enzyme	547,73	2,34	Controle
220	Eucgr.A02267.1	mitochondrial l galactono lactone dehydrogenase	629,33	2,32	Controle
221	Eucgr.E00451.3	adenine phosphoribosyltransferase chloroplastic like	1133,19	2,32	Controle
222	Eucgr.H04659.1	nadh ubiquinone oxidoreductase	1485,65	2,32	Controle
223	Eucgr.I01163.1	probable carboxylesterase 2	1037,48	2,32	Controle
224	Eucgr.F02830.3	eukaryotic translation initiation factor 3	1479,5	2,32	Controle
225	Eucgr.I01037.1	serine carboxypeptidase like 18 like	975,88	2,32	Controle
226	Eucgr.F03011.3	coatomer subunit beta 2 like	891,62	2,32	Controle
227	Eucgr.C01383.1	zinc finger bed domain containing protein 1 like	249,17	2,32	Controle
228	Eucgr.H04655.1	proteasome subunit beta type 5 b	2455,07	2,32	Controle
229	Eucgr.F01823.2	pyrophosphate dependent phosphofructokinase alpha subunit	1290,01	2,32	Controle
230	Eucgr.F00626.4	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262283 Vitis vinifera	329,87	2,32	Controle
231	Eucgr.H01506.2	leucyl trna cytoplasmic like	174,06	2,32	Controle
232	Eucgr.L00782.3	thiosulfate sulfurtransferase	10603,58	2,32	Controle
233	Eucgr.K00563.1	bifunctional aminoacyl trna synthetase	242,76	2,32	Controle
234	Eucgr.F02497.3	40s ribosomal protein	3413,82	2,32	Controle
235	Eucgr.K01080.2	acyl coenzyme a oxidase peroxisomal	123,7	2,32	Controle
236	Eucgr.F01663.1	tubulin beta	16595,7	2,29	Controle
237	Eucgr.J01372.2	udp glucose dehydrogenase	2067,11	2,29	Controle
238	Eucgr.F04070.5	d 3 phosphoglycerate dehydrogenase	941,27	2,29	Controle
239	Eucgr.H04045.2	atp citrate synthase beta chain protein 1 like	1312,76	2,29	Controle
240	Eucgr.A02651.1	quinone oxidoreductase pig3	418,94	2,27	Controle
241	Eucgr.H04952.1	protein	3316,22	2,27	Controle
242	Eucgr.C00560.1	receptor like protein kinase hsl1 like	43,76	2,27	Controle
243	Eucgr.A00406.1	gdp dissociation inhibitor	2861,76	2,27	Controle
244	Eucgr.E00610.1	serine hydroxymethyltransferase 6	7439,85	2,27	Controle
245	Eucgr.F02151.3	argininosuccinate lyase like	639,32	2,27	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
246	Eucgr.H04001.1	allergen pru p	24323,59	2,27	Controle
247	Eucgr.C02894.1	aspartate aminotransferase 2	974,34	2,25	Controle
248	Eucgr.C01289.1	gtp binding nuclear protein ran 3 like	6087	2,25	Controle
249	Eucgr.D00535.1	pyruvate decarboxylase	1234,02	2,25	Controle
250	Eucgr.B02460.2	atp binding	288,47	2,25	Controle
251	Eucgr.B03357.1	threonyl trna mitochondrial like	166,16	2,25	Controle
252	Eucgr.J02467.1	3 dehydroquinase synthase	156,87	2,25	Controle
253	Eucgr.B00589.1	atp synthase gamma	2238,58	2,25	Controle
254	Eucgr.C00879.2	valacyclovir hydrolase putative Ricinus communis	541,72	2,25	Controle
255	Eucgr.B00427.4	hypersensitive induced response protein	1547,27	2,25	Controle
256	Eucgr.A00546.1	pyruvate decarboxylase isozyme 2 like	88,88	2,25	Controle
257	Eucgr.K01508.1	methionine synthase	21393,38	2,23	Controle
258	Eucgr.I01668.3	cytochrome c1 heme mitochondrial like	950,81	2,23	Controle
259	Eucgr.F01777.1	catalase isozyme 1 isoform 1	8959,39	2,23	Controle
260	Eucgr.K02858.2	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	4705,62	2,23	Controle
261	Eucgr.C02092.1	plasma membrane atpase 4 isoform 1	608,88	2,23	Controle
262	Eucgr.J01562.1	40s ribosomal protein	3079,16	2,23	Controle
263	Eucgr.K01105.2	ketol acid chloroplast	551,9	2,23	Controle
264	Eucgr.J00413.1	udp d apiose udp d xylose synthase 2	628,94	2,23	Controle
265	Eucgr.C03560.1	protein	14478,81	2,20	Controle
266	Eucgr.I01333.1	nad linked oxidoreductase domain containing protein	1519,26	2,20	Controle
267	Eucgr.G02570.1	cytosolic glutamine synthetase	497,49	2,20	Controle
268	Eucgr.F00129.1	progesterone 5 beta reductase	1043,55	2,20	Controle
269	Eucgr.I01038.1	serine carboxypeptidase like 18 like	571,45	2,20	Controle
270	Eucgr.F03099.1	snf7 family protein	369,79	2,20	Controle
271	Eucgr.K02858.1	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	4705,62	2,20	Controle
272	Eucgr.A01135.2	isocitrate dehydrogenase	2756,88	2,20	Controle
273	Eucgr.F03816.1	chalcone isomerase	8018,2	2,20	Controle
274	Eucgr.K01401.2	alcohol dehydrogenase class iii	3025,06	2,20	Controle
275	Eucgr.J01844.1	trans cinnamate 4 monooxygenase	184,1	2,18	Controle
276	Eucgr.E04296.1	coatomer subunit delta 2 like	528,51	2,18	Controle
277	Eucgr.G02782.1	nitrilase like protein	427,01	2,18	Controle
278	Eucgr.I01691.4	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	2418,13	2,18	Controle
279	Eucgr.G01711.1	coatomer alpha	141,83	2,18	Controle
280	Eucgr.F03611.2	pyrophosphate dependent phosphofructokinase alpha subunit	625,85	2,18	Controle
281	Eucgr.I02231.1	phosphoserine aminotransferase	2715,02	2,18	Controle
282	Eucgr.L02999.1	40s ribosomal protein s3	14103,88	2,18	Controle
283	Eucgr.F00370.2	14 3 3 protein	17312,07	2,18	Controle
284	Eucgr.B00856.1	guanine nucleotide binding protein subunit beta like protein	5283,1	2,18	Controle
285	Eucgr.K03541.1	gtp binding protein sar1a	4075,67	2,18	Controle
286	Eucgr.B01148.1	NA	169,25	2,18	Controle
287	Eucgr.K03456.1	glutathione s transferase f13	6257,95	2,16	Controle
288	Eucgr.I02232.1	isocitrate dehydrogenase	1678,2	2,16	Controle
289	Eucgr.J03179.1	vacuolar h atpase catalytic subunit	2484,42	2,16	Controle
290	Eucgr.G00082.1	PREDICTED dynamin 2B Vitis vinifera	177,65	2,16	Controle
291	Eucgr.F04189.1	pointed first leaf	935,22	2,16	Controle
292	Eucgr.B02881.1	alg 2 interacting protein x like	141,7	2,16	Controle
293	Eucgr.F04474.1	succinate semialdehyde mitochondrial like	682,55	2,16	Controle
294	Eucgr.A02126.4	vitamin b12 independent methionine 5 methyltetrahydropteroyltriglutamate homocysteine	17833,98	2,16	Controle
295	Eucgr.H04364.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	917,66	2,16	Controle
296	Eucgr.A02267.2	mitochondrial l galactono lactone dehydrogenase	629,33	2,14	Controle
297	Eucgr.J00343.1	mitochondrial import receptor subunit	878,43	2,14	Controle
298	Eucgr.D00657.1	polyphenol chloroplast	426,23	2,14	Controle
299	Eucgr.I02334.2	proteasome subunit alpha type 7	5190,62	2,14	Controle
300	Eucgr.F01712.2	multicopper oxidase	231,79	2,14	Controle
301	Eucgr.I00424.1	hypothetical protein MTR 3g087510 Medicago truncatula	4993,27	2,14	Controle
302	Eucgr.E03983.1	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1 phosphotransferase subunit beta like	2281,34	2,14	Controle
303	Eucgr.A01129.1	aconitase protein	4721,67	2,14	Controle
304	Eucgr.J02987.2	heat shock 70 kda	2730,99	2,14	Controle
305	Eucgr.J02987.1	heat shock 70 kda	2730,99	2,14	Controle
306	Eucgr.E00486.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100801730 Glycine max	381,41	2,14	Controle
307	Eucgr.I00555.2	phosphofructokinase family protein	182,62	2,14	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
308	Eucgr.F03856.1	usp cucme ame full udp sugar pyrophosphorylase	2392,3	2,12	Controle
309	Eucgr.B03320.1	ame full udp galactose glucose pyrop	6298,75	2,12	Controle
310	Eucgr.G02157.3	carbonic chloroplastic like isoform 1	1684,13	2,12	Controle
311	Eucgr.G03085.1	PREDICTED phosphoglucomutase cytoplasmic like	825,89	2,12	Controle
312	Eucgr.H03281.2	Glycine max	2014,46	2,12	Controle
313	Eucgr.K02962.2	eukaryotic translation initiation	1029,7	2,12	Controle
314	Eucgr.F04339.2	importin subunit alpha 1 like	405,98	2,12	Controle
315	Eucgr.H00058.1	40s ribosomal protein s4 like	141,57	2,12	Controle
316	Eucgr.H01253.1	proteasome subunit beta type	1999,84	2,12	Controle
317	Eucgr.J02207.1	proteasome subunit beta type	4733,91	2,12	Controle
318	Eucgr.J00327.1	formate dehydrogenase	3676,64	2,12	Controle
319	Eucgr.J00015.2	pyruvate kinase	32124,71	2,12	Controle
320	Eucgr.J00347.1	actin	1736,34	2,12	Controle
321	Eucgr.H01151.1	succinate dehydrogenase	1766,37	2,12	Controle
322	Eucgr.J00613.1	universal stress protein	15358,64	2,12	Controle
323	Eucgr.C00902.1	vitamin b12 independent methionine 5	875,03	2,10	Controle
324	Eucgr.E01713.1	methylnetetrahydropteroylglutamate homocysteine	628,94	2,10	Controle
325	Eucgr.G00784.1	cytidine deaminase	50,23	2,10	Controle
326	Eucgr.G02110.1	nad dependent malic enzyme 62 kda mitochondrial	448,93	2,10	Controle
327	Eucgr.F03800.3	cc nbs lrr resistance protein	697,74	2,10	Controle
328	Eucgr.F02744.2	calcium ion binding	5261,52	2,10	Controle
329	Eucgr.D00614.1	aldehyde dehydrogenase family 3 member h1 like	155,28	2,08	Controle
330	Eucgr.G01375.1	isoform 1	601,91	2,08	Controle
331	Eucgr.C02986.2	alcohol partial	1075,28	2,08	Controle
332	Eucgr.I01332.1	eukaryotic translation initiation factor 3	517,31	2,08	Controle
333	Eucgr.F02901.2	2 oxoglutarate e1 component	5899,92	2,08	Controle
334	Eucgr.K01841.1	6 phosphofructokinase 3 like	35066,97	2,08	Controle
335	Eucgr.J02208.1	nad linked oxidoreductase domain containing	4413,95	2,08	Controle
336	Eucgr.I01561.2	protein	236,04	2,08	Controle
337	Eucgr.F03885.1	nadp specific isocitrate	219,68	2,08	Controle
338	Eucgr.E03927.1	actin	1920,57	2,08	Controle
339	Eucgr.F04114.1	formate dehydrogenase	6276,69	2,08	Controle
340	Eucgr.B03758.3	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1 3	482,25	2,08	Controle
341	Eucgr.J01745.1	hypothetical protein VITISV 014020 Vitis vinifera	345,22	2,05	Controle
342	Eucgr.H04500.2	rho gdp dissociation inhibitor 1 like	665,39	2,05	Controle
343	Eucgr.D00194.2	Patellin 3 putative Ricinus communis	3756,09	2,05	Controle
344	Eucgr.K02261.1	translation initiation factor eif 2b subunit gamma like	1579,12	2,05	Controle
345	Eucgr.H02852.1	PREDICTED uncharacterized protein	451,88	2,05	Controle
346	Eucgr.H00132.1	LOC100250144 Vitis vinifera	6624,44	2,05	Controle
347	Eucgr.F04150.3	probable linoleate 9s lipoxigenase 5	257,02	2,05	Controle
348	Eucgr.I02611.1	proteasome subunit beta type	243,62	2,05	Controle
349	Eucgr.J00280.2	guanine nucleotide binding protein subunit beta like	77,08	2,05	Controle
350	Eucgr.C04160.1	protein	2570,31	2,05	Controle
351	Eucgr.A01487.2	glutathione cytosolic	469,54	2,05	Controle
352	Eucgr.D01833.1	monodehydroascorbate reductase	1942,58	2,05	Controle
353	Eucgr.K00245.1	protein with unknown function Ricinus communis	332,24	2,03	Controle
354	Eucgr.A01915.2	dynamin related protein 3a like	1079,05	2,03	Controle
355	Eucgr.L02920.1	exocyst complex component 7 like	680,1	2,03	Controle
356	Eucgr.G01113.1	regulatory particle triple a atpase 6a	860,1	2,03	Controle
357	Eucgr.J02453.1	low quality protein serine carboxypeptidase like 18	1284,09	2,03	Controle
358	Eucgr.H00539.1	like	68,05	2,03	Controle
359	Eucgr.I01134.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4	4836,31	2,03	Controle
360	Eucgr.H03967.1	like	62,96	2,03	Controle
361	Eucgr.E01244.1	atp binding	132,38	2,03	Controle
362	Eucgr.F01823.3	caffeoyl o methyltransferase	2077,18	2,03	Controle
363	Eucgr.C03207.1	phospholipase d p1 like	180,11	2,03	Controle
364	Eucgr.B00086.1	udp glycosyltransferase 73c3 like	1319,43	2,03	Controle
365	Eucgr.B02080.3	pyrophosphate dependent phosphofructokinase	1796,8	2,01	Controle
366	Eucgr.I02307.2	alpha subunit	5470,46	2,01	Controle
		sucrose synthase			
		taxadien 5 alpha ol o			
		importin subunit alpha 1			
		aconitate hydratase 1 like			

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
367	Eucgr.H04500.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	836,9	2,01	Controle
368	Eucgr.D00011.1	haloacid dehalogenase like hydrolase domain containing protein	225,78	2,01	Controle
369	Eucgr.C03068.1	interferon induced guanylate binding	47,92	2,01	Controle
370	Eucgr.I02702.1	actin Persea americana	5234,91	2,01	Controle
371	Eucgr.B03389.1	leucine rich repeat containing	77,19	2,01	Controle
372	Eucgr.F01600.1	26s protease regulatory subunit	3165,62	1,99	Controle
373	Eucgr.I01041.2	serine carboxypeptidase like 18	938,47	1,99	Controle
374	Eucgr.H01013.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	471,37	1,99	Controle
375	Eucgr.F01561.3	glucose 6 phosphate isomerase	1092,19	1,99	Controle
376	Eucgr.D01044.3	glutathione transferase putative Ricinus communis	1031,82	1,99	Controle
377	Eucgr.L02592.1	major latex	6511,66	1,99	Controle
378	Eucgr.G03412.1	citrate synthase	3158,47	1,99	Controle
379	Eucgr.B02226.1	ubiquitin activating enzyme e1 2 like	478,96	1,99	Controle
380	Eucgr.B01579.3	epoxide hydrolase 1	333,9	1,99	Controle
381	Eucgr.K03505.1	sucrose synthase	389,92	1,99	Controle
382	Eucgr.I00719.1	protein transport protein	845	1,97	Controle
383	Eucgr.K01341.1	uncharacterized aminotransferase y4ub like	3255,8	1,97	Controle
384	Eucgr.J03045.1	lys 63 specific deubiquitinase brcc36	235,12	1,97	Controle
385	Eucgr.E01127.1	rhodanese like domain containing protein	618,68	1,97	Controle
386	Eucgr.G03132.1	manganese superoxide dismutase	1530,22	1,97	Controle
387	Eucgr.H03271.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit a	145,52	1,97	Controle
388	Eucgr.F01428.1	probable glutathione s transferase	760,22	1,97	Controle
389	Eucgr.A01869.2	prohibitin 1 like protein	1061,88	1,97	Controle
390	Eucgr.J02223.2	isocitrate dehydrogenase like protein	3013,42	1,97	Controle
391	Eucgr.A01976.2	ribose phosphate pyrophosphokinase 4 like	225,11	1,97	Controle
392	Eucgr.C01514.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 12 like	1927,66	1,95	Controle
393	Eucgr.A01871.1	fasciclin like arabinogalactan protein 9 isoform 1	1249,7	1,95	Controle
394	Eucgr.A01915.1	phosphoenolpyruvate carboxylase	1079,05	1,95	Controle
395	Eucgr.K00411.2	vacuolar protein sorting associated protein 26 like	308,27	1,95	Controle
396	Eucgr.G03388.1	carrier mitochondrial like	894,24	1,95	Controle
397	Eucgr.A01021.5	s adenosyl l methionine synthetase	31435,2	1,95	Controle
398	Eucgr.A02910.1	quinone oxidoreductase 1 like	2143	1,95	Controle
399	Eucgr.A02641.2	40s ribosomal protein s14	3117,88	1,95	Controle
400	Eucgr.E00118.1	oas t13 cysteine synthase	3093,27	1,95	Controle
401	Eucgr.J01181.1	beta galactosidase isoform 1	77,68	1,95	Controle
402	Eucgr.I00651.1	cysteine desulfurase mitochondrial like	401,85	1,95	Controle
403	Eucgr.F03856.2	usp cucme ame full udp sugar pyrophosphorylase ame full udp galactose glucose pyrop	1699,26	1,93	Controle
404	Eucgr.F01883.4	protein	2737,82	1,93	Controle
405	Eucgr.I02018.1	voltage dependent anion selective	5107,6	1,93	Controle
406	Eucgr.F03231.2	rhamnose synthase	534,71	1,93	Controle
407	Eucgr.G01975.2	glycyl trna synthetase mitochondrial like	923,84	1,93	Controle
408	Eucgr.B01603.1	glyoxysomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein mfp a	45,23	1,93	Controle
409	Eucgr.H02852.3	glutathione reductase	1162,6	1,93	Controle
410	Eucgr.G00082.2	PREDICTED dynamin 2B Vitis vinifera	177,65	1,93	Controle
411	Eucgr.K00070.2	alcohol dehydrogenase like 1 like	334,55	1,93	Controle
412	Eucgr.A02910.2	quinone oxidoreductase 1 like	649,64	1,93	Controle
413	Eucgr.B03691.1	sulfite reductase	403,58	1,93	Controle
414	Eucgr.J01951.2	proliferating cell nuclear antigen	1047,82	1,93	Controle
415	Eucgr.E00406.1	peroxisomal acyl oxidase 1a	227,06	1,93	Controle
416	Eucgr.F03040.3	homeobox leucine zipper protein glabra 2 like	55,67	1,93	Controle
417	Eucgr.K02027.1	aspartyl trna cytoplasmic like	1816,83	1,92	Controle
418	Eucgr.C03560.2	protein	11732,04	1,92	Controle
419	Eucgr.A00549.2	pyruvate decarboxylase isozyme 2 like	926,05	1,92	Controle
420	Eucgr.B02864.2	probable fructose bisphosphate aldolase chloroplastic	9119,71	1,92	Controle
421	Eucgr.I01206.1	2 oxoglutarate dependent dioxygenase	1073,37	1,92	Controle
422	Eucgr.H00078.2	probable mitochondrial processing peptidase subunit beta like	2743,05	1,92	Controle
423	Eucgr.A01135.1	isocitrate dehydrogenase	3028,47	1,92	Controle
424	Eucgr.J01127.1	leukotriene a 4	1364,31	1,92	Controle
425	Eucgr.C01156.1	dead box atp dependent rna helicase 37 like	333,25	1,92	Controle
426	Eucgr.J00371.1	serine carboxypeptidase like 48 like	629,88	1,92	Controle
427	Eucgr.H02940.2	u box domain containing protein 72	480,43	1,92	Controle
428	Eucgr.B01318.1	protein arginine n	271,97	1,90	Controle
429	Eucgr.J02288.1	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	25010,92	1,90	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
430	Eucgr.I01305.1	cysteine proteinase rd19a	458,1	1,90	Controle
431	Eucgr.I01691.1	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	1312,15	1,90	Controle
432	Eucgr.C01003.3	malic enzyme	9289,94	1,90	Controle
433	Eucgr.F04339.1	proteasome subunit beta type	1357,92	1,90	Controle
434	Eucgr.J02737.1	atpase subunit 1	343,79	1,90	Controle
435	Eucgr.L01547.1	serine carboxypeptidase ii 2	871,18	1,90	Controle
436	Eucgr.K00588.2	metk1 catro ame full s adenosylmethionine synthase 1 short et synthase 1 ame full	39565,45	1,90	Controle
437	Eucgr.B01064.1	nematode resistance like protein	66,65	1,90	Controle
438	Eucgr.C00185.1	calmodulin binding protein	583,82	1,90	Controle
439	Eucgr.A00249.1	2 isopropylmalate synthase	840,75	1,90	Controle
440	Eucgr.A00547.1	pyruvate decarboxylase 1	540,76	1,90	Controle
441	Eucgr.B03004.1	glutaminyl trna synthetase	171,5	1,90	Controle
442	Eucgr.J00069.1	flavonol 4	1379,93	1,88	Controle
443	Eucgr.A02095.1	t complex protein 1 subunit theta like	2515,28	1,88	Controle
444	Eucgr.B03603.1	mitochondrial 2 oxoglutarate malate carrier	690,28	1,88	Controle
445	Eucgr.F02656.2	uncharacterized oxidoreductase at4g09670 like	1216,5	1,88	Controle
446	Eucgr.C01003.2	malic enzyme	3815,35	1,88	Controle
447	Eucgr.I02515.2	proline iminopeptidase	1578,35	1,88	Controle
448	Eucgr.G03387.1	adenine nucleotide translocator	1109,32	1,88	Controle
449	Eucgr.H00078.1	probable mitochondrial processing peptidase subunit beta like	3729,1	1,88	Controle
450	Eucgr.J02249.4	eukaryotic translation initiation factor 3	352,86	1,88	Controle
451	Eucgr.E00118.3	oas tl3 cysteine synthase	2391,04	1,88	Controle
452	Eucgr.B00659.1	agmatine deiminase	330,35	1,88	Controle
453	Eucgr.F02017.1	fructose bisphosphate aldolase	7088,19	1,88	Controle
454	Eucgr.A00522.1	predicted protein Populus trichocarpa	197,18	1,88	Controle
455	Eucgr.D01526.1	upf0565 protein c2orf69 homolog	391,19	1,88	Controle
456	Eucgr.D01707.2	importin subunit beta 1 like	703,63	1,86	Controle
457	Eucgr.C01585.3	aatc dauca ame full aspartate cytoplasmic ame full transaminase a	1736,99	1,86	Controle
458	Eucgr.I01709.1	predicted protein Populus trichocarpa	710,24	1,86	Controle
459	Eucgr.E03676.1	40s ribosomal protein	7528,81	1,86	Controle
460	Eucgr.C01792.2	ubiquinol cytochrome c reductase complex 14 kda protein	7240,5	1,86	Controle
461	Eucgr.H02678.2	sahh medsa ame full adenosylhomocysteinase short cyase ame full s adenosyl l homoc	16786,51	1,86	Controle
462	Eucgr.F03383.1	minor allergen alt	5754,42	1,86	Controle
463	Eucgr.K02710.1	Protein yrdA putative Ricinus communis	339,02	1,86	Controle
464	Eucgr.F02497.1	40s ribosomal protein	3036,23	1,86	Controle
465	Eucgr.G01640.1	diaminopimelate decarboxylase chloroplastic isoform 1	325,58	1,86	Controle
466	Eucgr.A02676.1	pyruvate kinase isozyme chloroplastic like	97,91	1,86	Controle
467	Eucgr.G00653.1	beta xylosidase alpha l arabinofuranosidase 2 like	161,02	1,86	Controle
468	Eucgr.D01734.3	long chain acyl synthetase 4	307,45	1,84	Controle
469	Eucgr.B02917.1	major latex	1856,43	1,84	Controle
470	Eucgr.C01749.2	dead box atp dependent rna helicase 56 like	1379,42	1,84	Controle
471	Eucgr.B02610.3	10 formyltetrahydrofolate synthetase	921,76	1,84	Controle
472	Eucgr.D00127.1	gtp dependent nucleic acid binding protein	3003,19	1,84	Controle
473	Eucgr.J02962.2	ras related protein rab7	774,99	1,84	Controle
474	Eucgr.F02946.1	histidyl trna synthetase like	95,37	1,84	Controle
475	Eucgr.C01003.4	nadp dependent malic enzyme like	3456,65	1,84	Controle
476	Eucgr.B00242.1	cell division cycle protein 48 homolog	5378,78	1,84	Controle
477	Eucgr.E00655.7	40s ribosomal protein s10 1 like	12223,02	1,84	Controle
478	Eucgr.D00001.2	salt stress root protein rs1 isoform 3	2470,28	1,84	Controle
479	Eucgr.C04059.1	heat shock protein	13569,68	1,84	Controle
480	Eucgr.G01942.3	mitochondrial phosphate carrier protein	183,22	1,84	Controle
481	Eucgr.K02417.2	dead box atp dependent rna	1101,43	1,84	Controle
482	Eucgr.I02663.1	mitochondrial alternative oxidase 2a	450,53	1,84	Controle
483	Eucgr.H02116.1	candidate disease resistance protein	203,09	1,84	Controle
484	Eucgr.B04032.2	regulatory particle triple a atpase 3	5097,85	1,82	Controle
485	Eucgr.G02235.2	atp binding	547,46	1,82	Controle
486	Eucgr.F01883.3	protein	2483,54	1,82	Controle
487	Eucgr.B03195.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 11	2042,86	1,82	Controle
488	Eucgr.J00292.2	dnaj protein homolog	1096,2	1,82	Controle
489	Eucgr.B03771.1	proteasome subunit alpha type 3	9264,28	1,82	Controle
490	Eucgr.J02453.3	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4 like	1555,05	1,82	Controle
491	Eucgr.K01258.1	transitional endoplasmic reticulum	9822,43	1,82	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
492	Eucgr.H02679.1	serine hydroxymethyltransferase 1	12881,91	1,82	Controle
493	Eucgr.I02782.1	elongation factor 1 gamma like	2564,84	1,82	Controle
494	Eucgr.E00653.1	heat shock protein 83 like	7490,67	1,82	Controle
495	Eucgr.F02483.1	chaperonin containing t complex protein zeta	1996,67	1,82	Controle
496	Eucgr.A02734.2	heat shock protein 83 like	17070,58	1,82	Controle
497	Eucgr.H00800.1	cytochrome b5 isoform	1153,23	1,82	Controle
498	Eucgr.H04496.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	258,76	1,82	Controle
499	Eucgr.G02720.1	pyruvate cytosolic isozyme like	8563,71	1,80	Controle
500	Eucgr.B00175.1	sieve element occlusion c	305,76	1,80	Controle
501	Eucgr.B02942.2	pgmc poptn ame full cytoplasmic short pgm ame full glucose phosphomutase	2837,59	1,80	Controle
502	Eucgr.F00252.2	26s proteasome non atpase regulatory	4892,92	1,80	Controle
503	Eucgr.F02797.1	pyruvate decarboxylase family protein	4998,44	1,80	Controle
504	Eucgr.B00913.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 14 like	1866,56	1,80	Controle
505	Eucgr.K02185.3	staphylococcal nuclease domain containing protein 1 like	883,37	1,80	Controle
506	Eucgr.F02744.5	alcohol dehydrogenase i	2220,22	1,80	Controle
507	Eucgr.D01135.1	zeta class glutathione transferase gstz2	6454,08	1,80	Controle
508	Eucgr.J02583.2	26s protease regulatory subunit 7 like	6783,42	1,80	Controle
509	Eucgr.F01666.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase 1 like	826,41	1,80	Controle
510	Eucgr.F00411.1	aspartic proteinase nepenthesin 1	150,19	1,80	Controle
511	Eucgr.C03901.1	nucleosome chromatin assembly factor group	1817,13	1,79	Controle
512	Eucgr.D01707.1	importin subunit beta 1 like	703,63	1,79	Controle
513	Eucgr.E03517.2	unnamed protein product Vitis vinifera	220,86	1,79	Controle
514	Eucgr.I01911.2	atpase plasma membrane type like	242,17	1,79	Controle
515	Eucgr.F00330.2	14 3 3 like protein	5262,35	1,79	Controle
516	Eucgr.B02123.1	stress responsive alpha beta barrel domain protein	1031,98	1,79	Controle
517	Eucgr.K02019.2	s formylglutathione hydrolase like	1806,05	1,79	Controle
518	Eucgr.E00873.2	dynamin related protein 5a	32,27	1,79	Controle
519	Eucgr.F04150.1	protein with unknown function Ricinus communis	306,47	1,79	Controle
520	Eucgr.E00118.2	oas t13 cysteine synthase	2052,63	1,79	Controle
521	Eucgr.F03673.1	heat shock cognate protein 80 like	19899,24	1,79	Controle
522	Eucgr.J01951.1	proliferating cell nuclear antigen	1265,14	1,79	Controle
523	Eucgr.B02587.1	predicted protein Populus trichocarpa	563,42	1,79	Controle
524	Eucgr.C03178.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	638	1,79	Controle
525	Eucgr.J02453.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit 4 like	595,84	1,79	Controle
526	Eucgr.F03709.1	PREDICTED transportin 1 like Vitis vinifera	236,98	1,77	Controle
527	Eucgr.A02478.1	disease resistance response protein 206	549,36	1,77	Controle
528	Eucgr.B02864.1	probable fructose biphosphate aldolase chloroplastic	10506,92	1,77	Controle
529	Eucgr.K00071.2	alcohol dehydrogenase like 1 like	1096,17	1,77	Controle
530	Eucgr.F04030.1	v type proton atpase catalytic subunit a like	2112,99	1,77	Controle
531	Eucgr.C01179.1	heat shock	20895,14	1,77	Controle
532	Eucgr.H00817.3	26s proteasome regulatory subunit 4 homolog a like	3493,71	1,77	Controle
533	Eucgr.H01465.1	late embryogenesis abundant protein d 34 like	302,61	1,77	Controle
534	Eucgr.F02299.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	203,26	1,75	Controle
535	Eucgr.H00595.1	glutamate decarboxylase like	848,64	1,75	Controle
536	Eucgr.F03231.1	rhmannose synthase	534,71	1,75	Controle
537	Eucgr.L00266.1	lon protease homolog mitochondrial like	76,2	1,75	Controle
538	Eucgr.F02825.2	protease do like 7 like	236,19	1,75	Controle
539	Eucgr.A01018.2	serine threonine protein kinase	998,8	1,75	Controle
540	Eucgr.F01462.3	eukaryotic translation elongation	13102,48	1,75	Controle
541	Eucgr.A02108.1	tba3 elein ame full tubulin alpha 3 chain ame full alpha 3 tubulin	12289,91	1,75	Controle
542	Eucgr.D01093.1	60s ribosomal protein l1	1051,06	1,75	Controle
543	Eucgr.I02606.1	methylmalonate semialdehyde dehydrogenase	472,56	1,75	Controle
544	Eucgr.K01658.1	probable glutathione s transferase	806,08	1,75	Controle
545	Eucgr.L00637.1	26s protease regulatory subunit 6a like protein	2924,98	1,75	Controle
546	Eucgr.J02869.2	dead box atp dependent rna	481,92	1,75	Controle
547	Eucgr.C01445.1	cucumber peeling	1108,11	1,75	Controle
548	Eucgr.H04427.1	bifunctional 3 dehydroquinase dehydratase shikimate chloroplastic	1529,78	1,75	Controle
549	Eucgr.H02477.1	alpha galactosidase alpha n	53,4	1,75	Controle
550	Eucgr.C00141.3	lysyl trna synthetase like	81,65	1,75	Controle
551	Eucgr.E02761.1	chaperonin containing t complex protein gamma	377,67	1,73	Controle
552	Eucgr.G02807.1	translation elongation factor 1a 4	7433,77	1,73	Controle
553	Eucgr.B00436.2	delta 1 pyrroline 5 carboxylate dehydrogenase mitochondrial like	267,79	1,73	Controle
554	Eucgr.I02092.2	6 phosphogluconate decarboxylating like isoform 3	5987,21	1,73	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
555	Eucgr.B02914.1	major latex	6511,66	1,73	Controle
556	Eucgr.C01792.1	ubiquinol cytochrome c reductase complex 14 kda protein	9738,2	1,73	Controle
557	Eucgr.B03621.1	dead box atp dependent rna	1156,63	1,73	Controle
558	Eucgr.H03939.1	60s ribosomal protein l22 like protein	3435,62	1,73	Controle
559	Eucgr.A01129.2	aconitate hydratase 2	2291,92	1,73	Controle
560	Eucgr.K02346.1	oxidoreductase glyr1 isoform 1	2437,61	1,73	Controle
561	Eucgr.D02157.1	peroxidase 20	420,2	1,73	Controle
562	Eucgr.K03607.1	gtp binding protein	179,27	1,73	Controle
563	Eucgr.J00319.2	sun domain containing protein 1 like	238,04	1,73	Controle
564	Eucgr.C02514.1	serine carboxypeptidase ii 2	940,9	1,72	Controle
565	Eucgr.F01883.2	protein	3487,4	1,72	Controle
566	Eucgr.C01514.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit 12 like	419,19	1,72	Controle
567	Eucgr.K01867.1	dead box atp dependent rna helicase 37 like	636,38	1,72	Controle
568	Eucgr.K03460.1	c 1 tetrahydrofolate cytoplasmic	787,84	1,72	Controle
569	Eucgr.F00330.3	14 3 3 like protein	5262,35	1,72	Controle
570	Eucgr.J02164.2	protein sec13 homolog	1525,24	1,72	Controle
571	Eucgr.E03294.1	n ethylmaleimide sensitive fusion protein	332,75	1,72	Controle
572	Eucgr.K02066.1	unknown Glycine max	1107,22	1,72	Controle
573	Eucgr.H00952.2	zinc finger	230,11	1,72	Controle
574	Eucgr.E04118.1	thiazole biosynthetic chloroplastic	1157,55	1,72	Controle
575	Eucgr.G02850.1	phenylalanine ammonia lyase	1503,86	1,72	Controle
576	Eucgr.J00015.1	actin	31719,47	1,72	Controle
577	Eucgr.D00001.1	salt stress root protein rs1 isoform 3	8365,57	1,72	Controle
578	Eucgr.F04000.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	128,17	1,72	Controle
579	Eucgr.A02775.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100780360 Glycine max	23,08	1,72	Controle
580	Eucgr.K03238.1	dnaj homolog subfamily c member 3 homolog	141,98	1,72	Controle
581	Eucgr.D02466.1	transketolase putative Ricinus communis	3190,7	1,70	Controle
582	Eucgr.G03281.4	nucleotide binding	602,79	1,70	Controle
583	Eucgr.K01045.1	adp atp carrier 3 protein	1337,78	1,70	Controle
584	Eucgr.H00849.1	acetyl c acetyltransferase	3243,11	1,70	Controle
585	Eucgr.H02678.3	sahh medsa ame full adenosylhomocysteinase short cyase ame full s adenosyl l homoc	15652,53	1,70	Controle
586	Eucgr.C02784.1	dead box atp dependent rna helicase 56 like	498,62	1,70	Controle
587	Eucgr.A01827.1	glucan synthase component	14,02	1,70	Controle
588	Eucgr.B02610.1	10 formyltetrahydrofolate synthetase	1365,9	1,68	Controle
589	Eucgr.L02116.1	vitamin b12 independent methionine 5 methyltetrahydropteroyltriglutamate homocysteine	1689,77	1,68	Controle
590	Eucgr.G01197.2	serine carboxypeptidase like 18 like	339,17	1,68	Controle
591	Eucgr.J00327.4	pyruvate kinase	2625,09	1,68	Controle
592	Eucgr.H04433.2	histone 2	1174,13	1,68	Controle
593	Eucgr.D00028.1	thioredoxin mitochondrial like	1080,24	1,68	Controle
594	Eucgr.B00132.3	aspartyl aminopeptidase	368,69	1,67	Controle
595	Eucgr.K02244.1	chaperonin containing t complex protein delta	1226,04	1,67	Controle
596	Eucgr.F02183.1	tubulin alpha	25208,69	1,67	Controle
597	Eucgr.C02386.1	plasma membrane atpase 4 isoform 1	190,42	1,67	Controle
598	Eucgr.B03891.1	fructose bisphosphate aldolase	11670,61	1,67	Controle
599	Eucgr.F02900.1	glutamate decarboxylase 1	8725,81	1,67	Controle
600	Eucgr.K02283.1	glutamine synthetase	2814,32	1,67	Controle
601	Eucgr.K01256.1	transitional endoplasmic reticulum	9738,26	1,67	Controle
602	Eucgr.H03939.2	60s ribosomal protein l22 like protein	3435,62	1,67	Controle
603	Eucgr.L01585.3	elicitor inducible protein eig j7	4667,73	1,67	Controle
604	Eucgr.I02171.1	autoinhibited h atpase	569,14	1,67	Controle
605	Eucgr.B02632.1	glutamate decarboxylase	399,2	1,65	Controle
606	Eucgr.B03800.2	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	278,98	1,65	Controle
607	Eucgr.J01121.1	elongation factor 1	7940,52	1,65	Controle
608	Eucgr.J02164.3	protein sec13 homolog	1525,24	1,65	Controle
609	Eucgr.A01913.2	14 3 3 like protein d	6572,61	1,65	Controle
610	Eucgr.G00444.1	coatomer subunit gamma 2 like	797,81	1,65	Controle
611	Eucgr.E03143.1	serine threonine protein plant	58,58	1,65	Controle
612	Eucgr.L00009.3	cysteine chloroplastic chromoplastic isoform 1	826,39	1,65	Controle
613	Eucgr.H00480.1	auxin induced protein pcnt115 isoform 1	1490,37	1,65	Controle
614	Eucgr.H04369.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	175,75	1,65	Controle
615	Eucgr.G01186.1	alpha tubulin 1	25262,96	1,63	Controle
616	Eucgr.B02294.2	universal stress protein 1	20360,44	1,63	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
617	Eucgr.J00239.1	26s proteasome regulatory particle non atpase subunit	1026,29	1,63	Controle
618	Eucgr.B03239.1	t complex protein 1 subunit epsilon like	965,16	1,63	Controle
619	Eucgr.C01076.2	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein mitochondrial like isoform 1	605,56	1,63	Controle
620	Eucgr.B03771.2	proteasome subunit alpha type 3	1601,42	1,63	Controle
621	Eucgr.J02207.4	formate dehydrogenase	4465,51	1,63	Controle
622	Eucgr.J01621.1	nadh dehydrogenase	1274,62	1,63	Controle
623	Eucgr.K02589.1	iaa amino acid hydrolase 1	972,52	1,63	Controle
624	Eucgr.B03349.1	aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	1116,76	1,63	Controle
625	Eucgr.F03673.2	heat shock cognate protein 80 like	19136,52	1,63	Controle
626	Eucgr.F00121.1	subtilisin like protease like	111,41	1,63	Controle
627	Eucgr.H04655.2	proteasome subunit beta type 5 b	4333,94	1,63	Controle
628	Eucgr.B03586.1	pyruvate kinase	722,75	1,63	Controle
629	Eucgr.B02718.2	uracil phosphoribosyltransferase	261,65	1,63	Controle
630	Eucgr.C01749.3	dead box atp dependent rna helicase 56 like	514,74	1,62	Controle
631	Eucgr.B03800.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	269,67	1,62	Controle
632	Eucgr.G00158.1	uridylyl transferase	2980,73	1,62	Controle
633	Eucgr.A01238.1	soluble inorganic pyrophosphatase	3483,42	1,62	Controle
634	Eucgr.I02468.2	xaa pro aminopeptidase	490,78	1,62	Controle
635	Eucgr.G02896.1	beta hexosaminidase subunit b2 like	463,92	1,62	Controle
636	Eucgr.J00524.1	ruvB like 1 like	772,91	1,62	Controle
637	Eucgr.F04457.1	atp binding	392,54	1,62	Controle
638	Eucgr.G01124.1	II diaminopimelate aminotransferase	671,26	1,62	Controle
639	Eucgr.B02276.1	hydrolyzing o glycosyl	208,61	1,62	Controle
640	Eucgr.D00281.1	adenosylhomocysteine 1	13663,27	1,62	Controle
641	Eucgr.F04402.1	aldehyde dehydrogenase family 7 member a1	404,07	1,62	Controle
642	Eucgr.F03538.2	I ascorbate oxidase homolog	23,42	1,62	Controle
643	Eucgr.J02812.1	probable IIR receptor like serine threonine protein kinase at3g47570 like	34,81	1,62	Controle
644	Eucgr.J02991.1	97 kda heat shock	2507,2	1,60	Controle
645	Eucgr.G02720.2	pyruvate cytosolic isozyme like	8563,71	1,60	Controle
646	Eucgr.K01917.1	phosphatidylglycerol phosphatidylinositol transfer protein	1772,74	1,60	Controle
647	Eucgr.B03146.1	protein spiral1 like2	1636,35	1,60	Controle
648	Eucgr.G01949.1	vacuolar atp synthase subunit	1265,03	1,60	Controle
649	Eucgr.J00618.1	t complex protein 1 subunit eta	681,13	1,60	Controle
650	Eucgr.K00787.1	aspartic proteinase	682,68	1,60	Controle
651	Eucgr.C01646.2	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	1097,32	1,60	Controle
652	Eucgr.L03617.1	glutamate decarboxylase 1	7491,8	1,60	Controle
653	Eucgr.I00009.3	like zinc binding alcohol dehydrogenase family protein	1312,17	1,60	Controle
654	Eucgr.J00856.1	alanyl tRNA synthetase	238,31	1,60	Controle
655	Eucgr.K01517.1	methionine synthase	7034,06	1,60	Controle
656	Eucgr.C03418.1	eukaryotic initiation factor 4a 11	15825,87	1,60	Controle
657	Eucgr.L00782.1	thiosulfate sulfurtransferase	11465,57	1,60	Controle
658	Eucgr.H01166.1	phi class glutathione S transferase protein	14000,15	1,60	Controle
659	Eucgr.K03162.1	soluble inorganic pyrophosphatase	2715,84	1,60	Controle
660	Eucgr.H00669.6	alpha galactosidase alpha n	606,65	1,60	Controle
661	Eucgr.H02588.1	probable nucleoredoxin 1 like	1135,85	1,58	Controle
662	Eucgr.D02119.5	small gtp binding protein	8377,53	1,58	Controle
663	Eucgr.I00662.2	t complex protein 1 subunit alpha like	377,55	1,58	Controle
664	Eucgr.J02133.1	porin voltage dependent anion selective channel protein	2342,27	1,58	Controle
665	Eucgr.C01444.1	isomerase like protein	5526,46	1,58	Controle
666	Eucgr.I01066.1	5 oxoprolinase putative Ricinus communis	105,78	1,58	Controle
667	Eucgr.F01081.1	stromal membrane associated	79,11	1,58	Controle
668	Eucgr.J00583.1	dnaj protein homolog	1552,53	1,57	Controle
669	Eucgr.K02508.2	40s ribosomal protein s19	6630,57	1,57	Controle
670	Eucgr.B03528.1	glucose 6 phosphate 1	308,39	1,57	Controle
671	Eucgr.H04776.2	proteasome subunit alpha	1540,63	1,57	Controle
672	Eucgr.F02167.6	precursor of transferase serine hydroxymethyltransferase 3	1102,85	1,57	Controle
673	Eucgr.F01604.2	thioredoxin h	4268,93	1,57	Controle
674	Eucgr.L01881.1	steroid binding	1856,84	1,57	Controle
675	Eucgr.H04482.1	seryl tRNA synthetase like	1132,24	1,57	Controle
676	Eucgr.K00951.1	norcochlorine 6 o methyltransferase	223,55	1,57	Controle
677	Eucgr.D00305.2	50 kda ketoacyl acp synthase	1894,01	1,57	Controle
678	Eucgr.C02133.1	proteasome subunit beta type 6	1525,34	1,57	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
679	Eucgr.A02097.2	glutamate dehydrogenase 1	2798,26	1,55	Controle
680	Eucgr.H00043.1	probable methionyl trna synthetase	153,41	1,55	Controle
681	Eucgr.B01390.1	interferon induced gtp binding protein	128,14	1,55	Controle
682	Eucgr.G01708.2	coatomer alpha	181,73	1,55	Controle
683	Eucgr.F03152.1	dead box rna helicase like protein	17040,31	1,55	Controle
684	Eucgr.H01393.1	isopentenyl diphosphate isomerase	3105,25	1,55	Controle
685	Eucgr.A02130.1	predicted protein Populus trichocarpa	91,14	1,55	Controle
686	Eucgr.B03067.3	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 like	238,95	1,55	Controle
687	Eucgr.I01166.1	cxe carboxylesterase	3785,35	1,54	Controle
688	Eucgr.D00127.2	gtp dependent nucleic acid binding protein	2965,19	1,54	Controle
689	Eucgr.F04466.1	glyceraldehyde 3 phosphate cytosolic	5949,4	1,54	Controle
690	Eucgr.F00470.1	alpha tubulin 1	21343,72	1,54	Controle
691	Eucgr.D01341.1	adenylosuccinate synthetase	827,86	1,54	Controle
692	Eucgr.H02826.3	dehydratase family	491,42	1,54	Controle
693	Eucgr.A02519.2	40s ribosomal protein	21484,12	1,54	Controle
694	Eucgr.H03993.1	pathogenesis related protein sth 2	1931,13	1,54	Controle
695	Eucgr.I00009.2	like zinc binding alcohol dehydrogenase family protein	2012,51	1,54	Controle
696	Eucgr.H02606.3	uncharacterized protein LOC100526985 Glycine max	2311,6	1,54	Controle
697	Eucgr.J01112.1	elongation factor 1	13673,58	1,54	Controle
698	Eucgr.C01589.1	tom1 like protein 1 like	172,3	1,54	Controle
699	Eucgr.C01947.2	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate	1464,88	1,54	Controle
700	Eucgr.E02397.2	prefoldin subunit	734,35	1,54	Controle
701	Eucgr.E02953.1	cyclase family protein	170,49	1,54	Controle
702	Eucgr.J02293.1	prohibitin 3	1366,24	1,52	Controle
703	Eucgr.B00132.2	aspartyl aminopeptidase	498,4	1,52	Controle
704	Eucgr.C03557.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	1131,27	1,52	Controle
705	Eucgr.I01715.1	predicted protein Populus trichocarpa	2200,44	1,52	Controle
706	Eucgr.F01880.1	ornithine chloroplastic	291,06	1,52	Controle
707	Eucgr.H04112.1	metk1 elaum ame full s adenosylmethionine synthase 1 short et synthase 1 ame full	32347,44	1,52	Controle
708	Eucgr.F02797.3	pyruvate decarboxylase family protein	5214,83	1,52	Controle
709	Eucgr.F01561.1	glucose 6 phosphate isomerase	1151,92	1,52	Controle
710	Eucgr.I01824.1	aldehyde dehydrogenase 1 precursor	230,72	1,52	Controle
711	Eucgr.I00242.1	carbamoyl phosphate synthase small chain	998,35	1,52	Controle
712	Eucgr.F02876.2	protein	720,91	1,52	Controle
713	Eucgr.H04498.1	probable linoleate 9s lipoxigenase 5	410,23	1,52	Controle
714	Eucgr.I02334.1	proteasome subunit alpha type 7	3621,8	1,51	Controle
715	Eucgr.I01263.1	coatomer subunit gamma 2 like	991,98	1,51	Controle
716	Eucgr.F02825.1	protease do like 7 like	236,19	1,51	Controle
717	Eucgr.F01561.2	glucose 6 phosphate isomerase	1151,92	1,51	Controle
718	Eucgr.F00027.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262703 Vitis vinifera	2187,82	1,51	Controle
719	Eucgr.F03722.1	probable 26s proteasome non atpase regulatory subunit 3 like	193,86	1,51	Controle
720	Eucgr.K02950.4	light inducible protein	1106,79	1,51	Controle
721	Eucgr.G00629.1	kinetochore protein ndc80 homolog	162,66	1,51	Controle
722	Eucgr.C04016.1	sarcosine oxidase	687,69	1,51	Controle
723	Eucgr.G01978.1	predicted protein Populus trichocarpa	13002,87	1,49	Controle
724	Eucgr.J01697.1	u2 small nuclear ribonucleoprotein	2236,33	1,49	Controle
725	Eucgr.K01053.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 2 1a like	750,64	1,49	Controle
726	Eucgr.H03281.1	importin subunit alpha 1 like	2014,46	1,49	Controle
727	Eucgr.J00859.1	dead box atp dependent rna	261	1,49	Controle
728	Eucgr.G01640.4	diaminopimelate decarboxylase chloroplastic isoform 1	313,99	1,49	Controle
729	Eucgr.G01875.1	epidermal growth factor receptor substrate 15 like protein	585,72	1,49	Controle
730	Eucgr.F00370.1	14 3 3 protein	17312,07	1,49	Controle
731	Eucgr.L01927.1	2 isopropylmalate synthase 2	406,64	1,49	Controle
732	Eucgr.L02112.1	disease resistance response protein 206 like	706,45	1,49	Controle
733	Eucgr.H04673.1	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	38795,09	1,49	Controle
734	Eucgr.F00484.1	acetyl carboxylase 1 like	47,88	1,49	Controle
735	Eucgr.C02784.2	dead box atp dependent rna	1450,28	1,49	Controle
736	Eucgr.K01053.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit	1503,22	1,48	Controle
737	Eucgr.I00240.1	actin	41547,14	1,48	Controle
738	Eucgr.B02913.1	major latex	2663,72	1,48	Controle
739	Eucgr.B01361.1	transducin wd40 domain containing protein	56,29	1,48	Controle
740	Eucgr.G02873.1	carboxypeptidase type iii	334,48	1,48	Controle
741	Eucgr.F03005.1	n alpha acetyltransferase auxiliary subunit like	73,76	1,48	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
742	Eucgr.B03349.2	aldehyde dehydrogenase family 2 member mitochondrial like	3384,24	1,48	Controle
743	Eucgr.E02909.1	imd5h vlgun ame full inosine 5 monophosphate dehydrogenase short imp dehydrogenases	138,46	1,48	Controle
744	Eucgr.C04037.1	steroid binding	7701,24	1,48	Controle
745	Eucgr.B00638.1	isoaspartyl peptidase I asparaginase 1	642,62	1,48	Controle
746	Eucgr.H03435.1	proteasome subunit beta type	2889,31	1,48	Controle
747	Eucgr.K03247.1	60s ribosomal protein l12	7782,2	1,48	Controle
748	Eucgr.D00882.1	minor allergen alt	2298,06	1,48	Controle
749	Eucgr.J01908.1	predicted protein Populus trichocarpa	802,87	1,48	Controle
750	Eucgr.D01137.1	wd 40 repeat containing protein msi1	85,3	1,48	Controle
751	Eucgr.E00828.1	vacuolar atp synthase subunit	6406,76	1,46	Controle
752	Eucgr.K01363.2	elongation factor	563,72	1,46	Controle
753	Eucgr.L02843.1	low quality protein quinone oxidoreductase pig3	1780,89	1,46	Controle
754	Eucgr.B03379.1	pyruvate dehydrogenase complex e1 alpha subunit	13135,53	1,46	Controle
755	Eucgr.K02738.1	argininosuccinate chloroplastic like	1110,01	1,46	Controle
756	Eucgr.L01448.1	lactoylglutathione lyase like protein	22039,65	1,46	Controle
757	Eucgr.F02435.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260886 isoform 2 Vitis vinifera	2415,9	1,46	Controle
758	Eucgr.F03673.3	heat shock	18990,57	1,46	Controle
759	Eucgr.J01486.1	heat shock protein	2148,54	1,46	Controle
760	Eucgr.B03110.1	heat shock protein 83 like	437,86	1,46	Controle
761	Eucgr.B03696.1	cinnamoyl reductase like protein	1041,99	1,46	Controle
762	Eucgr.J01907.2	ubiquitin activating enzyme e1 2 like	359,52	1,45	Controle
763	Eucgr.K01249.5	adenosine kinase	5358,92	1,45	Controle
764	Eucgr.F02435.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260886 isoform 2 Vitis vinifera	2247,9	1,45	Controle
765	Eucgr.G02703.2	copper chaperone	3428,8	1,45	Controle
766	Eucgr.H02358.5	malate glyoxysomal	3368,18	1,45	Controle
767	Eucgr.H04065.3	galactokinase Cucumis melo	1181,27	1,43	Controle
768	Eucgr.F03302.1	protein phosphatase	239,05	1,43	Controle
769	Eucgr.J00982.3	amino acid binding	542,18	1,43	Controle
770	Eucgr.F03104.1	ubiquitin carboxyl terminal	585,64	1,43	Controle
771	Eucgr.F02557.1	monoglyceride lipase like	942,23	1,43	Controle
772	Eucgr.I01182.2	probable n acetyl gamma glutamyl phosphate chloroplastic	618,97	1,43	Controle
773	Eucgr.F02130.1	14 3 3 like protein	19196,16	1,43	Controle
774	Eucgr.L03524.1	aldo keto reductase akr	2890,37	1,43	Controle
775	Eucgr.J00326.1	alpha galactosidase alpha n	623,84	1,43	Controle
776	Eucgr.D01687.2	upf0160 protein mitochondrial like	434,1	1,43	Controle
777	Eucgr.F04018.1	60s ribosomal protein l7 4 like	1098,26	1,43	Controle
778	Eucgr.F04398.1	proteasome subunit alpha	5113,48	1,43	Controle
779	Eucgr.B01570.1	cell division control	153,37	1,43	Controle
780	Eucgr.I01044.1	serine carboxypeptidase like 18	157,19	1,43	Controle
781	Eucgr.G02327.1	alpha xylosidase isoform 1	231,71	1,43	Controle
782	Eucgr.G01120.1	I galactose dehydrogenase	894,56	1,42	Controle
783	Eucgr.I00241.1	actin	41702,95	1,42	Controle
784	Eucgr.E03917.1	myo inositol	1269,98	1,42	Controle
785	Eucgr.F01584.3	af282850 1allergenic isoflavone reductase like protein bet v	5282,06	1,42	Controle
786	Eucgr.H00802.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	316,03	1,42	Controle
787	Eucgr.K01249.3	adenosine kinase 2	4924,85	1,42	Controle
788	Eucgr.K02417.3	dead box atp dependent rna	488,76	1,42	Controle
789	Eucgr.D01829.1	ap 2 complex subunit beta	102,81	1,42	Controle
790	Eucgr.C01585.2	aspartate aminotransferase 2	1034,22	1,40	Controle
791	Eucgr.H04065.1	galactokinase Cucumis melo	1192,99	1,40	Controle
792	Eucgr.F02899.1	universal stress protein a like protein	1871,5	1,40	Controle
793	Eucgr.F03085.1	mitochondrial processing peptidase subunit alpha	935,71	1,40	Controle
794	Eucgr.F02133.1	glucose 6 phosphate isomerase like	1345,79	1,40	Controle
795	Eucgr.A00095.1	PREDICTED fructokinase 2 Vitis vinifera	9682,16	1,40	Controle
796	Eucgr.F01586.1	proteasome subunit alpha	1064,71	1,40	Controle
797	Eucgr.A02935.1	glutamate dehydrogenase 2	465,46	1,40	Controle
798	Eucgr.H00466.1	aldo keto reductase akr	4407,89	1,40	Controle
799	Eucgr.I01925.1	v type proton atpase subunit d2	560,45	1,40	Controle
800	Eucgr.F02872.3	glutamine synthetase 1	846,99	1,40	Controle
801	Eucgr.D00647.1	epoxide hydrolase 2 like	957,03	1,40	Controle
802	Eucgr.J00327.3	pyruvate kinase	3676,64	1,40	Controle
803	Eucgr.F00027.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262703 Vitis vinifera	1016,98	1,40	Controle
804	Eucgr.C02092.2	plasma membrane atpase 4 isoform 1	379,98	1,40	Controle
805	Eucgr.B00038.1	cytochrome c oxidase subunit	1788,67	1,40	Controle
806	Eucgr.I01987.1	atp synthase subunit mitochondrial isoform 1	254,8	1,40	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
807	Eucgr.K02110.3	fk506 binding protein	3086,2	1,40	Controle
808	Eucgr.B00034.1	14 3 3 like protein	25169,63	1,39	Controle
809	Eucgr.F02423.2	annexin d1	6439,26	1,39	Controle
810	Eucgr.G03107.2	alpha soluble nsf attachment protein	9056,49	1,39	Controle
811	Eucgr.K03426.1	npl4 like protein 1 like	375,87	1,39	Controle
812	Eucgr.J02207.3	formate dehydrogenase	3336,96	1,39	Controle
813	Eucgr.G01370.1	dna directed rna polymerase ii	2037,27	1,39	Controle
814	Eucgr.F02429.1	annexin d1	6618,75	1,39	Controle
815	Eucgr.H01478.1	ran gtpase activating protein 1 like	525,31	1,39	Controle
816	Eucgr.F00471.1	xylulose kinase	165,96	1,39	Controle
817	Eucgr.E02641.1	tir nbs lrr type r protein 7	95,69	1,38	Controle
818	Eucgr.K00373.1	s adenosylmethionine synthase 1 like	3059,08	1,38	Controle
819	Eucgr.A00373.1	universal stress protein	4705,35	1,38	Controle
820	Eucgr.B02252.3	peptidyl prolyl cis trans isomerase cyp19 4 like isoform 1	7507,75	1,38	Controle
821	Eucgr.A01180.1	ascorbate peroxidase	2649,56	1,38	Controle
822	Eucgr.E01336.1	gibberellin 20 oxidase	246,68	1,38	Controle
823	Eucgr.G01122.1	l galactose dehydrogenase	716,43	1,38	Controle
824	Eucgr.B03019.2	dna repair protein rad23 3 like isoform 3	929,97	1,38	Controle
825	Eucgr.K00001.1	plastid transcriptionally active 4	216,69	1,38	Controle
826	Eucgr.L03768.1	pyruvate dehydrogenase e2 component	992,51	1,36	Controle
827	Eucgr.D00699.2	quinone oxidoreductase pig3	446,68	1,36	Controle
828	Eucgr.A01913.1	14 3 3 like protein d	7191,86	1,36	Controle
829	Eucgr.K00453.1	iaa amino acid hydrolase 6	965,32	1,36	Controle
830	Eucgr.K00588.3	metk1 catro ame full s adenosylmethionine synthase 1 short et synthase 1 ame full	36323,08	1,36	Controle
831	Eucgr.D00858.2	anthocyanidin reductase	6494,13	1,36	Controle
832	Eucgr.C00615.1	profilin like protein	9123,46	1,36	Controle
833	Eucgr.C01303.1	fumarylacetoacetate hydrolase domain containing protein 1 homolog	6765,1	1,36	Controle
834	Eucgr.C00401.1	plasma membrane atpase	155,95	1,36	Controle
835	Eucgr.J00283.1	uricase nod 35	299,89	1,36	Controle
836	Eucgr.I01243.2	phospholipase a 2 activating	256,9	1,36	Controle
837	Eucgr.B03930.6	cu zn superoxide dismutase	5278,92	1,35	Controle
838	Eucgr.F03509.4	unknown Glycine max	229,61	1,35	Controle
839	Eucgr.C03197.1	eukaryotic translation initiation factor 3	515,33	1,35	Controle
840	Eucgr.H03408.1	atp sulfurylase chloroplasmic	204,15	1,35	Controle
841	Eucgr.G01434.2	methylcrotonoyl carboxylase beta mitochondrial	195,08	1,35	Controle
842	Eucgr.G02771.1	unnamed protein product Vitis vinifera	621,58	1,35	Controle
843	Eucgr.K01903.8	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	126,31	1,35	Controle
844	Eucgr.K02195.1	lysosomal alpha	58,96	1,34	Controle
845	Eucgr.H02622.1	spermidine synthase	1055,51	1,34	Controle
846	Eucgr.F02797.2	pyruvate decarboxylase family protein	5380,41	1,34	Controle
847	Eucgr.E00889.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit	4759,27	1,34	Controle
848	Eucgr.H00487.1	auxin induced protein pnt1 15 isoform 1	3185,53	1,34	Controle
849	Eucgr.A01538.2	fructose bisphosphate aldolase	51769,29	1,34	Controle
850	Eucgr.J00682.1	PREDICTED dihydropyrimidinase like Vitis vinifera	2233,81	1,34	Controle
851	Eucgr.I01265.1	adenylyl cyclase associated protein	684,85	1,34	Controle
852	Eucgr.B03067.5	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 like	809,58	1,34	Controle
853	Eucgr.I00375.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100252593 Vitis vinifera	462,58	1,34	Controle
854	Eucgr.B00670.1	chromosome associated kinesin	56,19	1,34	Controle
855	Eucgr.B03437.1	aspartate semialdehyde	767,86	1,32	Controle
856	Eucgr.H00624.1	nascent polypeptide associated complex subunit beta	6623,4	1,32	Controle
857	Eucgr.G03042.3	60s acidic ribosomal protein	11536	1,32	Controle
858	Eucgr.G03042.1	60s acidic ribosomal protein p0	12337,91	1,32	Controle
859	Eucgr.I00594.1	oligopeptidase a	678,65	1,32	Controle
860	Eucgr.J02207.5	formate dehydrogenase	3480,68	1,32	Controle
861	Eucgr.E03189.1	heat shock	15160,11	1,32	Controle
862	Eucgr.H01081.1	fumarate class ii	1282,93	1,32	Controle
863	Eucgr.D02190.2	n acetylornithine deacetylase like protein	2502,31	1,32	Controle
864	Eucgr.F04480.1	nuclear pore anchor like	170,85	1,32	Controle
865	Eucgr.F02431.2	fiber annexin	5000,6	1,32	Controle
866	Eucgr.H02913.3	3 isopropylmalate dehydratase	1051,72	1,32	Controle
867	Eucgr.C00627.1	clathrin interactor epsin 1 like isoform 1	270,65	1,32	Controle
868	Eucgr.A02100.1	protein tic chloroplasmic	236,83	1,32	Controle
869	Eucgr.B03677.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100246702 Vitis vinifera	481,7	1,31	Controle
870	Eucgr.D00177.1	ferredoxin nadp reductase	1441,94	1,31	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
871	Eucgr.G02932.1	actin 4	26328,29	1,31	Controle
872	Eucgr.E01107.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1931,97	1,31	Controle
873	Eucgr.B01003.1	aldo keto	3018,44	1,31	Controle
874	Eucgr.E00370.2	small gtp binding protein	8101,38	1,31	Controle
875	Eucgr.K02283.3	glutamine synthetase	2410,5	1,31	Controle
876	Eucgr.A00904.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100801514 Glycine max	345,5	1,31	Controle
877	Eucgr.L02517.1	oligopeptidase a	549,26	1,31	Controle
878	Eucgr.H03220.1	phosphoglycerate dehydrogenase	2591,66	1,31	Controle
879	Eucgr.J01028.1	dihydrolipoyllysine residue acetyltransferase component 1 of pyruvate dehydrogenase m	887,94	1,31	Controle
880	Eucgr.E00279.1	abscisic acid receptor pyr1 like	1011,03	1,31	Controle
881	Eucgr.K01803.1	predicted protein Populus trichocarpa	251,2	1,31	Controle
882	Eucgr.F03233.1	atnadk 3 nadk3 kinase 3	202,57	1,31	Controle
883	Eucgr.G02703.1	copper chaperone	3428,8	1,31	Controle
884	Eucgr.G02476.1	eukaryotic translation initiation factor	103,46	1,31	Controle
885	Eucgr.E03613.1	plastid developmental protein dag	476,33	1,30	Controle
886	Eucgr.G02544.1	porin voltage dependent anion selective channel protein	2880,6	1,30	Controle
887	Eucgr.C02653.1	heat shock	2084,02	1,30	Controle
888	Eucgr.D02190.1	n acetylornithine deacetylase like protein	2502,31	1,30	Controle
889	Eucgr.L03396.1	mta sah	1050,31	1,30	Controle
890	Eucgr.A02344.1	predicted protein Populus trichocarpa	203,78	1,30	Controle
891	Eucgr.G01098.1	tryptophan synthase alpha	445,14	1,30	Controle
892	Eucgr.F01962.1	chaperone protein	113,44	1,30	Controle
893	Eucgr.J01922.1	udp glycosyltransferase 71c4	388,8	1,30	Controle
894	Eucgr.A00052.1	2 isopropylmalate synthase	1182,98	1,30	Controle
895	Eucgr.J01599.3	high mobility group family	1335,79	1,28	Controle
896	Eucgr.D01128.1	trm112 like protein	1594,3	1,28	Controle
897	Eucgr.F03161.3	dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate	2287,26	1,28	Controle
898	Eucgr.I01714.1	predicted protein Populus trichocarpa	953,32	1,28	Controle
899	Eucgr.B00144.3	glyceraldehyde 3 phosphate	31325,64	1,28	Controle
900	Eucgr.H04012.1	allergen Pru p	12582,45	1,28	Controle
901	Eucgr.A01044.2	heat shock	304,51	1,28	Controle
902	Eucgr.F03433.1	electron transfer flavoprotein ubiquinone	558,63	1,28	Controle
903	Eucgr.D01807.1	small glutamine rich tetratricopeptide repeat containing protein	8204,07	1,28	Controle
904	Eucgr.F02497.2	40s ribosomal protein	3413,82	1,28	Controle
905	Eucgr.H00144.2	harpin binding protein 1	688,92	1,28	Controle
906	Eucgr.F02905.2	utp alpha d glucose 1 phosphate uridylyltransferase	11074,49	1,27	Controle
907	Eucgr.G03042.2	60s acidic ribosomal protein p0	12206,82	1,27	Controle
908	Eucgr.B01005.2	aldo keto	2517,4	1,27	Controle
909	Eucgr.F01713.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100811870 Glycine max	679,19	1,27	Controle
910	Eucgr.H04880.1	probable atp synthase 24 kda mitochondrial	13174	1,27	Controle
911	Eucgr.I00375.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100252593 Vitis vinifera	229,79	1,27	Controle
912	Eucgr.L01763.1	dna damage repair toleration protein drt102	579,83	1,27	Controle
913	Eucgr.C02185.1	serine carboxypeptidase like 18 like	1663,52	1,27	Controle
914	Eucgr.C00137.2	low quality protein villin 4	716,2	1,27	Controle
915	Eucgr.L00349.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit	1326,95	1,27	Controle
916	Eucgr.H03047.1	malate dehydrogenase	26058,84	1,27	Controle
917	Eucgr.F01066.2	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase	367,68	1,27	Controle
918	Eucgr.D01750.2	udp glucose 4 epimerase	846,51	1,27	Controle
919	Eucgr.K03171.2	diaminopimelate epimerase	429,59	1,27	Controle
920	Eucgr.C00846.1	threonine synthase	170,24	1,26	Controle
921	Eucgr.L03025.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100784480 Glycine max	1598,63	1,26	Controle
922	Eucgr.I01779.4	adp ribosylation factor	4612,53	1,26	Controle
923	Eucgr.G02224.1	atp synthase subunit mitochondrial like	25856,9	1,26	Controle
924	Eucgr.B02878.1	atp synthase beta chain	28050,34	1,26	Controle
925	Eucgr.K01749.2	predicted protein Populus trichocarpa	278,1	1,26	Controle
926	Eucgr.G02184.1	protein	208,89	1,26	Controle
927	Eucgr.K02786.2	elongation factor chloroplastic like	278,65	1,26	Controle
928	Eucgr.C03704.1	mitochondrial processing peptidase subunit alpha	7414,34	1,25	Controle
929	Eucgr.B00144.2	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	33550,63	1,25	Controle
930	Eucgr.F04458.3	3 mercaptopyruvate sulfurtransferase	1169,1	1,25	Controle
931	Eucgr.H01176.1	phi class glutathione s transferase protein	19248,39	1,25	Controle
932	Eucgr.C02720.2	aspartate chloroplastic	789,54	1,25	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
933	Eucgr.J01952.1	cytosolic enolase 3 like	426,78	1,25	Controle
934	Eucgr.C00137.1	low quality protein villin 4	716,2	1,25	Controle
935	Eucgr.F03307.1	probable bifunctional methylthioribulose 1 phosphate dehydratase enolase phosphatase	572,21	1,25	Controle
936	Eucgr.J02246.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein a2 homolog 2 like	999,02	1,25	Controle
937	Eucgr.G01788.2	atp synthase subunit beta	3982,47	1,25	Controle
938	Eucgr.F01560.1	deoxyuridine 5 triphosphate nucleotidohydrolase like	2420,61	1,25	Controle
939	Eucgr.H04507.1	serine protease	694,46	1,25	Controle
940	Eucgr.C00793.1	mtna poptr ame full methylthioribose 1 phosphate isomerase short m1pi short mtr 1 p	360,06	1,25	Controle
941	Eucgr.D00191.1	atp dependent clp protease proteolytic subunit chloroplastic like	1518,62	1,25	Controle
942	Eucgr.C00933.1	asparaginyl trna cytoplasmic 1 like	203,67	1,25	Controle
943	Eucgr.J03198.1	hydroxycinnamoyl coenzyme a shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase	142,32	1,25	Controle
944	Eucgr.A01408.1	60s acidic ribosomal protein	4464,85	1,23	Controle
945	Eucgr.G03107.1	alpha soluble nsf attachment protein	9622,9	1,23	Controle
946	Eucgr.G01350.2	cinnamyl alcohol dehydrogenase	987,09	1,23	Controle
947	Eucgr.A02519.1	40s ribosomal protein	18956,34	1,23	Controle
948	Eucgr.F03031.4	protein disulfide	1071,73	1,23	Controle
949	Eucgr.K01232.1	glutathione transferase	19320,62	1,23	Controle
950	Eucgr.I02676.1	hydroxyacyl acp dehydrase	277,42	1,23	Controle
951	Eucgr.K02198.1	atp dependent clp	1623,31	1,23	Controle
952	Eucgr.G01193.2	xylose isomerase like	764,31	1,23	Controle
953	Eucgr.G02468.1	eukaryotic translation initiation factor 5a1	3599,1	1,23	Controle
954	Eucgr.J00121.2	appr 1 p processing enzyme family protein	3450,46	1,23	Controle
955	Eucgr.K01428.1	ras gtpase activating protein binding	642,75	1,23	Controle
956	Eucgr.H03605.1	endo beta d	1830,74	1,23	Controle
957	Eucgr.E01445.2	arginase putative Ricinus communis	806,92	1,22	Controle
958	Eucgr.H04086.1	NA	3896,74	1,22	Controle
959	Eucgr.K00048.2	60s ribosomal protein	13299,67	1,22	Controle
960	Eucgr.F02537.1	PREDICTED uncharacterized protein At2g34160 Vitis vinifera	4018,76	1,22	Controle
961	Eucgr.K01236.1	glutathione s transferase gst 22	10354,32	1,22	Controle
962	Eucgr.A01021.3	metk2 elaum ame full s adenosylmethionine synthase 2 short et synthase 2 ame full	70453,21	1,22	Controle
963	Eucgr.B02928.1	mlp like protein 28	21831,56	1,22	Controle
964	Eucgr.E00871.3	nucleoside diphosphate kinase iii	470,57	1,22	Controle
965	Eucgr.L01179.2	cbs domain protein	20011,06	1,22	Controle
966	Eucgr.G01788.1	atp synthase subunit beta	3982,47	1,22	Controle
967	Eucgr.F00650.2	protein regulator of	412,55	1,22	Controle
968	Eucgr.F03933.1	3 isopropylmalate chloroplastic	965,21	1,22	Controle
969	Eucgr.K01314.1	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	2913,61	1,22	Controle
970	Eucgr.B03802.1	adipocyte plasma membrane associated isoform 1	947,19	1,22	Controle
971	Eucgr.C00146.1	serine carboxypeptidase like 18 like	268,12	1,22	Controle
972	Eucgr.F02555.2	serine threonine kinase receptor associated protein	890,31	1,22	Controle
973	Eucgr.J00851.1	delta sterol reductase like	466,31	1,22	Controle
974	Eucgr.A01152.1	60s ribosomal protein l12	14569,15	1,21	Controle
975	Eucgr.D02537.2	actin Caragana korshinskii	35250,83	1,21	Controle
976	Eucgr.B01152.1	endo beta d	8346,04	1,21	Controle
977	Eucgr.I01374.1	triosephosphate isomerase	3304,09	1,21	Controle
978	Eucgr.B03154.3	spfh domain containing protein 2	666,53	1,21	Controle
979	Eucgr.I01331.1	v type proton atpase 16 kda proteolipid subunit like	1546,9	1,21	Controle
980	Eucgr.K01105.1	ketol acid chloroplast	326,06	1,21	Controle
981	Eucgr.B00581.1	heat shock protein	930,83	1,21	Controle
982	Eucgr.K01372.1	adp glucose pyrophosphorylase small subunit	511,18	1,21	Controle
983	Eucgr.J00023.2	heat shock	34979,88	1,20	Controle
984	Eucgr.A02778.2	tripeptidyl peptidase	234,59	1,20	Controle
985	Eucgr.H04787.5	annexin d2 like	7010,79	1,20	Controle
986	Eucgr.A02985.2	atp binding	255	1,20	Controle
987	Eucgr.C01076.3	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein mitochondrial like isoform 1	227,08	1,20	Controle
988	Eucgr.J02478.1	skp1 like protein 1a like	1686,11	1,20	Controle
989	Eucgr.B00511.1	protein	2631,9	1,20	Controle
990	Eucgr.H02854.5	uncharacterized wd repeat containing	363,3	1,20	Controle
991	Eucgr.H00090.2	3 ketoacyl thiolase	1799	1,19	Controle
992	Eucgr.F02482.1	14 3 3 protein	44071,3	1,19	Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
993	Eucgr.H04787.1	annexin d2 like	4669,97	1,19	Controle
994	Eucgr.F02551.1	cytochrome c	5141,03	1,19	Controle
995	Eucgr.F02039.1	protein weak chloroplast movement under blue light 1	206,72	1,19	Controle
996	Eucgr.I02784.1	ras related protein raba2a	1265,44	1,19	Controle
997	Eucgr.F00026.7	acylamino acid releasing enzyme putative Ricinus communis	3281,58	1,19	Controle
998	Eucgr.H01524.1	elongation factor	5282,81	1,17	Controle
999	Eucgr.K02198.2	atp dependent clp protease atp binding subunit clpa homolog chloroplastic like	1217,57	1,17	Controle
1000	Eucgr.G01193.1	xylose isomerase like	764,31	1,17	Controle
1001	Eucgr.H01094.1	sucrose synthase	561,03	1,17	Controle
1002	Eucgr.H02345.1	lysosomal pro x carboxypeptidase	426	1,17	Controle
1003	Eucgr.J00121.1	appr 1 p processing enzyme family protein	2359,96	1,17	Controle
1004	Eucgr.K02606.1	2 cys peroxiredoxin	5236,92	1,16	Controle
1005	Eucgr.H03989.1	pathogenesis related protein sth 2	13408,21	1,16	Controle
1006	Eucgr.J02049.2	triosphosphate isomerase like protein type ii	6642,49	1,16	Controle
1007	Eucgr.G02170.1	major latex	4100,22	1,16	Controle
1008	Eucgr.H04010.1	allergen pru p	15039,15	1,16	Controle
1009	Eucgr.K00647.1	curved dna binding protein	47,78	1,16	Controle
1010	Eucgr.J00965.2	ascorbate peroxidase	15930,33	1,15	Controle
1011	Eucgr.A01538.1	fructose biphosphate aldolase	52146,82	1,15	Controle
1012	Eucgr.J01749.1	pyruvate kinase	1104,61	1,15	Controle
1013	Eucgr.C03305.1	predicted protein Populus trichocarpa	1062,63	1,15	Controle
1014	Eucgr.C03704.2	mitochondrial processing peptidase subunit alpha	7332,73	1,15	Controle
1015	Eucgr.B04032.3	26s protease regulatory subunit	4017,74	1,14	Controle
1016	Eucgr.J00965.1	ascorbate peroxidase	15930,33	1,14	Controle
1017	Eucgr.I02452.1	succinate dehydrogenase	1334,73	1,14	Controle
1018	Eucgr.H01176.2	phi class glutathione s transferase protein	19201,31	1,14	Controle
1019	Eucgr.L01179.3	cbs domain protein	8502,14	1,14	Controle
1020	Eucgr.B02236.5	ran binding protein 1 a	4010,15	1,14	Controle
1021	Eucgr.F01711.1	t complex protein 1 subunit beta like	733,76	1,14	Controle
1022	Eucgr.C02666.1	chaperone protein clpb	84,81	1,14	Controle
1023	Eucgr.I02137.3	40s ribosomal protein sa	6563,79	1,14	Controle
1024	Eucgr.B00144.1	glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase	33550,63	1,13	Controle
1025	Eucgr.E02747.1	14 3 3 like protein d	12615,55	1,13	Controle
1026	Eucgr.D02024.1	heat shock protein sti like	16908,52	1,13	Controle
1027	Eucgr.C02177.2	acetyl co enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	2147,25	1,13	Controle
1028	Eucgr.J00048.6	actin depolymerizing factor 1	4451,27	1,13	Controle
1029	Eucgr.K00785.2	protein usf like	2634,61	1,12	Controle
1030	Eucgr.H02866.1	chaperonin cpn60 like protein	13602,05	1,12	Controle
1031	Eucgr.K02110.2	70 kda peptidyl prolyl isomerase	1114,86	1,12	Controle
1032	Eucgr.C00345.1	leucine aminopeptidase chloroplastic isoform 1	6428,57	1,11	Controle
1033	Eucgr.K02475.1	protein	6187,48	1,11	Controle
1034	Eucgr.E00872.1	udp glucose 4 epimerase	1896,18	1,11	Controle
1035	Eucgr.F03537.1	t complex protein 1 subunit beta	1642,66	1,09	Controle
1036	Eucgr.K02475.2	protein	6187,48	1,09	Controle
1037	Eucgr.F03862.1	phospholipase d	2100,31	1,09	Controle
1038	Eucgr.H04002.1	allergen pru p	24444,94	1,09	Controle
1039	Eucgr.F01229.1	phosphoenolpyruvate carboxylase	678,54	1,09	Controle
1040	Eucgr.G02764.1	dhar class glutathione transferase dhar3	7715,03	1,08	Controle
1041	Eucgr.J00025.2	heat shock cognate 70 kda protein isoform 1	34354,38	1,08	Controle
1042	Eucgr.I01541.1	unknown Populus trichocarpa	1966,13	1,08	Controle
1043	Eucgr.F01476.1	phosphoglycerate kinase	17098,92	1,08	Controle
1044	Eucgr.F02506.1	pyruvate dehydrogenase e1 component subunit mitochondrial like isoform 1	3344,52	1,08	Controle
1045	Eucgr.B02909.1	10 kda chaperonin	6821,73	1,08	Controle
1046	Eucgr.G02764.3	dhar class glutathione transferase dhar3	7417,9	1,07	Controle
1047	Eucgr.F03980.1	heat shock	21394,04	1,06	Controle
1048	Eucgr.J03127.2	heat shock	24717,77	1,06	Controle
1	Eucgr.E00318.1	dynamin related protein 1e isoform 1	152,27	60,95	Tratamento
2	Eucgr.J03067.1	topless related protein 4 isoform 1	168,09	23,57	Tratamento
3	Eucgr.A00805.1	atp binding	45,18	21,76	Tratamento
4	Eucgr.C00956.2	6 phosphofructokinase 3 like	642,97	12,55	Tratamento
5	Eucgr.D02539.1	armadillo beta catenin like repeat containing protein	9,32	11,70	Tratamento
6	Eucgr.H04064.1	flowering time control protein fca like	54,18	11,47	Tratamento
7	Eucgr.H00916.1	atp dependent rna	139,93	9,87	Tratamento
8	Eucgr.I01366.3	pentatricopeptide repeat containing	18,06	6,11	Tratamento
9	Eucgr.I00481.1	cc nbs lrr resistance protein	8,73	5,99	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
10	Eucgr.H04509.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100253849 isoform 1 Vitis vinifera	283,49	5,81	Tratamento
11	Eucgr.H03436.1	atp dependent helicase	37,51	5,81	Tratamento
12	Eucgr.H04244.1	nbs lrr resistance protein	62,52	5,64	Tratamento
13	Eucgr.B01521.1	myosin j heavy chain like	48,71	5,64	Tratamento
14	Eucgr.A02594.1	protein binding	132,51	5,58	Tratamento
15	Eucgr.F01409.1	9 cis epoxycarotenoid dioxygenase 3	139,12	5,42	Tratamento
16	Eucgr.B02001.1	low quality protein amino acid aminotransferase	485,4	5,31	Tratamento
17	Eucgr.E01297.1	nbs lrr resistance protein	18,17	5,21	Tratamento
18	Eucgr.A00869.1	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	865,67	5,16	Tratamento
19	Eucgr.H03379.1	gem like protein 5	324,19	5,05	Tratamento
20	Eucgr.H03981.1	pr 10 type pathogenesis related protein	11560,7	4,95	Tratamento
21	Eucgr.B02594.1	protein transport protein sec24 like at4g32640 like	51,65	4,66	Tratamento
22	Eucgr.G00514.1	cc nbs lrr resistance protein	39,83	4,57	Tratamento
23	Eucgr.H05076.1	cbs domain containing protein cbscbpsb3 like	44,93	4,53	Tratamento
24	Eucgr.I00377.2	formation of crista junctions protein 1 like	190,65	4,44	Tratamento
25	Eucgr.H04171.1	germin like protein subfamily 1 member	7847,4	4,39	Tratamento
26	Eucgr.H01014.3	acylamino acid releasing enzyme	25,1	4,26	Tratamento
27	Eucgr.C02594.2	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase like	277,43	4,18	Tratamento
28	Eucgr.C04138.1	dnaj homolog subfamily c member 13 like	22,4	4,14	Tratamento
29	Eucgr.B03506.1	histidine kinase 3	48,58	4,06	Tratamento
30	Eucgr.H03535.1	lipoxygenase putative Ricinus communis	79,08	4,01	Tratamento
31	Eucgr.H04497.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5	246,39	3,78	Tratamento
32	Eucgr.I01793.1	predicted protein Populus trichocarpa	226,52	3,78	Tratamento
33	Eucgr.H04194.1	germin like protein subfamily 1 member	1551,93	3,78	Tratamento
34	Eucgr.I00206.1	phosphoribosylformylglycinamide synthase	72,18	3,71	Tratamento
35	Eucgr.E03177.1	cc nbs lrr resistance protein	27,49	3,67	Tratamento
36	Eucgr.H04196.1	germin like protein subfamily 1 member	3685,07	3,67	Tratamento
37	Eucgr.K01140.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262654 isoform 1 Vitis vinifera	44,93	3,67	Tratamento
38	Eucgr.E01218.2	acyl binding protein	1230,2	3,63	Tratamento
39	Eucgr.A01533.1	starch branching enzyme	137,22	3,56	Tratamento
40	Eucgr.L02860.1	small heat shock protein kda	35507,91	3,56	Tratamento
41	Eucgr.A01709.2	uncharacterized gpi anchored protein at1g61900 like	20,63	3,49	Tratamento
42	Eucgr.I01368.1	calcium ion binding	300,22	3,46	Tratamento
43	Eucgr.H04195.1	germin like protein subfamily 1 member	4157,57	3,42	Tratamento
44	Eucgr.F00353.1	udp glycosyltransferase 85a3	73,27	3,35	Tratamento
45	Eucgr.J00270.1	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase atpase	154,65	3,32	Tratamento
46	Eucgr.I00322.1	f box kelch repeat protein skip6 like	108,45	3,32	Tratamento
47	Eucgr.H02908.10	unnamed protein product Vitis vinifera	260,94	3,29	Tratamento
48	Eucgr.K03158.3	arginine biosynthesis bifunctional protein	103,58	3,25	Tratamento
49	Eucgr.H02383.1	receptor protein kinase clavata1	22,12	3,19	Tratamento
50	Eucgr.H01779.1	leucine rich repeat containing	210,17	3,16	Tratamento
51	Eucgr.A02297.2	u4 u6 small nuclear ribonucleoprotein prp4 like	222,27	3,10	Tratamento
52	Eucgr.F02016.1	uv induced protein	133,14	3,06	Tratamento
53	Eucgr.K02497.1	heparanase like protein 1 like	179,95	3,00	Tratamento
54	Eucgr.A02874.1	clp protease related protein chloroplastic like	232,15	3,00	Tratamento
55	Eucgr.E00616.1	protein	74,83	2,97	Tratamento
56	Eucgr.C03325.1	xylem serine proteinase 1	174,85	2,94	Tratamento
57	Eucgr.K00581.1	pleiotropic drug resistance protein 3 like	38,86	2,92	Tratamento
58	Eucgr.G00713.1	cc nbs lrr resistance protein	15,15	2,92	Tratamento
59	Eucgr.C03071.1	small heat shock protein kda	33612,63	2,92	Tratamento
60	Eucgr.C02634.1	tir nbs lrr rct1 like resistance protein	82,34	2,89	Tratamento
61	Eucgr.A02391.1	dna binding protein smubp 2 like	235,98	2,86	Tratamento
62	Eucgr.H02751.1	histidine kinase dna gyrase b and hsp90 like atpase family protein	101,63	2,86	Tratamento
63	Eucgr.D01184.2	atp binding	745,33	2,86	Tratamento
64	Eucgr.D01184.1	atp binding	498,83	2,86	Tratamento
65	Eucgr.G00847.1	2 nitropropane dioxygenase like protein	106,01	2,83	Tratamento
66	Eucgr.F01217.2	rna recognition motif containing protein	2989,36	2,83	Tratamento
67	Eucgr.B00415.1	momilactone a synthase	95,81	2,72	Tratamento
68	Eucgr.H03995.1	pathogenesis related protein sth 2	262,78	2,69	Tratamento
69	Eucgr.L02342.1	germin like protein 2 1	291,51	2,66	Tratamento
70	Eucgr.H02246.1	isoflavone 2 hydroxylase like	187,71	2,66	Tratamento
71	Eucgr.H04452.1	glutathione synthetase	622,9	2,64	Tratamento
72	Eucgr.I01522.1	pentatricopeptide repeat containing	40,3	2,64	Tratamento
73	Eucgr.J01075.1	NA	3569,18	2,61	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
74	Eucgr.F01140.1	bed finger nbs lrr resistance protein	80,31	2,59	Tratamento
75	Eucgr.E00360.1	expansin like b1 like	281,09	2,59	Tratamento
76	Eucgr.F00027.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262703 Vitis vinifera	1648,55	2,56	Tratamento
77	Eucgr.H04815.3	myo inositol 1 phosphate synthase	175,84	2,51	Tratamento
78	Eucgr.H03982.1	major allergen pru ar 1	21211,81	2,44	Tratamento
79	Eucgr.B01262.2	acyl carrier protein	2327,15	2,44	Tratamento
80	Eucgr.E01119.3	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	6867,26	2,44	Tratamento
81	Eucgr.F01634.2	filament like plant protein 6 like	42,92	2,41	Tratamento
82	Eucgr.A02291.1	polyadenylate binding protein interacting protein 2	652,44	2,34	Tratamento
83	Eucgr.L03383.1	chloroplast ribose 5 phosphate isomerase	218,67	2,34	Tratamento
84	Eucgr.J003507.2	nuclear transport	1090,95	2,34	Tratamento
85	Eucgr.G02175.3	major latex protein homologue	17010,13	2,32	Tratamento
86	Eucgr.H03385.1	pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta	211,59	2,32	Tratamento
87	Eucgr.H04288.1	nbs lrr resistance protein	23,87	2,29	Tratamento
88	Eucgr.J00493.1	ferredoxin chloroplast	693,44	2,27	Tratamento
89	Eucgr.H01772.1	leucine rich repeat containing	38,59	2,27	Tratamento
90	Eucgr.H01427.1	tmv resistance protein n like	94,93	2,25	Tratamento
91	Eucgr.K00241.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254986 Vitis vinifera	912,81	2,25	Tratamento
92	Eucgr.D02512.1	structural constituent of nuclear	117,8	2,23	Tratamento
93	Eucgr.E00323.1	regulator of nonsense transcripts like protein	62,23	2,20	Tratamento
94	Eucgr.F01909.2	cop9 complex	64,59	2,20	Tratamento
95	Eucgr.I01889.1	multidrug pheromone mdr abc transporter family	39,18	2,20	Tratamento
96	Eucgr.C02313.1	pseudouridine 5 monophosphatase like	1466,06	2,18	Tratamento
97	Eucgr.B02251.1	pyridoxine biosynthesis protein	287,02	2,16	Tratamento
98	Eucgr.H02589.1	probable nucleoredoxin 1 like	558,85	2,16	Tratamento
99	Eucgr.F04219.2	NA	9420,37	2,16	Tratamento
100	Eucgr.B03069.1	esterase lipase domain containing protein	148,49	2,14	Tratamento
101	Eucgr.H04018.2	major pollen allergen car b 1	613,24	2,14	Tratamento
102	Eucgr.C01159.1	nhp2 like protein 1 like	608,43	2,10	Tratamento
103	Eucgr.I01237.2	non symbiotic hemoglobin class 1	804,3	2,10	Tratamento
104	Eucgr.I01237.1	non symbiotic hemoglobin class 1	1178,08	2,10	Tratamento
105	Eucgr.B01011.2	mtnd2 vitvi ame full dihydroxy 3 keto 5 methylthiopentene dioxygenase 2 ame full	497,98	2,08	Tratamento
106	Eucgr.J02234.1	unnamed protein product Vitis vinifera	53,38	2,08	Tratamento
107	Eucgr.E00579.1	glutathione peroxidase	1050,62	2,05	Tratamento
108	Eucgr.L01848.2	hydroxyacylglutathione hydrolase mitochondrial like	1131,22	2,05	Tratamento
109	Eucgr.J01000.2	copper chaperone	3645,71	2,01	Tratamento
110	Eucgr.J01084.1	phosphoglucosamine mutase	395,97	2,01	Tratamento
111	Eucgr.B03803.1	NA	296,89	2,01	Tratamento
112	Eucgr.F00763.1	constitutive plastid lipid associated protein	1277,48	1,99	Tratamento
113	Eucgr.J00982.1	amino acid binding	114,33	1,97	Tratamento
114	Eucgr.D01056.1	germin like protein subfamily 1 member	2431,24	1,97	Tratamento
115	Eucgr.D00719.1	vacuolar protein 8 like	111,8	1,97	Tratamento
116	Eucgr.B02212.2	probable protein pop3	447,26	1,95	Tratamento
117	Eucgr.B04013.1	protein chloroplastic like	92,77	1,95	Tratamento
118	Eucgr.I01801.8	quinone oxidoreductase	1558,73	1,95	Tratamento
119	Eucgr.H04545.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100805572 isoform 1 Glycine max	1057,08	1,93	Tratamento
120	Eucgr.A00188.1	major allergen pru ar 1	80971,47	1,93	Tratamento
121	Eucgr.B00571.1	unnamed protein product Vitis vinifera	342,19	1,93	Tratamento
122	Eucgr.C04268.1	tir nbs lrr resistance protein	40,44	1,90	Tratamento
123	Eucgr.I00597.1	oligopeptidase a	153,99	1,88	Tratamento
124	Eucgr.I00697.2	nadh ubiquinone oxidoreductase 18 kda mitochondrial	950,66	1,88	Tratamento
125	Eucgr.J00852.2	dre2 ricco ame full anamorsin homolog ame full fe s cluster assembly protein dre2 h	188,53	1,86	Tratamento
126	Eucgr.F01173.1	hypothetical protein SORBIDRAFT 03g000440 Sorghum bicolor	2327,68	1,86	Tratamento
127	Eucgr.H02865.1	nadh dehydrogenase	1933,91	1,86	Tratamento
128	Eucgr.I01241.1	4 hydroxy 3 methylbut 2 enyl diphosphate	221,85	1,84	Tratamento
129	Eucgr.F04345.2	protein disulfide	5964,98	1,84	Tratamento
130	Eucgr.B02212.4	probable protein pop3	2212,99	1,84	Tratamento
131	Eucgr.I01751.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	35,23	1,82	Tratamento
132	Eucgr.F04330.1	dpp6 n terminal domain like protein	258,52	1,82	Tratamento
133	Eucgr.A02895.1	condensin complex components subunit	38,39	1,82	Tratamento
134	Eucgr.A02717.1	nadh dehydrogenase 1 alpha subcomplex 5	6462,74	1,80	Tratamento
135	Eucgr.H01394.2	translation initiation	501,88	1,80	Tratamento
136	Eucgr.D02327.1	desiccation protectant protein lea14 homolog	202,87	1,79	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
137	Eucgr.C00743.1	pentatricopeptide repeat containing	84,99	1,77	Tratamento
138	Eucgr.G02837.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100241624 Vitis vinifera	375,61	1,77	Tratamento
139	Eucgr.J00164.2	biotin carboxyl carrier protein of acetyl	578,52	1,77	Tratamento
140	Eucgr.J00085.3	protein	3006,11	1,77	Tratamento
141	Eucgr.F00742.1	imidazole glycerol phosphate synthase chloroplastic	520,4	1,75	Tratamento
142	Eucgr.C00660.1	atp dependent zinc metalloprotease ftsh mitochondrial like	52,54	1,73	Tratamento
143	Eucgr.C02498.1	predicted protein Populus trichocarpa	392,24	1,73	Tratamento
144	Eucgr.B01017.3	mtnd2 vitvi ame full dihydroxy 3 keto 5 methylthiopentene dioxygenase 2 ame full	2301,42	1,73	Tratamento
145	Eucgr.G00557.1	serine threonine protein kinase	434,4	1,73	Tratamento
146	Eucgr.E00244.3	nucleic acid binding	1931,88	1,72	Tratamento
147	Eucgr.H03983.1	pathogenesis related protein sth 2	64926,68	1,72	Tratamento
148	Eucgr.B01154.1	endo beta d	782,56	1,70	Tratamento
149	Eucgr.J02596.2	proteasome subunit alpha type 5	7413,63	1,70	Tratamento
150	Eucgr.G02443.1	ras gtpase activating protein sh3 domain binding protein	1757,94	1,70	Tratamento
151	Eucgr.H04201.1	germin like protein 2 1 like	478,23	1,70	Tratamento
152	Eucgr.J01595.2	dehydroascorbate reductase	315,73	1,68	Tratamento
153	Eucgr.H03140.2	elongation factor beta 1	3710,76	1,67	Tratamento
154	Eucgr.H00245.2	late embryogenesis abundant protein lea14	3550,46	1,67	Tratamento
155	Eucgr.K00110.10	iron superoxide dismutase	1001,97	1,67	Tratamento
156	Eucgr.I00408.1	aluminum activated malate transporter 4	118,08	1,65	Tratamento
157	Eucgr.F02715.2	transcription factor vip1 like	446,13	1,65	Tratamento
158	Eucgr.C03295.1	20 kda chloroplastic	8812,17	1,65	Tratamento
159	Eucgr.A00868.3	pmgi mescr ame full bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase short	12263,9	1,65	Tratamento
160	Eucgr.J00657.2	elongation factor 1	7290,13	1,65	Tratamento
161	Eucgr.F01647.1	plastidic hexokinase	209,47	1,63	Tratamento
162	Eucgr.D01798.1	reticulon like protein b2 like isoform 1	750,43	1,63	Tratamento
163	Eucgr.K03531.2	protein disulfide	9399,8	1,63	Tratamento
164	Eucgr.H04324.1	probable prefoldin subunit 4	4508,46	1,63	Tratamento
165	Eucgr.J00854.6	probable splicing factor 3a subunit 1 like	438,39	1,63	Tratamento
166	Eucgr.H04794.1	peroxisomal abc	30,01	1,63	Tratamento
167	Eucgr.L02818.1	germin like protein subfamily 1 member	8195,18	1,62	Tratamento
168	Eucgr.J00434.1	PREDICTED uncharacterized protein At5g22580 Vitis vinifera	540,13	1,62	Tratamento
169	Eucgr.D00295.1	calcyclin binding protein	634,4	1,62	Tratamento
170	Eucgr.F04198.1	peroxidase 12 like	5443,38	1,62	Tratamento
171	Eucgr.H03463.1	probable prefoldin subunit 2 like isoform 2	536,12	1,62	Tratamento
172	Eucgr.G02172.1	major latex	8168,34	1,62	Tratamento
173	Eucgr.H04047.1	huntingtin interacting protein k like	3396,5	1,62	Tratamento
174	Eucgr.D00728.1	leucine rich repeat containing	54,93	1,60	Tratamento
175	Eucgr.I00549.1	leucine rich repeat containing	25,7	1,60	Tratamento
176	Eucgr.F01136.1	bed finger nbs lrr resistance protein	86,77	1,60	Tratamento
177	Eucgr.K03531.3	protein disulfide	9276,92	1,60	Tratamento
178	Eucgr.H02590.1	probable nucleoredoxin 1 like	3446,56	1,60	Tratamento
179	Eucgr.J01374.1	alpha glucan phosphorylase I chloroplastic amyloplastic like	26,09	1,60	Tratamento
180	Eucgr.I00514.1	swi snf complex component snf12 homolog	125,95	1,60	Tratamento
181	Eucgr.L03176.1	constitutive plastid lipid associated protein	704,24	1,60	Tratamento
182	Eucgr.H00789.1	small ubiquitin related modifier 2	977,86	1,60	Tratamento
183	Eucgr.K02668.1	ubiquitin conjugating enzyme e2	450,7	1,58	Tratamento
184	Eucgr.I02668.1	at5g64160 mhj24 14	882,58	1,58	Tratamento
185	Eucgr.K01314.3	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	2846,27	1,58	Tratamento
186	Eucgr.H00059.1	cytochrome b5	1529,98	1,58	Tratamento
187	Eucgr.H04013.2	mal d	186	1,58	Tratamento
188	Eucgr.E00244.4	nucleic acid binding	1763,76	1,58	Tratamento
189	Eucgr.E00119.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100256823 Vitis vinifera	519,67	1,58	Tratamento
190	Eucgr.I01404.2	senescence related protein	262,94	1,57	Tratamento
191	Eucgr.I01764.1	glutaredoxin like protein	25578,86	1,57	Tratamento
192	Eucgr.J01192.1	anx4 fraan ame full annexin like protein rj4	587,12	1,57	Tratamento
193	Eucgr.G02804.1	atp synthase d	8746,82	1,57	Tratamento
194	Eucgr.H04731.1	nonspecific lipid transfer protein	9967,08	1,57	Tratamento
195	Eucgr.H04426.3	copper zinc superoxide dismutase	7995,26	1,55	Tratamento
196	Eucgr.F03386.1	gh3 family protein	126,06	1,55	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
197	Eucgr.L00722.1	glutamate gated kainate type ion channel receptor subunit 5	78,56	1,54	Tratamento
198	Eucgr.J01000.1	copper chaperone	6093,67	1,54	Tratamento
199	Eucgr.B00593.1	unnamed protein product Vitis vinifera	430,32	1,54	Tratamento
200	Eucgr.C03783.1	gamyb binding protein	57,78	1,54	Tratamento
201	Eucgr.G01646.2	chaperone protein	474,65	1,54	Tratamento
202	Eucgr.I02797.3	survival of motor neuron related splicing factor 30 like	422,9	1,52	Tratamento
203	Eucgr.L00026.1	mitogen activated protein kinase	656,09	1,52	Tratamento
204	Eucgr.A02072.2	hydroxyproline rich glycoprotein family protein	3102,68	1,52	Tratamento
205	Eucgr.H02592.1	probable nucleoredoxin 1 like	3036,75	1,52	Tratamento
206	Eucgr.K02308.1	uncharacterized protein LOC100499834 Glycine max	8486,38	1,52	Tratamento
207	Eucgr.L00066.1	cc nbs lrr resistance protein	78,33	1,52	Tratamento
208	Eucgr.C01425.1	biotin carboxyl carrier protein 1 2	481,94	1,52	Tratamento
209	Eucgr.A02848.1	PREDICTED putative fructokinase 5 like Glycine max	1047,86	1,52	Tratamento
210	Eucgr.G03192.1	nascent polypeptide associated complex alpha chain	2011,31	1,52	Tratamento
211	Eucgr.C03295.3	20 kda chloroplastic	8189,78	1,51	Tratamento
212	Eucgr.C03295.2	20 kda chloroplastic	14002,3	1,51	Tratamento
213	Eucgr.E00375.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase isozyme l3	402,56	1,51	Tratamento
214	Eucgr.H00726.1	early tobacco anther	3329,48	1,51	Tratamento
215	Eucgr.I00224.2	alcohol dehydrogenase 1	2834,95	1,51	Tratamento
216	Eucgr.F03879.1	pre mrna processing splicing factor 8 like	27,78	1,49	Tratamento
217	Eucgr.J02408.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase pin1 like	1870,08	1,49	Tratamento
218	Eucgr.F02160.2	e3 ubiquitin protein ligase upl2 like	34,31	1,49	Tratamento
219	Eucgr.C03791.2	probable lactoylglutathione chloroplast like	515,4	1,49	Tratamento
220	Eucgr.D01220.2	nucleoside diphosphate kinase	9539,96	1,49	Tratamento
221	Eucgr.F03462.2	rna binding post transcriptional regulator csx1 like	964,41	1,49	Tratamento
222	Eucgr.F03503.2	molecular chaperone	880,08	1,49	Tratamento
223	Eucgr.B02212.5	probable protein pop3	2255,22	1,48	Tratamento
224	Eucgr.G02996.1	daz associated protein 1 like	1073,12	1,48	Tratamento
225	Eucgr.F02897.3	eukaryotic translation initiation factor 3	896,76	1,48	Tratamento
226	Eucgr.I01148.1	ferredoxin nitrite chloroplast	138,63	1,48	Tratamento
227	Eucgr.F02835.1	fructokinase 3	622,5	1,48	Tratamento
228	Eucgr.B01563.1	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	122,71	1,46	Tratamento
229	Eucgr.E00656.1	monodehydroascorbate reductase	802,03	1,46	Tratamento
230	Eucgr.B02495.1	4 hydroxy 3 methylbut 2 en 1 yl diphosphate synthase	250,26	1,46	Tratamento
231	Eucgr.H04003.1	allergen pru p	10568,11	1,46	Tratamento
232	Eucgr.H04624.1	nuclear transport	2801,39	1,46	Tratamento
233	Eucgr.K03339.1	centromere protein	45,09	1,46	Tratamento
234	Eucgr.C00062.2	proteasomal ubiquitin receptor adrm1	99,69	1,45	Tratamento
235	Eucgr.A02547.1	sucrose 6 phosphate phosphatase	101,81	1,45	Tratamento
236	Eucgr.D00629.1	glutaredoxin s17	1082,56	1,45	Tratamento
237	Eucgr.D01990.1	ef hand family protein	34242,98	1,45	Tratamento
238	Eucgr.F02610.1	subtilisin like protease isoform 1	1831,67	1,45	Tratamento
239	Eucgr.F01217.3	rna recognition motif containing protein	2099,64	1,45	Tratamento
240	Eucgr.D01688.1	dihydroxyhept 2 ene dioic acid	513,15	1,45	Tratamento
241	Eucgr.B03178.1	hap3 like protein	3425,71	1,45	Tratamento
242	Eucgr.J02206.4	PREDICTED uncharacterized protein At4g28440 Vitis vinifera	347,39	1,43	Tratamento
243	Eucgr.A01535.2	uncharacterized protein LOC100499923 Glycine max	269,87	1,43	Tratamento
244	Eucgr.I01760.1	glrx solc ame full glutaredoxin	11380,71	1,43	Tratamento
245	Eucgr.A01425.1	probable 6 phosphogluconolactonase chloroplastic	669,85	1,43	Tratamento
246	Eucgr.E01119.4	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	7474,76	1,43	Tratamento
247	Eucgr.A02930.1	nucleoside diphosphate kinase 1	3048,62	1,43	Tratamento
248	Eucgr.J00854.3	probable splicing factor 3a subunit 1 like	775,08	1,43	Tratamento
249	Eucgr.D00729.1	tir nbs lrr resistance protein	123,71	1,42	Tratamento
250	Eucgr.K03315.2	nadh dehydrogenase flavoprotein 2	868,66	1,42	Tratamento
251	Eucgr.C03666.1	xaa pro dipeptidase	251,99	1,42	Tratamento
252	Eucgr.I00224.6	alcohol dehydrogenase 1	4279,04	1,42	Tratamento
253	Eucgr.G02697.2	iron sulfur cluster assembly protein nfu4	333,52	1,40	Tratamento
254	Eucgr.D01856.2	glutathione peroxidase	2244,89	1,40	Tratamento
255	Eucgr.H04340.2	calcium ion binding	783,17	1,40	Tratamento
256	Eucgr.A00781.3	40s ribosomal protein s12	14945,31	1,40	Tratamento
257	Eucgr.D01888.1	pathogenesis related partial	1180,13	1,39	Tratamento
258	Eucgr.A00868.1	pmgi mescr ame full bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase short	12978,02	1,39	Tratamento
259	Eucgr.H04426.2	copper zinc superoxide dismutase	7995,26	1,39	Tratamento
260	Eucgr.F02310.2	cysteine proteinase rd21a like	2160,92	1,38	Tratamento
261	Eucgr.E02058.2	hypothetical protein MPER 06206 Moniliophthora perniciosa FA553	53736,19	1,38	Tratamento
262	Eucgr.B01698.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit f	539,95	1,38	Tratamento
263	Eucgr.A01460.1	nuclear movement protein	1679,16	1,38	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
264	Eucgr.G02176.1	major latex	11461,6	1,38	Tratamento
265	Eucgr.G01121.1	soluble inorganic pyrophosphatase	228,62	1,38	Tratamento
266	Eucgr.I02771.1	heat shock	2128,61	1,36	Tratamento
267	Eucgr.H03154.2	n carbamoyl l amino acid hydrolase like	355,17	1,36	Tratamento
268	Eucgr.F03462.1	rna binding post transcriptional regulator csx1 like	2327,41	1,36	Tratamento
269	Eucgr.E03981.1	plastid lipid associated chloroplast	572,31	1,36	Tratamento
270	Eucgr.K03243.1	v type proton atpase subunit g	4051,5	1,35	Tratamento
271	Eucgr.F04344.2	l ascorbate peroxidase chloroplastic like isoform 2	2202,69	1,35	Tratamento
272	Eucgr.G02175.2	major latex	17733,23	1,35	Tratamento
273	Eucgr.J00588.1	strictosidine synthase like 3	635,82	1,35	Tratamento
274	Eucgr.A01783.2	isopentenyl diphosphate isomerase	4686,02	1,35	Tratamento
275	Eucgr.A02756.1	unknown Medicago truncatula	587,82	1,35	Tratamento
276	Eucgr.C02309.1	pseudouridine 5 monophosphatase like	467,99	1,34	Tratamento
277	Eucgr.H02593.1	probable nucleoredoxin 1 like	1929,12	1,34	Tratamento
278	Eucgr.J02954.1	peroxyureidoacrylate ureidoacrylate amidohydrolase like	1068,13	1,34	Tratamento
279	Eucgr.L01961.1	tumor related protein	425,31	1,34	Tratamento
280	Eucgr.E00458.1	beta ketoacyl acyl carrier protein synthase iii	702,45	1,34	Tratamento
281	Eucgr.I02029.1	rna binding protein precursor	669,51	1,34	Tratamento
282	Eucgr.H03610.1	endo beta d	1683,18	1,34	Tratamento
283	Eucgr.F01221.5	dj 1 family protein	2795,95	1,34	Tratamento
284	Eucgr.K02198.3	atp dependent clp protease atp binding subunit	1042,29	1,34	Tratamento
285	Eucgr.I00697.1	nadh dehydrogenase	2497,94	1,34	Tratamento
286	Eucgr.J02596.1	proteasome subunit alpha type 5	4975,04	1,32	Tratamento
287	Eucgr.G02177.1	major latex	24876,38	1,32	Tratamento
288	Eucgr.A01161.1	ubiquitin 2	21279,71	1,32	Tratamento
289	Eucgr.F03224.1	pfbk type carbohydrate kinase family protein	390,04	1,31	Tratamento
290	Eucgr.D02118.1	predicted protein Populus trichocarpa	1622,87	1,31	Tratamento
291	Eucgr.B02496.1	protein disulfide	291,52	1,31	Tratamento
292	Eucgr.A00348.1	lipoamide dehydrogenase 1	182,45	1,31	Tratamento
293	Eucgr.F00243.1	predicted protein Populus trichocarpa	21558,75	1,31	Tratamento
294	Eucgr.H01461.1	pdf1 interacting protein partial	228,74	1,31	Tratamento
295	Eucgr.C00395.1	glycosyl hydrolase family protein with chitinase insertion domain	613,93	1,31	Tratamento
296	Eucgr.C03961.1	nls tir nbs lrr resistance protein	11,45	1,30	Tratamento
297	Eucgr.B00605.2	rna binding	1571,23	1,30	Tratamento
298	Eucgr.J01957.1	kda class i heat shock protein	7018,72	1,30	Tratamento
299	Eucgr.J00864.1	succinyl ligase	769,15	1,30	Tratamento
300	Eucgr.B03754.1	10 kda chaperonin	12774,3	1,30	Tratamento
301	Eucgr.K03402.1	endo beta d	145,62	1,28	Tratamento
302	Eucgr.J00624.1	serrate rna effector molecule like	361,8	1,28	Tratamento
303	Eucgr.F01247.1	pathogen related protein	1443,61	1,28	Tratamento
304	Eucgr.I02010.2	vesicle transport v snare protein	579,54	1,28	Tratamento
305	Eucgr.F02978.1	cytochrome c 2	839,1	1,28	Tratamento
306	Eucgr.A00781.2	40s ribosomal protein s12 like isoform 2	15826,51	1,28	Tratamento
307	Eucgr.K02596.1	iaa amino acid hydrolase	963,71	1,27	Tratamento
308	Eucgr.G02990.2	delta 1 pyrroline 5 carboxylate synthetase	851,32	1,27	Tratamento
309	Eucgr.B00131.2	adenylate kinase b	7433,98	1,27	Tratamento
310	Eucgr.F03134.1	chaperonin cpn60 like protein	296,91	1,27	Tratamento
311	Eucgr.B00605.3	rna binding	1571,23	1,27	Tratamento
312	Eucgr.D02118.3	unknown Populus trichocarpa	2518,41	1,27	Tratamento
313	Eucgr.E01702.1	atp4 ipoba ame full atp synthase subunit delta mitochondrial ame full f atpase delt	2000,04	1,27	Tratamento
314	Eucgr.C03812.2	thioredoxin dependent peroxidase	20600,01	1,27	Tratamento
315	Eucgr.I00224.3	alcohol dehydrogenase 1	6570,89	1,27	Tratamento
316	Eucgr.A00781.1	40s ribosomal protein s12 like isoform 2	17133,48	1,27	Tratamento
317	Eucgr.C03067.1	puromycin sensitive aminopeptidase like	76,8	1,26	Tratamento
318	Eucgr.A01109.2	aspartic proteinase	571,36	1,26	Tratamento
319	Eucgr.G00235.1	heat shock	1670,9	1,26	Tratamento
320	Eucgr.F02897.2	eukaryotic translation initiation factor 3	2176,43	1,26	Tratamento
321	Eucgr.H03559.1	leucine rich repeat containing	301,96	1,26	Tratamento
322	Eucgr.H03154.1	ureidoglycolate amidohydrolase	1050,33	1,26	Tratamento
323	Eucgr.L02071.1	major latex	18443,23	1,26	Tratamento
324	Eucgr.G02987.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit g b	2846,02	1,26	Tratamento
325	Eucgr.I00628.1	phosphoenolpyruvate carboxykinase	120,27	1,26	Tratamento
326	Eucgr.G02983.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit g b	2338,16	1,26	Tratamento
327	Eucgr.A02767.1	phosphoribosylformylglycinamide cyclo chloroplastic mitochondrial	292,3	1,25	Tratamento
328	Eucgr.H00136.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein	460,87	1,25	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
329	Eucgr.K03460.2	c 1 tetrahydrofolate cytoplasmic	787,84	1,25	Tratamento
330	Eucgr.I00879.1	germination specific cysteine protease 1 like isoform 1	1408,6	1,25	Tratamento
331	Eucgr.H04248.1	nbs lrr resistance protein	91,06	1,25	Tratamento
332	Eucgr.B01760.1	copper zinc superoxide dismutase	1628,72	1,25	Tratamento
333	Eucgr.K00011.1	probable 6 phosphogluconolactonase chloroplastic like	374,15	1,23	Tratamento
334	Eucgr.K01638.1	tubulin specific chaperone	324,96	1,23	Tratamento
335	Eucgr.I00224.1	alcohol dehydrogenase 1	6091,37	1,23	Tratamento
336	Eucgr.I00377.1	formation of crista junctions protein 1 like	232,67	1,23	Tratamento
337	Eucgr.F01247.2	pathogen related protein	1608,99	1,23	Tratamento
338	Eucgr.A00159.1	major allergen pru ar 1	98363,49	1,23	Tratamento
339	Eucgr.D01220.1	nucleoside diphosphate kinase	15842,81	1,23	Tratamento
340	Eucgr.C03020.1	upstream element binding protein	3987,03	1,23	Tratamento
341	Eucgr.H00245.3	desiccation related protein at2g46140 like	3214,7	1,23	Tratamento
342	Eucgr.H00245.1	late embryogenesis abundant protein lea14	12027,71	1,23	Tratamento
343	Eucgr.G02165.1	arf gtpase	1114,51	1,23	Tratamento
344	Eucgr.A01642.1	bifunctional monodehydroascorbate reductase and carbonic anhydrase nectarin 3 like	717,27	1,22	Tratamento
345	Eucgr.H04490.2	mannosylglycoprotein endo beta mannosidase like	457,34	1,22	Tratamento
346	Eucgr.A02888.1	beta soluble isoenzyme i	255,43	1,22	Tratamento
347	Eucgr.J00674.3	uncharacterized protein LOC100527727 Glycine max	421,09	1,22	Tratamento
348	Eucgr.H04490.1	mannosylglycoprotein endo beta mannosidase like	300,3	1,22	Tratamento
349	Eucgr.F01222.2	dj 1 family protein	1922,8	1,22	Tratamento
350	Eucgr.E00805.5	24 kda seed maturation protein	939,45	1,22	Tratamento
351	Eucgr.L01770.1	luminal binding protein	8291,29	1,22	Tratamento
352	Eucgr.E00535.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100251323 Vitis vinifera	150,12	1,22	Tratamento
353	Eucgr.K03281.1	40s ribosomal protein s20 2 like	5291,78	1,22	Tratamento
354	Eucgr.I02580.1	atp binding	2207,11	1,22	Tratamento
355	Eucgr.G01858.4	pdf1 interacting protein partial	640,35	1,21	Tratamento
356	Eucgr.E00620.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	1722,81	1,21	Tratamento
357	Eucgr.G02443.2	ras gtpase activating protein sh3 domain binding protein	807,12	1,21	Tratamento
358	Eucgr.D01779.1	6 phosphogluconate dehydrogenase	667,22	1,21	Tratamento
359	Eucgr.L01202.1	dimethyl 8 ribityllumazine chloroplastic like	1453,21	1,20	Tratamento
360	Eucgr.E02375.1	programmed cell death protein 5 like	1215,37	1,20	Tratamento
361	Eucgr.H03140.1	elongation factor beta 1	6832,42	1,20	Tratamento
362	Eucgr.I01600.1	lysosomal alpha mannosidase	1235,05	1,20	Tratamento
363	Eucgr.L02980.1	heat shock	505,53	1,19	Tratamento
364	Eucgr.B03570.2	calnexin precursor	496,66	1,19	Tratamento
365	Eucgr.G02430.1	peptidyl prolyl cis trans isomerase e	748,96	1,19	Tratamento
366	Eucgr.I00245.1	like protein	1006,38	1,19	Tratamento
367	Eucgr.J02556.2	translation initiation	6297,64	1,17	Tratamento
368	Eucgr.E01663.3	eukaryotic translation initiation factor	57,71	1,17	Tratamento
369	Eucgr.G01359.1	14 3 3f protein	16485,67	1,17	Tratamento
370	Eucgr.G01931.1	lysosomal alpha	215,13	1,17	Tratamento
371	Eucgr.K03531.1	protein disulfide	9723,48	1,17	Tratamento
372	Eucgr.C00165.2	porin voltage dependent anion selective channel protein	641,86	1,17	Tratamento
373	Eucgr.G01359.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	2595,14	1,17	Tratamento
374	Eucgr.J00657.1	elongation factor 1 delta like	8385,2	1,17	Tratamento
375	Eucgr.D02015.3	hsp70 interacting protein 1	8895,05	1,17	Tratamento
376	Eucgr.A00102.1	transcription factor	420,39	1,16	Tratamento
377	Eucgr.E02058.1	hypothetical protein MPER_06206 Moniliophthora perniciosa FA553	52695	1,16	Tratamento
378	Eucgr.H00972.1	endoplasmic homolog	237,28	1,16	Tratamento
379	Eucgr.F02260.3	adenine phosphoribosyltransferase 1	1833,15	1,15	Tratamento
380	Eucgr.B02916.1	major latex	4193,25	1,15	Tratamento
381	Eucgr.E02361.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	329,19	1,15	Tratamento
382	Eucgr.D01682.1	unknown Populus trichocarpa	1559,66	1,15	Tratamento
383	Eucgr.H04950.1	alcohol dehydrogenase	6300,52	1,15	Tratamento
384	Eucgr.C01584.1	lupus la	497	1,15	Tratamento
385	Eucgr.B02456.1	cytosolic ascorbate peroxidase	78630,28	1,15	Tratamento
386	Eucgr.D02002.1	d 3 phosphoglycerate chloroplastic like	1644	1,15	Tratamento
387	Eucgr.A02974.1	nucleic acid binding	1664,52	1,15	Tratamento
388	Eucgr.F01604.3	thioredoxin h	5655,62	1,14	Tratamento
389	Eucgr.B02532.2	ru large subunit binding protein subunit chloroplastic like	2234,01	1,14	Tratamento
390	Eucgr.A00378.1	60s acidic ribosomal protein	21448,85	1,14	Tratamento
391	Eucgr.H04536.1	translationally controlled tumor protein	6055,33	1,14	Tratamento
392	Eucgr.G02990.1	delta 1 pyrroline 5 carboxylate synthetase	434,43	1,14	Tratamento
393	Eucgr.A01200.1	glutathione s transferase omega	636,04	1,13	Tratamento
394	Eucgr.F02124.1	gem like protein 1 like	1737,84	1,13	Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
395	Eucgr.B02456.2	cytosolic ascorbate peroxidase	72080,09	1,13	Tratamento
396	Eucgr.G02332.1	dihydrolipoyllysine residue acetyltransferase component of pyruvate	367,28	1,12	Tratamento
397	Eucgr.J00176.1	fri2 tobac ame full ferritin chloroplastic ame full er2 flags precursor	1891,18	1,12	Tratamento
398	Eucgr.A02971.1	tom1 like protein 2	964,09	1,12	Tratamento
399	Eucgr.J00687.1	upf0176 protein pput 3956	1081,65	1,11	Tratamento
400	Eucgr.A02971.2	tom1 like protein 2	964,09	1,11	Tratamento
401	Eucgr.B01112.1	type iif peroxiredoxin	841,24	1,11	Tratamento
402	Eucgr.I00225.1	zinc finger ccch domain containing protein 38 like	61,1	1,11	Tratamento
403	Eucgr.I01516.2	pdf1 interacting protein partial	473,62	1,11	Tratamento
404	Eucgr.L01440.1	poly binding	2455,78	1,11	Tratamento
405	Eucgr.J01477.1	14 3 3 family protein	43719,15	1,11	Tratamento
406	Eucgr.H03928.1	translationally controlled tumor	19210,33	1,09	Tratamento
407	Eucgr.D02467.1	transketolase putative Ricinus communis	1970,31	1,09	Tratamento
408	Eucgr.E03349.1	clathrin light chain 1 like	1000,85	1,08	Tratamento
409	Eucgr.G02684.1	ubiquitin conjugating family protein	5106,44	1,08	Tratamento
410	Eucgr.F01770.1	starch branching enzyme	970,72	1,08	Tratamento
411	Eucgr.H00143.2	succinyl ligase	6183,98	1,08	Tratamento
412	Eucgr.D02118.2	predicted protein Populus trichocarpa	2432,81	1,07	Tratamento
413	Eucgr.H04314.1	poly binding	2789,94	1,07	Tratamento
414	Eucgr.F04120.1	proteasome subunit alpha type 2 a like	3171,21	1,07	Tratamento
415	Eucgr.H00143.1	succinyl ligase	7501,26	1,06	Tratamento
416	Eucgr.D02024.2	heat shock protein 70 interacting	16365,34	1,06	Tratamento
417	Eucgr.K02521.1	heat shock protein	3380,85	1,05	Tratamento
418	Eucgr.I02583.1	heat shock	1715,04	1,05	Tratamento
1	Eucgr.F02790.1	lish domain and heat repeat containing protein k1aa1468 homolog	21,36	-	Exclusivo Controle
2	Eucgr.A00175.1	major allergen pru	643,81	-	Exclusivo Controle
3	Eucgr.L02749.1	small nuclear ribonucleoprotein e	2358,38	-	Exclusivo Controle
4	Eucgr.D01734.5	long chain acyl synthetase 4	383,65	-	Exclusivo Controle
5	Eucgr.I01821.1	aldehyde dehydrogenase 1 precursor	409,27	-	Exclusivo Controle
6	Eucgr.K02726.1	ubiquitin like modifier activating enzyme	285,62	-	Exclusivo Controle
7	Eucgr.E04281.1	epsin n terminal homology domain containing protein	178,9	-	Exclusivo Controle
8	Eucgr.A01202.1	glutathione s transferase omega	307,54	-	Exclusivo Controle
9	Eucgr.A01126.1	aconitate hydratase 3	4009,65	-	Exclusivo Controle
10	Eucgr.F03589.2	xylem cysteine proteinase 2 like	579,19	-	Exclusivo Controle
11	Eucgr.A00509.1	clathrin light chain 2 like	944,65	-	Exclusivo Controle
12	Eucgr.J02582.1	protein strubbelig receptor family	144,9	-	Exclusivo Controle
13	Eucgr.K02606.2	2 cys peroxiredoxin	3822,86	-	Exclusivo Controle
14	Eucgr.L03148.1	auxin induced protein pcut115 isoform 1	3225,65	-	Exclusivo Controle
15	Eucgr.I00123.2	farnesylcysteine lyase like	216,48	-	Exclusivo Controle
16	Eucgr.A02970.1	atpase family aaa domain containing protein 3 b like	111,69	-	Exclusivo Controle
17	Eucgr.I00047.2	protease do like mitochondrial like	151,3	-	Exclusivo Controle
18	Eucgr.E02397.1	prefoldin subunit	332,86	-	Exclusivo Controle
19	Eucgr.K02508.1	40s ribosomal protein s19	5453,39	-	Exclusivo Controle
20	Eucgr.B00852.4	eukaryotic peptide chain release factor gtp binding	404,76	-	Exclusivo Controle
21	Eucgr.H01428.2	methylcrotonoyl carboxylase subunit mitochondrial like	149,81	-	Exclusivo Controle
22	Eucgr.H01428.1	methylcrotonoyl carboxylase subunit mitochondrial like	135,87	-	Exclusivo Controle
23	Eucgr.H02908.9	unnamed protein product Vitis vinifera	302,02	-	Exclusivo Controle
24	Eucgr.L00874.1	small rna 2 o methyltransferase like	133,93	-	Exclusivo Controle
25	Eucgr.D00347.1	at4g18060 f15j5 30	387,99	-	Exclusivo Controle
26	Eucgr.F00764.5	ubiquitin thioesterase otu1	532,9	-	Exclusivo Controle
27	Eucgr.I02024.1	40s ribosomal protein	4713,79	-	Exclusivo Controle
28	Eucgr.F02785.1	receptor like protein 12 like	50,24	-	Exclusivo Controle
29	Eucgr.F04451.1	dna directed rna polymerase i iii	330,15	-	Exclusivo Controle
30	Eucgr.H04377.2	peptide n n acetyl beta glucosaminyl asparagine amidase	171,53	-	Exclusivo Controle
31	Eucgr.D01351.1	aspartic proteinase	175,05	-	Exclusivo Controle
32	Eucgr.C03295.5	20 kda chloroplastic	1738,25	-	Exclusivo Controle
33	Eucgr.K01294.2	thioredoxin h	1006,19	-	Exclusivo Controle
34	Eucgr.K01802.2	villin 1	210,68	-	Exclusivo Controle
35	Eucgr.I02744.1	ferredoxin chloroplast	1503,06	-	Exclusivo Controle
36	Eucgr.G00191.1	26s proteasome non atpase regulatory	1548,15	-	Exclusivo Controle
37	Eucgr.E01616.1	beta expansin precursor	1490,81	-	Exclusivo Controle
38	RANDOM29476	e 29476	533,63	-	Exclusivo Controle
39	Eucgr.H04666.1	ketoacyl acp reductase	208,39	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
40	Eucgr.C04300.1	receptor protein kinase like protein	552,58	-	Exclusivo Controle
41	Eucgr.E02899.1	protein srg1	279,71	-	Exclusivo Controle
42	Eucgr.F01141.1	26s proteasome non atpase regulatory	142,34	-	Exclusivo Controle
43	Eucgr.F03086.1	6 phosphofructokinase 3 like	599,09	-	Exclusivo Controle
44	Eucgr.D02537.1	actin Caragana korshinskii	34877,23	-	Exclusivo Controle
45	Eucgr.I00580.2	serine hydroxymethyltransferase 5	261,76	-	Exclusivo Controle
46	Eucgr.C03993.1	short chain alcohol	456,74	-	Exclusivo Controle
47	Eucgr.G01120.2	l galactose dehydrogenase	291,04	-	Exclusivo Controle
48	Eucgr.E02522.1	tir nbs lrr resistance protein	144,01	-	Exclusivo Controle
49	Eucgr.I01962.1	pho1 like protein	70,25	-	Exclusivo Controle
50	Eucgr.C04028.1	aspartic proteinase nepenthesin 2	585,27	-	Exclusivo Controle
51	RANDOM37016	e 37016	10,21	-	Exclusivo Controle
52	Eucgr.J02866.4	nucleosome chromatin assembly factor group	266,06	-	Exclusivo Controle
53	Eucgr.G03398.1	small molecular weight g protein 1	1084,26	-	Exclusivo Controle
54	Eucgr.J02866.3	wd 40 repeat containing protein msf4 like	325,55	-	Exclusivo Controle
55	Eucgr.I01379.1	translation initiation	194,14	-	Exclusivo Controle
56	Eucgr.H02480.1	alpha galactosidase alpha n	104,91	-	Exclusivo Controle
57	Eucgr.H02912.1	calcium ion binding	173,65	-	Exclusivo Controle
58	Eucgr.J02768.1	nucleolysin tiar like	122,61	-	Exclusivo Controle
59	Eucgr.K03031.1	tau class glutathione transferase gstu45	311,54	-	Exclusivo Controle
60	Eucgr.C01678.1	NA	142,74	-	Exclusivo Controle
61	Eucgr.G02737.6	far upstream element binding	579,91	-	Exclusivo Controle
62	Eucgr.E00184.1	pmm soybn ame full phosphomannomutase ame full	309,18	-	Exclusivo Controle
63	Eucgr.C02197.3	PREDICTED galacturonokinase Vitis vinifera	157,31	-	Exclusivo Controle
64	Eucgr.E03708.1	peroxidase 27	388,68	-	Exclusivo Controle
65	Eucgr.F01589.1	dihydroflavonol 4 reductase	607,15	-	Exclusivo Controle
66	Eucgr.A02097.4	glutamate dehydrogenase 1	4302,46	-	Exclusivo Controle
67	Eucgr.B01633.1	interferon induced gtp binding protein	118,2	-	Exclusivo Controle
68	Eucgr.E04227.2	gtp binding rab2a like protein	466,83	-	Exclusivo Controle
69	Eucgr.K03599.1	alcohol dehydrogenase	4512,73	-	Exclusivo Controle
70	Eucgr.K01223.3	3 hydroxyisobutyryl hydrolase like protein 5 like	638,02	-	Exclusivo Controle
71	Eucgr.J02096.1	protein binding	188,92	-	Exclusivo Controle
72	Eucgr.K02173.2	pppde peptidase domain containing protein	299,65	-	Exclusivo Controle
73	Eucgr.D02563.1	abc transporter e family member 2	184,85	-	Exclusivo Controle
74	Eucgr.D00111.1	histidinol chloroplastic like	453,68	-	Exclusivo Controle
75	Eucgr.A01436.1	unnamed protein product Vitis vinifera	364,45	-	Exclusivo Controle
76	Eucgr.J02074.1	mip tip subfamily	972,12	-	Exclusivo Controle
77	Eucgr.H01449.1	leucine rich repeat containing	129,4	-	Exclusivo Controle
78	Eucgr.D02465.1	5 enolpyruvylshikimate 3 phosphate synthase	451,47	-	Exclusivo Controle
79	Eucgr.D01848.3	glutamate cysteine chloroplast	334,74	-	Exclusivo Controle
80	Eucgr.D01848.1	glutamate cysteine chloroplast	399,53	-	Exclusivo Controle
81	Eucgr.E03521.1	calcium lipid binding	109,95	-	Exclusivo Controle
82	Eucgr.K02916.3	plasma membrane h atpase	127,62	-	Exclusivo Controle
83	Eucgr.C01749.1	dead box atp dependent rna helicase 56 like	1436,44	-	Exclusivo Controle
84	Eucgr.I01913.1	thioredoxin h2	836,43	-	Exclusivo Controle
85	Eucgr.C00754.1	zinc finger	669,97	-	Exclusivo Controle
86	Eucgr.K03004.1	fructokinase like protein 1	130,8	-	Exclusivo Controle
87	Eucgr.H04452.2	glutathione chloroplastic like	622,9	-	Exclusivo Controle
88	Eucgr.H04376.2	aldo keto	514,37	-	Exclusivo Controle
89	Eucgr.J02696.1	stem 28 kda glycoprotein	276,48	-	Exclusivo Controle
90	Eucgr.B00224.1	leucine rich repeat protein shoc 2 like	133,67	-	Exclusivo Controle
91	Eucgr.B01628.1	tryptophanyl trna synthetase	259,41	-	Exclusivo Controle
92	Eucgr.J01800.1	hypothetical protein MTR 8g085590 Medicago truncatula	955,66	-	Exclusivo Controle
93	Eucgr.F02740.1	serine carboxypeptidase like 42 like isoform 1	224,55	-	Exclusivo Controle
94	Eucgr.H03283.1	u4 tri snrnp associated protein 2 like	96,44	-	Exclusivo Controle
95	Eucgr.H02666.1	dna directed rna polymerase ii subunit rpb9	494,05	-	Exclusivo Controle
96	Eucgr.L00148.1	acetyl c acetyltransferase	1284,65	-	Exclusivo Controle
97	Eucgr.F02566.1	gibberellin 20	983,06	-	Exclusivo Controle
98	Eucgr.J00048.4	actin depolymerizing factor 1	7659,4	-	Exclusivo Controle
99	Eucgr.I02569.1	glutamyl trna amidotransferase subunit	201,56	-	Exclusivo Controle
100	Eucgr.G02545.1	hypersensitive induced response protein	652,82	-	Exclusivo Controle
101	Eucgr.H04643.1	caffeoyl o methyltransferase at1g67980 like	1682,8	-	Exclusivo Controle
102	Eucgr.B02080.1	importin subunit alpha 1 like	2083,25	-	Exclusivo Controle
103	Eucgr.E04057.3	calcium dependent protein kinase 21 like	74,34	-	Exclusivo Controle
104	Eucgr.B03507.1	nuclear transport	1735,32	-	Exclusivo Controle
105	Eucgr.H04136.2	cytidine deaminase	622,97	-	Exclusivo Controle
106	Eucgr.H03572.1	nedd8 activating enzyme e1 catalytic subunit	192,16	-	Exclusivo Controle
107	Eucgr.A02359.1	zinc peroxisomal like	86,78	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

					(continuação)
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
108	Eucgr.F01905.1	oep24 pea ame full outer envelope pore protein	787,26	-	Exclusivo Controle
109	Eucgr.D02491.1	chloroplastic ame full chloroplastic	421,57	-	Exclusivo Controle
110	Eucgr.E00833.3	vesicle associated protein 1 2 like	4357,34	-	Exclusivo Controle
111	Eucgr.B03386.1	ubiquitin conjugating enzyme	487,27	-	Exclusivo Controle
112	Eucgr.H00912.1	protein phosphatase 2a catalytic subunit	136,32	-	Exclusivo Controle
113	Eucgr.K01386.1	predicted protein Populus trichocarpa	325,38	-	Exclusivo Controle
114	Eucgr.B00317.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	341,52	-	Exclusivo Controle
115	Eucgr.D00296.1	peroxisomal membrane protein pex14	384,86	-	Exclusivo Controle
116	Eucgr.F03904.1	katanin p60 atpase containing	151,04	-	Exclusivo Controle
117	Eucgr.D01776.6	protein far1 related sequence 8 like	5269,98	-	Exclusivo Controle
118	Eucgr.K01364.1	protein	131,3	-	Exclusivo Controle
119	Eucgr.J00292.1	endosomal p24a protein	1069,19	-	Exclusivo Controle
120	Eucgr.F02659.1	dnaj protein homolog	920,62	-	Exclusivo Controle
121	Eucgr.H02737.2	peptidyl prolyl cis trans isomerase 1 like	315,63	-	Exclusivo Controle
122	Eucgr.H00184.1	40s ribosomal protein	1359,64	-	Exclusivo Controle
123	Eucgr.J00270.2	cysteine protease	80,47	-	Exclusivo Controle
124	Eucgr.E01587.1	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase atpase	34,62	-	Exclusivo Controle
125	Eucgr.G01741.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	266,8	-	Exclusivo Controle
126	Eucgr.B03675.1	predicted protein Populus trichocarpa	448,74	-	Exclusivo Controle
127	Eucgr.C01579.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100246702	250,33	-	Exclusivo Controle
128	Eucgr.C01579.1	Vitis vinifera	172,62	-	Exclusivo Controle
129	Eucgr.I02360.1	beta adaptin like protein a like	519,29	-	Exclusivo Controle
130	Eucgr.D01225.1	beta adaptin like protein a like	845,49	-	Exclusivo Controle
131	Eucgr.H01235.1	60s ribosomal protein l8	204,58	-	Exclusivo Controle
132	Eucgr.G03255.1	copper binding protein 3	213	-	Exclusivo Controle
133	Eucgr.H00618.1	geranylgeranyl pyrophosphate synthase	11551,87	-	Exclusivo Controle
134	Eucgr.K03189.1	short chain alcohol	169,1	-	Exclusivo Controle
135	Eucgr.D02251.5	transcription factor btf3	1346,71	-	Exclusivo Controle
136	Eucgr.E01210.1	pentatricopeptide repeat containing protein	317,3	-	Exclusivo Controle
137	Eucgr.D00487.1	nad dependent malic enzyme 59 kda mitochondrial	632,67	-	Exclusivo Controle
138	Eucgr.A00053.1	alternative oxidase	132,85	-	Exclusivo Controle
139	Eucgr.J01985.1	protein	4757,82	-	Exclusivo Controle
140	Eucgr.B02151.2	serine threonine protein kinase	125,84	-	Exclusivo Controle
141	Eucgr.B02075.1	kda class i heat shock protein	129,5	-	Exclusivo Controle
142	Eucgr.F04205.2	atp binding domain containing protein	286,08	-	Exclusivo Controle
143	Eucgr.F04205.1	topless related protein 3 like	585,87	-	Exclusivo Controle
144	Eucgr.K02119.1	polypyrimidine tract binding protein homolog 3 isoform 1	444,89	-	Exclusivo Controle
145	Eucgr.D01029.4	polypyrimidine tract binding protein homolog 3 isoform 1	409,91	-	Exclusivo Controle
146	Eucgr.D01945.2	quinone oxidoreductase chloroplastic like	833,01	-	Exclusivo Controle
147	Eucgr.D01945.1	gamma soluble nsf attachment	572,09	-	Exclusivo Controle
148	Eucgr.E01445.1	anthocyanidin synthase	68,46	-	Exclusivo Controle
149	Eucgr.H00884.1	anthocyanidin synthase	222,15	-	Exclusivo Controle
150	Eucgr.H03114.1	arginase putative Ricinus communis	89,5	-	Exclusivo Controle
151	Eucgr.L03200.1	tolb related protein	351,99	-	Exclusivo Controle
152	Eucgr.L01943.1	leucine rich repeat containing	1349,69	-	Exclusivo Controle
153	Eucgr.K03532.1	iron superoxide dismutase	2433,88	-	Exclusivo Controle
154	Eucgr.K00795.1	thioredoxin like protein	840,44	-	Exclusivo Controle
155	Eucgr.J00287.1	chaperone protein	750,72	-	Exclusivo Controle
156	Eucgr.L00010.1	pulegone reductase	159,24	-	Exclusivo Controle
157	Eucgr.A00168.1	uric2 canli ame full uricase 2 isozyme 2 ame full urate	340,76	-	Exclusivo Controle
158	Eucgr.H04829.3	oxidase ame full uricase i	413,29	-	Exclusivo Controle
159	Eucgr.B03239.2	u5 snmp specific factor	209,33	-	Exclusivo Controle
160	Eucgr.B00578.1	major allergen pru ar 1	58,56	-	Exclusivo Controle
161	Eucgr.G03402.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100782686	994,85	-	Exclusivo Controle
162	Eucgr.F00588.1	Glycine max	851,81	-	Exclusivo Controle
163	Eucgr.F01690.2	t complex protein 1 subunit epsilon like	26,38	-	Exclusivo Controle
164	Eucgr.B03648.2	flavonoid 3 hydroxylase	156,96	-	Exclusivo Controle
165	Eucgr.C04266.1	thioredoxin domain containing protein	140,02	-	Exclusivo Controle
166	Eucgr.G03281.3	gibberellin regulated protein	461,16	-	Exclusivo Controle
167	Eucgr.F02577.1	jacalin lectin family protein	326,88	-	Exclusivo Controle
168	Eucgr.K03238.2	emys n terminus domain containing protein	213,07	-	Exclusivo Controle
169	Eucgr.B02222.2	hydrolyzing o glycosyl	205,25	-	Exclusivo Controle
170	Eucgr.J01625.2	protein transport protein sec31 like isoform 1	1558,14	-	Exclusivo Controle
		protein phosphatase 2a catalytic subunit			
		dnaj homolog subfamily c member 3 homolog			
		cinnamoyl reductase			
		unknown protein Vitis vinifera			

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
171	Eucgr.C03703.1	6 phosphofructokinase 3 like	304,23	-	Exclusivo Controle
172	Eucgr.B01151.1	dienelactone hydrolase family protein	709,19	-	Exclusivo Controle
173	Eucgr.I02568.2	glutamyl trna amidotransferase subunit	239,15	-	Exclusivo Controle
174	Eucgr.D02202.1	arf gtpase activating	499,97	-	Exclusivo Controle
175	Eucgr.F02898.1	kda heat shock peroxisomal	399,91	-	Exclusivo Controle
176	Eucgr.B00436.3	delta 1 pyrroline 5 carboxylate dehydrogenase mitochondrial like	241,64	-	Exclusivo Controle
177	Eucgr.J00025.1	heat shock cognate 70 kda protein isoform 1	40702,64	-	Exclusivo Controle
178	Eucgr.F02036.3	ribosomal rna methyltransferase nop2 like	143,4	-	Exclusivo Controle
179	Eucgr.J02122.2	folypolyglutamate synthase	246,71	-	Exclusivo Controle
180	Eucgr.E04056.1	cationic peroxidase	593,83	-	Exclusivo Controle
181	Eucgr.J01505.2	predicted protein Populus trichocarpa	118,24	-	Exclusivo Controle
182	Eucgr.F02952.2	bifunctional aspartokinase homoserine dehydrogenase	182,52	-	Exclusivo Controle
183	Eucgr.J02962.1	ras related protein rab7	877,03	-	Exclusivo Controle
184	Eucgr.J01051.1	gibberellin receptor	305,41	-	Exclusivo Controle
185	Eucgr.J02940.2	af262997 1nadh dependent malic protein	688,23	-	Exclusivo Controle
186	Eucgr.L02942.1	adp ribosylation factor	7370,24	-	Exclusivo Controle
187	Eucgr.L02511.1	imp dehydrogenase	565,71	-	Exclusivo Controle
188	Eucgr.L01795.2	rna polymerase rpb8	887,11	-	Exclusivo Controle
189	RANDOM15062	e 15062	10,21	-	Exclusivo Controle
190	Eucgr.H00737.1	dopamine beta	231,12	-	Exclusivo Controle
191	Eucgr.E00280.5	protein dif	667,31	-	Exclusivo Controle
192	Eucgr.E00280.4	protein dif	969,99	-	Exclusivo Controle
193	Eucgr.E00280.3	protein dif	1210,25	-	Exclusivo Controle
194	Eucgr.E00280.1	protein dif	1210,25	-	Exclusivo Controle
195	Eucgr.B01599.2	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3	203,68	-	Exclusivo Controle
196	Eucgr.B01599.1	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3	321,5	-	Exclusivo Controle
197	Eucgr.J00193.1	clathrin heavy chain 1 like	1472,24	-	Exclusivo Controle
198	Eucgr.G01740.1	trna dihydrouridine synthase 3 like	125,26	-	Exclusivo Controle
199	Eucgr.H01665.6	uncharacterized rna binding isoform 1	340,26	-	Exclusivo Controle
200	Eucgr.H01741.1	disease resistance like protein	74,56	-	Exclusivo Controle
201	Eucgr.G01233.1	zinc finger	270,82	-	Exclusivo Controle
202	Eucgr.F03253.1	polyadenylate binding cytoplasmic and nuclear like	466,98	-	Exclusivo Controle
203	Eucgr.H03664.1	1 deoxy d xylulose 5 phosphate synthase	72,76	-	Exclusivo Controle
204	Eucgr.G01135.1	pathogenesis related protein 1	480,69	-	Exclusivo Controle
205	Eucgr.B02150.2	calcium ion binding	169,11	-	Exclusivo Controle
206	Eucgr.G02085.5	probable serine threonine protein kinase bud32 homolog	247,06	-	Exclusivo Controle
207	Eucgr.H03997.1	pathogenesis related protein sth 2	10820,91	-	Exclusivo Controle
208	Eucgr.I01039.1	serine carboxypeptidase like 18 like	402,52	-	Exclusivo Controle
209	Eucgr.F01369.1	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1 like	267,98	-	Exclusivo Controle
210	Eucgr.H04161.1	germin like protein subfamily 1 member	1099,52	-	Exclusivo Controle
211	Eucgr.H04085.1	craniofacial development protein 1 like	426,41	-	Exclusivo Controle
212	Eucgr.L02937.1	nadh cytochrome b5 reductase 1 like	476,23	-	Exclusivo Controle
213	Eucgr.L01102.1	aldo keto	3264,43	-	Exclusivo Controle
214	Eucgr.A02793.2	remorin 1	360,99	-	Exclusivo Controle
215	Eucgr.A00189.2	sensor histidine	225,86	-	Exclusivo Controle
216	Eucgr.A02362.1	predicted protein Populus trichocarpa	245,8	-	Exclusivo Controle
217	Eucgr.K02838.1	protein memo1 like	310,67	-	Exclusivo Controle
218	Eucgr.C02440.3	conserved hypothetical protein Ricinus communis	294,06	-	Exclusivo Controle
219	Eucgr.C02440.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	111,34	-	Exclusivo Controle
220	Eucgr.C02440.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	125,09	-	Exclusivo Controle
221	Eucgr.B02287.1	hydrolyzing o glycosyl	83,31	-	Exclusivo Controle
222	Eucgr.F01401.1	hydroxyacylglutathione hydrolase mitochondrial like	1627,23	-	Exclusivo Controle
223	Eucgr.A02340.1	pentatricopeptide repeat containing	126,49	-	Exclusivo Controle
224	Eucgr.K03002.1	neutral ceramidase like	457,99	-	Exclusivo Controle
225	Eucgr.H04298.1	serine threonine protein kinase	382,32	-	Exclusivo Controle
226	Eucgr.G03401.1	60s ribosomal protein	173,61	-	Exclusivo Controle
227	Eucgr.G02685.2	40s ribosomal protein s17	839,6	-	Exclusivo Controle
228	Eucgr.J01722.2	transcription factor pur alpha 1 like	1059,61	-	Exclusivo Controle
229	Eucgr.G02178.3	mlp like protein 34	836,8	-	Exclusivo Controle
230	Eucgr.D01704.2	kinesin light	167,52	-	Exclusivo Controle
231	Eucgr.C00632.2	upf0587 protein c1orf123 homolog	1366,79	-	Exclusivo Controle
232	Eucgr.C00632.1	upf0587 protein c1orf123 homolog	797,14	-	Exclusivo Controle
233	Eucgr.B00200.1	low quality protein cytochrome p450 71a4 like	174,11	-	Exclusivo Controle
234	Eucgr.C01075.1	sigma factor sigb regulation protein	337,27	-	Exclusivo Controle
235	Eucgr.F03128.3	hypothetical protein Cucumis melo subsp melo	551,27	-	Exclusivo Controle
236	Eucgr.B01990.4	mitochondrial rho gtpase 1	188,09	-	Exclusivo Controle
237	Eucgr.H00469.2	aldo keto reductase akr	4614,03	-	Exclusivo Controle
238	Eucgr.D02201.1	abscisic acid receptor pyr1 like	790,37	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

					(continuação)
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
239	Eucgr.F01493.1	cytochrome p450 82a3 like	80,83	-	Exclusivo Controle
240	Eucgr.I02136.1	kda class iii heat shock protein	498,83	-	Exclusivo Controle
241	Eucgr.J00379.2	alpha l fucosidase 1	311,88	-	Exclusivo Controle
242	Eucgr.H03948.3	glyoxysomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein mfp a	374,55	-	Exclusivo Controle
243	Eucgr.H03948.2	glyoxysomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein mfp a	161,43	-	Exclusivo Controle
244	Eucgr.A02940.3	poly binding protein 1	95,79	-	Exclusivo Controle
245	Eucgr.E02950.1	udp glucose flavonoid 3 o glucosyltransferase 7	57,64	-	Exclusivo Controle
246	Eucgr.B02941.1	high mobility group family	787,19	-	Exclusivo Controle
247	Eucgr.B01030.1	40s ribosomal protein s3a like	187,03	-	Exclusivo Controle
248	Eucgr.H00856.1	nudix hydrolase 2 like	1534,14	-	Exclusivo Controle
249	Eucgr.K02886.2	unknown Medicago truncatula	95,82	-	Exclusivo Controle
250	Eucgr.B03460.3	PREDICTED 3 oxoacyl acyl carrier protein reductase chloroplastic Vitis vinifera	492,97	-	Exclusivo Controle
251	Eucgr.B03460.2	PREDICTED 3 oxoacyl acyl carrier protein reductase chloroplastic Vitis vinifera	492,97	-	Exclusivo Controle
252	Eucgr.H02855.1	bgl18 orysj ame full beta glucosidase 18 short os4bglu18 flags precursor	92,41	-	Exclusivo Controle
253	Eucgr.F00249.1	probable carboxylesterase 2 like	260,36	-	Exclusivo Controle
254	Eucgr.K01286.2	hypothetical protein MTR 7g073340 Medicago truncatula	516,9	-	Exclusivo Controle
255	Eucgr.K01286.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100243025 Vitis vinifera	516,9	-	Exclusivo Controle
256	Eucgr.H01277.1	abhydrolase domain	314,67	-	Exclusivo Controle
257	Eucgr.B03695.1	cinnamyl alcohol dehydrogenase	188,9	-	Exclusivo Controle
258	Eucgr.F00636.2	upstream activation factor subunit uaf30	1133,9	-	Exclusivo Controle
259	Eucgr.C00627.2	clathrin interactor epsin 1 like isoform 1	55,84	-	Exclusivo Controle
260	Eucgr.B03188.1	aspartate glutamate uridylylase kinase family protein	108,53	-	Exclusivo Controle
261	Eucgr.E00181.1	tetrahydrofolate synthase	197,47	-	Exclusivo Controle
262	Eucgr.I00692.1	ruvb like 2 like	232,05	-	Exclusivo Controle
263	Eucgr.J01165.2	splicing factor 3b subunit 3 like	176,07	-	Exclusivo Controle
264	Eucgr.J01165.1	splicing factor 3b subunit 3 like	42,51	-	Exclusivo Controle
265	Eucgr.F03661.4	dna damage inducible protein 1 like	419,63	-	Exclusivo Controle
266	Eucgr.B01123.1	aluminum induced protein	836,15	-	Exclusivo Controle
267	Eucgr.C02604.1	endosomal p24a protein	84,85	-	Exclusivo Controle
268	Eucgr.I00519.1	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptonate aldolase 3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	1583,85	-	Exclusivo Controle
269	Eucgr.A00407.1	rab gdp dissociation inhibitor	1570,78	-	Exclusivo Controle
270	Eucgr.C03047.2	precursor of carboxylase p protein glycine decarboxylase complex	360,5	-	Exclusivo Controle
271	Eucgr.H03134.1	tir nbs lrr class disease resistance protein	199,63	-	Exclusivo Controle
272	Eucgr.E02007.1	probable prefoldin subunit 3	527,65	-	Exclusivo Controle
273	Eucgr.L00052.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100779210 Glycine max	358,03	-	Exclusivo Controle
274	Eucgr.F01368.1	nadh kinase like	143,98	-	Exclusivo Controle
275	Eucgr.B01003.4	aldo keto	910,25	-	Exclusivo Controle
276	Eucgr.B01003.2	aldo keto	2013,35	-	Exclusivo Controle
277	Eucgr.C02839.2	paramyosin related protein	150,62	-	Exclusivo Controle
278	Eucgr.G03035.1	26s proteasome regulatory particle non atpase subunit	663,87	-	Exclusivo Controle
279	Eucgr.L02505.1	protein	435,16	-	Exclusivo Controle
280	Eucgr.K00816.1	sucrose synthase	611,32	-	Exclusivo Controle
281	Eucgr.K00793.4	pulegone reductase	550,13	-	Exclusivo Controle
282	Eucgr.K00793.1	pulegone reductase	648	-	Exclusivo Controle
283	Eucgr.K02890.1	af479625 1eds1 like protein	152,95	-	Exclusivo Controle
284	Eucgr.B03411.2	nadh dehydrogenase	963,02	-	Exclusivo Controle
285	Eucgr.H03423.1	40s ribosomal protein s3a like	600,21	-	Exclusivo Controle
286	Eucgr.H00686.5	ribonuclease 2 like	553,93	-	Exclusivo Controle
287	Eucgr.C02341.1	flavonol 4	76,78	-	Exclusivo Controle
288	Eucgr.E04317.3	sh3 domain containing protein	149,77	-	Exclusivo Controle
289	Eucgr.L00341.1	NA	258,06	-	Exclusivo Controle
290	Eucgr.F01226.3	ubiquitin conjugating enzyme e2 35	4998,4	-	Exclusivo Controle
291	Eucgr.A00575.1	lrr receptor like serine threonine protein kinase gso2 like	119,03	-	Exclusivo Controle
292	Eucgr.A02619.1	momilactone a synthase like isoform 2	87,35	-	Exclusivo Controle
293	Eucgr.H02708.1	pathogenesis related protein	24544,9	-	Exclusivo Controle
294	Eucgr.L02718.1	gtp binding nuclear protein ran 3 like	2655,69	-	Exclusivo Controle
295	Eucgr.J02209.1	formate dehydrogenase	3667,53	-	Exclusivo Controle
296	Eucgr.K02263.1	66 kda stress	245,66	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
297	Eucgr.I01691.2	glucose 6 phosphate dehydrogenase 6	1312,15	-	Exclusivo Controle
298	Eucgr.D00987.2	monothiol glutaredoxin s15	700,96	-	Exclusivo Controle
299	Eucgr.C01119.5	acyl protein thioesterase 2 like	469,01	-	Exclusivo Controle
300	Eucgr.C01119.1	acyl protein thioesterase 2 like	278,88	-	Exclusivo Controle
301	Eucgr.H03303.1	importin alpha	733,67	-	Exclusivo Controle
302	Eucgr.J01978.1	kda class i heat shock protein	5355,58	-	Exclusivo Controle
303	Eucgr.G03128.2	alpha galactosidase like isoform 1	140,27	-	Exclusivo Controle
304	Eucgr.H02641.1	udp glycosyltransferase 75d1 like	163,29	-	Exclusivo Controle
305	Eucgr.B01429.2	unnamed protein product Vitis vinifera	243,12	-	Exclusivo Controle
306	Eucgr.E04076.1	atp binding cassette transporter subfamily i member 15 abc component protein 15	247,37	-	Exclusivo Controle
307	Eucgr.E03104.1	pointed first leaf	939,97	-	Exclusivo Controle
308	Eucgr.A01913.3	14 3 3 like protein d	6865,67	-	Exclusivo Controle
309	Eucgr.F03029.1	ras related protein rab7	1070,04	-	Exclusivo Controle
310	Eucgr.J00454.1	pleiotropic drug resistance protein 2 like	78,69	-	Exclusivo Controle
311	Eucgr.H04640.4	small rubber particle	1292,06	-	Exclusivo Controle
312	Eucgr.H04640.2	small rubber particle	320,84	-	Exclusivo Controle
313	Eucgr.H04640.1	small rubber particle	2582,69	-	Exclusivo Controle
314	Eucgr.E04054.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100247051 Vitis vinifera	89,29	-	Exclusivo Controle
315	Eucgr.B03481.1	nuclear pore complex protein nup54 like	192,78	-	Exclusivo Controle
316	Eucgr.K03601.5	3 ketoacyl thiolase	965,56	-	Exclusivo Controle
317	Eucgr.K03601.4	3 ketoacyl thiolase	935,5	-	Exclusivo Controle
318	Eucgr.K03601.1	3 ketoacyl thiolase	1759,28	-	Exclusivo Controle
319	Eucgr.G00854.1	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptonate aldolase 3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	1085,05	-	Exclusivo Controle
320	Eucgr.G00778.3	protein phosphatase	149,98	-	Exclusivo Controle
321	Eucgr.K02885.1	af479625 1eds1 like protein	51,01	-	Exclusivo Controle
322	Eucgr.I01042.1	serine carboxypeptidase like 18 like	394,54	-	Exclusivo Controle
323	Eucgr.F03923.8	protein topless	201,52	-	Exclusivo Controle
324	Eucgr.F03923.7	protein topless	201,52	-	Exclusivo Controle
325	Eucgr.F03923.6	protein topless	304,44	-	Exclusivo Controle
326	Eucgr.F03923.2	protein topless	415,96	-	Exclusivo Controle
327	Eucgr.G01880.2	monosaccharide sensing protein 2 like isoform 1	232,39	-	Exclusivo Controle
328	Eucgr.L02024.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	153,53	-	Exclusivo Controle
329	Eucgr.J02786.1	probable disease resistance protein rdl6 rf9 like	204,94	-	Exclusivo Controle
330	Eucgr.A02258.2	strictosidine synthase family protein	194,67	-	Exclusivo Controle
331	Eucgr.K00411.1	vacuolar protein sorting associated protein 26 like	299,59	-	Exclusivo Controle
332	Eucgr.E01780.1	phospholipase c 3	557,93	-	Exclusivo Controle
333	Eucgr.B01695.4	tetratricopeptide repeat protein 35	157,54	-	Exclusivo Controle
334	Eucgr.B01695.3	tetratricopeptide repeat protein 35	330,16	-	Exclusivo Controle
335	Eucgr.C01265.1	peroxisomal fatty acid beta oxidation multifunctional protein aim1 like	40,09	-	Exclusivo Controle
336	Eucgr.G00658.1	af485267 1class iii peroxidase	278,35	-	Exclusivo Controle
337	Eucgr.A02236.1	dna gyrase subunit	142,62	-	Exclusivo Controle
338	Eucgr.F04344.1	l ascorbate peroxidase chloroplastic like isoform 2	2166,54	-	Exclusivo Controle
339	Eucgr.A01241.1	histone h2a like	3015,55	-	Exclusivo Controle
340	Eucgr.K03307.2	glutathione reductase	260,13	-	Exclusivo Controle
341	Eucgr.K03307.1	glutathione reductase	469,69	-	Exclusivo Controle
342	Eucgr.H02227.2	heavy metal cation transport	183,82	-	Exclusivo Controle
343	Eucgr.B03241.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	60,47	-	Exclusivo Controle
344	Eucgr.B00580.2	flavonoid 3 hydroxylase	284	-	Exclusivo Controle
345	Eucgr.B00580.1	flavonoid 3 hydroxylase	135,19	-	Exclusivo Controle
346	Eucgr.F00590.1	gibberellin regulated protein 1	198,03	-	Exclusivo Controle
347	Eucgr.J01088.1	vacuolar atp synthase subunit g	269,64	-	Exclusivo Controle
348	Eucgr.L03187.1	nedd8 ultimate	229,29	-	Exclusivo Controle
349	Eucgr.C00150.1	ribulose bisphosphate carboxylase small chain	1912,44	-	Exclusivo Controle
350	Eucgr.A00935.1	protein	297,95	-	Exclusivo Controle
351	Eucgr.D02119.3	small gtp binding protein	6937,58	-	Exclusivo Controle
352	Eucgr.G01640.3	diaminopimelate decarboxylase chloroplastic isoform 1	690,43	-	Exclusivo Controle
353	Eucgr.B01122.4	carbohydrate kinase domain containing	348,31	-	Exclusivo Controle
354	Eucgr.B03143.3	probable 6 phosphogluconolactonase 2 like	1394,3	-	Exclusivo Controle
355	Eucgr.B00429.1	hypersensitive induced response protein	1001,91	-	Exclusivo Controle
356	Eucgr.D00484.1	oryzain alpha chain like	184,2	-	Exclusivo Controle
357	Eucgr.K01476.3	transcription factor putative Ricinus communis	238,58	-	Exclusivo Controle
358	Eucgr.H04128.1	cytosolic purine 5	100,28	-	Exclusivo Controle
359	RANDOM3191	e 3191	33,86	-	Exclusivo Controle
360	Eucgr.G02848.1	phenylalanine ammonia lyase	1637,06	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
361	Eucgr.I01779.7	adp ribosylation factor	3221,72	-	Exclusivo Controle
362	Eucgr.I01779.5	adp ribosylation factor	5194,71	-	Exclusivo Controle
363	Eucgr.I01779.2	adp ribosylation factor	5165,55	-	Exclusivo Controle
364	Eucgr.L01433.1	probable linoleate 9s lipoxygenase 5 like	80,46	-	Exclusivo Controle
365	Eucgr.F03011.2	coatomer beta	1338,63	-	Exclusivo Controle
366	Eucgr.G00351.1	atp phosphoribosyltransferase	227,44	-	Exclusivo Controle
367	RANDOM12166	e 12166	10,21	-	Exclusivo Controle
368	Eucgr.E01246.1	cis zeatin o glucosyltransferase	1106,92	-	Exclusivo Controle
369	Eucgr.D01239.2	palmitoyl protein thioesterase family protein	404,01	-	Exclusivo Controle
370	Eucgr.I00709.1	60s ribosomal protein	1516,6	-	Exclusivo Controle
371	Eucgr.I02806.4	2 c methyl d erythritol 4 phosphate cytidyltransferase	395,59	-	Exclusivo Controle
372	Eucgr.E00099.2	exocyst complex component 5	155,22	-	Exclusivo Controle
373	Eucgr.E00099.1	exocyst complex component 5	155,22	-	Exclusivo Controle
374	Eucgr.A02240.1	tga transcription factor	22,74	-	Exclusivo Controle
375	Eucgr.I00664.2	branched chain amino acid	360,45	-	Exclusivo Controle
376	RANDOM12129	e 12129	13,61	-	Exclusivo Controle
377	Eucgr.F02175.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260884	342,37	-	Exclusivo Controle
378	Eucgr.F01180.2	Vitis vinifera			
379	Eucgr.J01137.1	zinc binding	465,99	-	Exclusivo Controle
380	Eucgr.F03148.3	fgfr1 oncogene	259,66	-	Exclusivo Controle
381	Eucgr.F03148.1	nonclathrin coat protein zeta1 cop	898,34	-	Exclusivo Controle
382	Eucgr.K01191.3	nonclathrin coat protein zeta1 cop	1264,1	-	Exclusivo Controle
383	Eucgr.K01191.1	atp synthase subunit	473,15	-	Exclusivo Controle
384	Eucgr.F01612.1	atp synthase subunit	292,35	-	Exclusivo Controle
385	Eucgr.H00134.2	predicted protein Populus trichocarpa	298,97	-	Exclusivo Controle
386	Eucgr.F03557.1	60s ribosomal protein l23	863,39	-	Exclusivo Controle
387	Eucgr.F02993.2	catalase isozyme 1 isoform 1	9105,61	-	Exclusivo Controle
388	Eucgr.F02993.1	patellin 5 isoform 1	347,62	-	Exclusivo Controle
389	Eucgr.E00464.1	cytosolic factor	380,13	-	Exclusivo Controle
390	Eucgr.A01858.1	21 kda protein	208,09	-	Exclusivo Controle
391	Eucgr.I01161.1	dnaj heat shock family protein	186,15	-	Exclusivo Controle
392	Eucgr.J01600.4	gibberellin receptor	208,28	-	Exclusivo Controle
393	Eucgr.F03611.1	rna and export factor binding	345,14	-	Exclusivo Controle
394	Eucgr.A02907.1	pyrophosphate fructose 6 phosphate 1	380,06	-	Exclusivo Controle
395	Eucgr.E00873.1	phosphotransferase subunit alpha like			
396	Eucgr.J00907.1	quinone oxidoreductase 1 like	575,47	-	Exclusivo Controle
397	Eucgr.H03613.1	dynamain related protein 5a	117,43	-	Exclusivo Controle
398	Eucgr.E03103.1	phenylalanine ammonia lyase	426,26	-	Exclusivo Controle
399	Eucgr.B00357.2	endo beta d	686,22	-	Exclusivo Controle
400	Eucgr.B00357.1	vesicle fusing atpase like	116,71	-	Exclusivo Controle
401	Eucgr.J03114.1	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2	296,09	-	Exclusivo Controle
402	Eucgr.J01502.2	member mitochondrial like			
403	Eucgr.J01502.1	low quality protein aldehyde dehydrogenase family 2	301,83	-	Exclusivo Controle
404	Eucgr.K02044.2	member mitochondrial like			
405	Eucgr.H03515.1	cinnamoyl reductase	180,62	-	Exclusivo Controle
406	Eucgr.E00344.1	ribulose bisphosphate carboxylase oxygenase small	3937,69	-	Exclusivo Controle
407	Eucgr.B00335.1	subunit			
408	Eucgr.F04463.3	ribulose bisphosphate carboxylase oxygenase small	443,83	-	Exclusivo Controle
409	Eucgr.G02852.1	subunit			
410	Eucgr.K02786.1	probable cytosolic iron sulfur protein assembly protein	65,59	-	Exclusivo Controle
411	Eucgr.B03307.2	sucrose synthase	3987,79	-	Exclusivo Controle
412	Eucgr.G01350.1	isoflavone reductase homolog	377,78	-	Exclusivo Controle
413	Eucgr.E00579.2	betaine aldehyde dehydrogenase	545,45	-	Exclusivo Controle
414	Eucgr.K01360.1	phosphoglycerate kinase	39759,4	-	Exclusivo Controle
415	Eucgr.G03371.1	phenylalanine ammonia lyase	1200,76	-	Exclusivo Controle
416	Eucgr.J00666.1	elongation factor chloroplastic like	373,28	-	Exclusivo Controle
417	Eucgr.K02840.3	atp citrate synthase alpha chain protein 1	439,42	-	Exclusivo Controle
418	Eucgr.A00138.1	cinnamyl alcohol dehydrogenase	1590,94	-	Exclusivo Controle
419	Eucgr.B02236.3	glutathione peroxidase	341,98	-	Exclusivo Controle
420	Eucgr.B02236.2	2 dehydro 3 deoxyphosphooctonate aldolase	809,41	-	Exclusivo Controle
421	Eucgr.H02400.1	actin related protein	162,61	-	Exclusivo Controle
422	Eucgr.G01706.2	cysteine proteinase	374,03	-	Exclusivo Controle
		pantothenate kinase 2 like	146,24	-	Exclusivo Controle
		major allergen pru ar 1	257,34	-	Exclusivo Controle
		ran binding	7620,61	-	Exclusivo Controle
		ran binding	3894,77	-	Exclusivo Controle
		wd repeat containing protein 5 like	32,68	-	Exclusivo Controle
		cysteine proteinase rd19a	242,07	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
423	Eucgr.I02249.1	v type proton atpase subunit d2	220,99	-	Exclusivo Controle
424	Eucgr.L00646.1	dna topoisomerase 3 beta 1 like	131,12	-	Exclusivo Controle
425	Eucgr.H00205.1	sieve element occlusion a	167,77	-	Exclusivo Controle
426	Eucgr.H00182.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100256194 Vitis vinifera	2497,9	-	Exclusivo Controle
427	Eucgr.B01498.1	aldo keto reductase family 4 member c9 like	318,12	-	Exclusivo Controle
428	Eucgr.F01584.1	af282850 1 allergenic isoflavone reductase like protein bet v	5291,97	-	Exclusivo Controle
429	Eucgr.D01652.1	histone h4	7932,2	-	Exclusivo Controle
430	Eucgr.K02720.1	acetoxyhydroxyacid synthase	242,5	-	Exclusivo Controle
431	Eucgr.H03176.1	adenosylhomocysteinase s adenosyl l homocysteine hydrolase	1714,91	-	Exclusivo Controle
432	Eucgr.K00093.1	protein topless	185,56	-	Exclusivo Controle
433	Eucgr.I02205.1	leucine rich repeat containing	23,79	-	Exclusivo Controle
434	Eucgr.K01066.5	prohibitin 1 like protein	403,26	-	Exclusivo Controle
435	Eucgr.K01066.4	prohibitin 1 like protein	958,63	-	Exclusivo Controle
436	Eucgr.K01066.3	prohibitin 1 like protein	959,54	-	Exclusivo Controle
437	Eucgr.D00483.2	protein transport protein	62,12	-	Exclusivo Controle
438	Eucgr.D00483.1	protein transport protein	47,22	-	Exclusivo Controle
439	Eucgr.J01981.1	kda class i heat shock protein	289,37	-	Exclusivo Controle
440	Eucgr.F03992.4	aldose 1	273,71	-	Exclusivo Controle
441	Eucgr.G01919.1	PREDICTED syntaxin 22 Vitis vinifera	276,48	-	Exclusivo Controle
442	Eucgr.F03992.2	aldose 1	478,55	-	Exclusivo Controle
443	Eucgr.F03992.1	aldose 1	478,55	-	Exclusivo Controle
444	Eucgr.G00061.1	heat shock protein 22	326,22	-	Exclusivo Controle
445	Eucgr.K00071.1	low quality protein alcohol dehydrogenase like 1 like	2634,69	-	Exclusivo Controle
446	Eucgr.D02073.2	mitochondrial small heat shock protein	661,47	-	Exclusivo Controle
447	Eucgr.C00914.2	serine acetyltransferase	561,46	-	Exclusivo Controle
448	Eucgr.A01022.1	hydroxycinnamoyl shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase like protein	186,24	-	Exclusivo Controle
449	Eucgr.L01476.1	beta hexosaminidase subunit b2 like	1650,34	-	Exclusivo Controle
450	Eucgr.A00382.1	peroxisomal enoyl hydratase isomerase family protein	288,18	-	Exclusivo Controle
451	Eucgr.F04458.1	3 mercaptopyruvate sulfurtransferase	1528,15	-	Exclusivo Controle
452	Eucgr.H03972.1	major allergen pru ar 1	960,63	-	Exclusivo Controle
453	Eucgr.D00870.2	beta ocimene alpha farnesene synthase	126,88	-	Exclusivo Controle
454	Eucgr.I01521.3	cholesterol transport protein	249,9	-	Exclusivo Controle
455	Eucgr.B00717.1	aluminum activated malate transporter 9 like	294,44	-	Exclusivo Controle
456	Eucgr.K03452.1	metal tolerance protein	134,6	-	Exclusivo Controle
457	Eucgr.H03443.1	paf1 complex component	287,74	-	Exclusivo Controle
458	Eucgr.K03021.1	glutathione s transferase	287,96	-	Exclusivo Controle
459	Eucgr.D00750.1	vesicle associated membrane family protein	402,84	-	Exclusivo Controle
460	Eucgr.H03269.2	topless related protein 3 like	196,58	-	Exclusivo Controle
461	Eucgr.L00694.1	disease resistance response protein 206	338,08	-	Exclusivo Controle
462	Eucgr.J02305.3	predicted protein Populus trichocarpa	973,09	-	Exclusivo Controle
463	Eucgr.J02305.1	predicted protein Populus trichocarpa	687,09	-	Exclusivo Controle
464	Eucgr.K01666.1	beta tubulin 4	18887,74	-	Exclusivo Controle
465	Eucgr.K00618.1	glucose 6 phosphate 1	268,69	-	Exclusivo Controle
466	Eucgr.C00068.1	pre mma splicing factor isy	446,68	-	Exclusivo Controle
467	Eucgr.A00982.3	cathepsin b	692,51	-	Exclusivo Controle
468	Eucgr.C02165.1	lupeol synthase	221,49	-	Exclusivo Controle
469	Eucgr.J02207.2	formate dehydrogenase	14537,01	-	Exclusivo Controle
470	Eucgr.K02185.1	staphylococcal nuclease domain containing protein 1 like	966,02	-	Exclusivo Controle
471	Eucgr.C00984.1	receptor like protein kinase hsl1 like	135,07	-	Exclusivo Controle
472	Eucgr.I01712.1	predicted protein Populus trichocarpa	2275,17	-	Exclusivo Controle
473	Eucgr.E03146.1	caffeic acid 3 o methyltransferase like isoform 2	714,92	-	Exclusivo Controle
474	Eucgr.A01955.1	citrate glyoxysomal	350,8	-	Exclusivo Controle
475	Eucgr.B00045.2	blue copper protein	373,76	-	Exclusivo Controle
476	Eucgr.F02992.1	Patellin 5 putative Ricinus communis	137,19	-	Exclusivo Controle
477	Eucgr.H01083.1	fumarate class ii	445,15	-	Exclusivo Controle
478	Eucgr.H03180.1	adenosylhomocysteinase s adenosyl l homocysteine hydrolase	2808,35	-	Exclusivo Controle
479	Eucgr.I02640.2	atp binding cassette	98,48	-	Exclusivo Controle
480	Eucgr.G01869.1	germin like protein 2 1 like	1457,12	-	Exclusivo Controle
481	Eucgr.I00112.6	neutral alpha glucosidase ab like	121,49	-	Exclusivo Controle
482	Eucgr.I00112.5	neutral alpha glucosidase ab like	158,2	-	Exclusivo Controle
483	Eucgr.I00112.2	neutral alpha glucosidase ab like	121,49	-	Exclusivo Controle
484	Eucgr.C03525.1	ribulose biphosphate carboxylase oxygenase large partial	488,51	-	Exclusivo Controle
485	Eucgr.I01516.1	pdf1 interacting protein partial	697,34	-	Exclusivo Controle
486	Eucgr.E02409.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	1002,42	-	Exclusivo Controle
487	Eucgr.E02409.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	1147,43	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

					(continuação)
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
488	Eucgr.C02454.1	uncharacterized isomerase bh0283 like	352,74	-	Exclusivo Controle
489	Eucgr.C01913.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	411,59	-	Exclusivo Controle
490	Eucgr.E00010.1	histidyl trna synthetase like	57,56	-	Exclusivo Controle
491	Eucgr.H04562.1	nadh flavin oxidoreductase	980,1	-	Exclusivo Controle
492	Eucgr.H01417.1	methylcrotonoyl carboxylase subunit mitochondrial like	319,81	-	Exclusivo Controle
493	Eucgr.K03447.2	otu domain containing protein	446,08	-	Exclusivo Controle
494	Eucgr.K03447.1	otu domain containing protein	446,08	-	Exclusivo Controle
495	RANDOM21355	e 21355	11,45	-	Exclusivo Controle
496	Eucgr.E00343.1	isoflavone reductase homolog	437,24	-	Exclusivo Controle
497	Eucgr.B02431.1	endoplasmic reticulum	70,29	-	Exclusivo Controle
498	Eucgr.I01040.2	serine carboxypeptidase like 18 like	612,12	-	Exclusivo Controle
499	Eucgr.D02357.1	UDP glucose glucosyltransferase Lycium barbarum	204,92	-	Exclusivo Controle
500	Eucgr.H04540.1	60s ribosomal protein l22 2	728,31	-	Exclusivo Controle
501	Eucgr.K01835.2	zinc finger cch domain containing protein 14 like isoform 1	303,52	-	Exclusivo Controle
502	Eucgr.C01361.1	topless related protein 4 like	167,05	-	Exclusivo Controle
503	Eucgr.G01295.1	thioredoxin domain containing	204,12	-	Exclusivo Controle
504	Eucgr.C02258.1	germin like protein subfamily 1 member	795,3	-	Exclusivo Controle
505	Eucgr.H02345.2	lysosomal pro x carboxypeptidase	174,74	-	Exclusivo Controle
506	Eucgr.H04366.2	auxin induced protein pcnt115	837,59	-	Exclusivo Controle
507	Eucgr.C02743.1	upf0480 protein at4g32130	424,67	-	Exclusivo Controle
508	Eucgr.C03716.3	arginyl trna synthetase	160,33	-	Exclusivo Controle
509	Eucgr.C03716.2	arginyl trna synthetase	413,14	-	Exclusivo Controle
510	Eucgr.H01176.5	phi class glutathione s transferase protein	24846,25	-	Exclusivo Controle
511	Eucgr.H01176.4	phi class glutathione s transferase protein	24437,99	-	Exclusivo Controle
512	Eucgr.H01176.3	phi class glutathione s transferase protein	23249,68	-	Exclusivo Controle
513	Eucgr.K00213.1	l idonate 5 dehydrogenase	245,27	-	Exclusivo Controle
514	Eucgr.D01575.1	probable prefoldin subunit 3	372,58	-	Exclusivo Controle
515	Eucgr.A01141.2	predicted protein Populus trichocarpa	340,15	-	Exclusivo Controle
516	Eucgr.G02988.2	mannose 1 phosphate guanylttransferase	354,56	-	Exclusivo Controle
517	Eucgr.G02988.1	mannose 1 phosphate guanylttransferase	354,56	-	Exclusivo Controle
518	Eucgr.E00458.3	beta ketoacyl acyl carrier protein synthase iii	321,49	-	Exclusivo Controle
519	Eucgr.E00943.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit	3345,3	-	Exclusivo Controle
520	Eucgr.B00427.3	hypersensitive induced response protein	1547,27	-	Exclusivo Controle
521	Eucgr.B00427.2	hypersensitive induced response protein	933,06	-	Exclusivo Controle
522	Eucgr.B02600.1	upf0061 protein azosea38000 like	84,22	-	Exclusivo Controle
523	Eucgr.B00427.1	hypersensitive induced response protein	690,41	-	Exclusivo Controle
524	Eucgr.C00504.1	unnamed protein product Vitis vinifera	82,03	-	Exclusivo Controle
525	Eucgr.I01133.2	40s ribosomal protein s16	730,69	-	Exclusivo Controle
526	Eucgr.I01133.1	40s ribosomal protein s16	1570,57	-	Exclusivo Controle
527	Eucgr.L03163.1	cysteine synthase	1388,77	-	Exclusivo Controle
528	Eucgr.J01980.1	kda class i heat shock protein	3750,01	-	Exclusivo Controle
529	Eucgr.A01021.4	metk2 elaum ame full s adenosylmethionine synthase 2 short et synthase 2 ame full	31870,15	-	Exclusivo Controle
530	Eucgr.K01474.1	thioredoxin like 1 chloroplastic like	180,83	-	Exclusivo Controle
531	Eucgr.C03044.1	predicted protein Populus trichocarpa	874,85	-	Exclusivo Controle
532	RANDOM16377	e 16377	533,63	-	Exclusivo Controle
533	Eucgr.H00470.1	aldo keto reductase akr	3118,4	-	Exclusivo Controle
534	Eucgr.I00395.4	prephenate aminotransferase	145,47	-	Exclusivo Controle
535	Eucgr.I00395.3	prephenate aminotransferase	1291,22	-	Exclusivo Controle
536	Eucgr.I02515.1	proline iminopeptidase like	1826,8	-	Exclusivo Controle
537	Eucgr.B02835.1	receptor like protein kinase	229,39	-	Exclusivo Controle
538	Eucgr.I02417.1	protein	543,86	-	Exclusivo Controle
539	Eucgr.L01809.1	hydroxycinnamoyl coenzyme a shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase	250,09	-	Exclusivo Controle
540	Eucgr.A02736.1	glutaminyl peptide cyclotransferase like	301,91	-	Exclusivo Controle
541	Eucgr.K01430.1	mitochondrial import receptor subunit tom22 homolog 2 like	680,95	-	Exclusivo Controle
542	Eucgr.G00803.2	nbs lrr resistance protein	85,52	-	Exclusivo Controle
543	Eucgr.F03288.1	gtp binding protein	1179,44	-	Exclusivo Controle
544	Eucgr.C02284.2	4 coumarate coenzyme a ligase	396,7	-	Exclusivo Controle
545	Eucgr.H02295.1	formamidase isoform 1	199,7	-	Exclusivo Controle
546	Eucgr.G01677.1	epoxide hydrolase	300,69	-	Exclusivo Controle
547	Eucgr.B01235.1	heat shock protein hsp 90 alpha like	5335,65	-	Exclusivo Controle
548	Eucgr.E03341.1	isoliquiritigenin 2 o methyltransferase like	714,92	-	Exclusivo Controle
549	Eucgr.F00250.1	gibberellin receptor	317,57	-	Exclusivo Controle
550	Eucgr.H04748.2	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptonate aldolase 3 deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	214,66	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
551	Eucgr.H04370.1	aldo keto	995,87	-	Exclusivo Controle
552	Eucgr.B03234.1	short chain dehydrogenase reductase	227,47	-	Exclusivo Controle
553	Eucgr.J02206.2	PREDICTED uncharacterized protein At4g28440 Vitis vinifera	347,39	-	Exclusivo Controle
554	Eucgr.K00087.1	4 coumarate ligase	137,56	-	Exclusivo Controle
555	Eucgr.C03720.2	peptidase m28 family protein	204,78	-	Exclusivo Controle
556	Eucgr.L02208.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262703 Vitis vinifera	149,09	-	Exclusivo Controle
557	Eucgr.A01878.1	flavonoid o methyltransferase related	273,88	-	Exclusivo Controle
558	Eucgr.E00053.1	dynamain related protein 5a isoform 1	85,63	-	Exclusivo Controle
559	Eucgr.L03158.1	tumor related protein	511,81	-	Exclusivo Controle
560	RANDOM37621	e 37621	33,86	-	Exclusivo Controle
561	Eucgr.H04681.1	transferase family protein	307,1	-	Exclusivo Controle
562	Eucgr.F02151.2	argininosuccinate lyase like	724,23	-	Exclusivo Controle
563	Eucgr.D01602.5	dihydrolipoamide succinyltransferase component of 2 oxoglutarate	615,85	-	Exclusivo Controle
564	Eucgr.H03988.1	pathogenesis related protein sth 2	20256,43	-	Exclusivo Controle
565	Eucgr.D01602.2	dihydrolipoamide succinyltransferase component of 2 oxoglutarate	1273,62	-	Exclusivo Controle
566	Eucgr.B01857.1	protein	85,48	-	Exclusivo Controle
567	Eucgr.G02917.2	40s ribosomal protein s15a 1 like	1162,43	-	Exclusivo Controle
568	Eucgr.A02451.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	406,4	-	Exclusivo Controle
569	Eucgr.E02408.1	urease accessory protein	109,87	-	Exclusivo Controle
570	Eucgr.G00442.2	ras related protein rab7 like isoform 1	432,82	-	Exclusivo Controle
571	Eucgr.D01837.2	ww domain containing oxidoreductase like isoform 1	427,51	-	Exclusivo Controle
572	Eucgr.F03866.1	hsp20 like chaperone	228,88	-	Exclusivo Controle
573	Eucgr.F02818.5	pyridoxal kinase	129,37	-	Exclusivo Controle
574	Eucgr.D00766.1	cytochrome p450	195,88	-	Exclusivo Controle
575	Eucgr.K00785.1	protein usf like	4321,18	-	Exclusivo Controle
576	Eucgr.K02882.4	adp glucose pyrophosphorylase family protein	214,54	-	Exclusivo Controle
577	Eucgr.K02882.3	gdp mannose pyrophosphorylase	308,76	-	Exclusivo Controle
578	Eucgr.I00777.1	nodulation receptor kinase	182,92	-	Exclusivo Controle
579	Eucgr.B02278.2	alpha glucan h isozyme	308,44	-	Exclusivo Controle
580	Eucgr.B02278.1	alpha glucan h isozyme	308,44	-	Exclusivo Controle
581	Eucgr.C02279.3	grxc4 arath ame full glutaredoxin c4 short rxc4	2290,71	-	Exclusivo Controle
582	Eucgr.C02279.2	grxc4 arath ame full glutaredoxin c4 short rxc4	2670,41	-	Exclusivo Controle
583	Eucgr.D02356.1	hqgt raise ame full hydroquinone glucosyltransferase ame full arbutin synthase	381,99	-	Exclusivo Controle
584	Eucgr.H05027.1	hypothetical protein VITISV 039356 Vitis vinifera	346,57	-	Exclusivo Controle
585	Eucgr.K00687.1	protein	194,67	-	Exclusivo Controle
586	Eucgr.A02588.1	bel1 homeotic	172,88	-	Exclusivo Controle
587	Eucgr.H00732.1	ras related protein raba5d like	2972,83	-	Exclusivo Controle
588	Eucgr.C00138.1	glucose 6 phosphate 1 epimerase	136,63	-	Exclusivo Controle
589	Eucgr.F03800.2	aldehyde dehydrogenase family 3 member h1 like isoform 1	759,25	-	Exclusivo Controle
590	Eucgr.K02331.2	alcohol dehydrogenase like 6	196,24	-	Exclusivo Controle
591	Eucgr.F01627.2	histone h3	5965,17	-	Exclusivo Controle
592	Eucgr.F01627.1	histone h3	9857,54	-	Exclusivo Controle
593	Eucgr.G02169.1	mlp like protein 28	651,56	-	Exclusivo Controle
594	Eucgr.E01119.6	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1483,46	-	Exclusivo Controle
595	Eucgr.E01119.2	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	5922,03	-	Exclusivo Controle
596	Eucgr.B01163.2	glutamine synthetase	512,69	-	Exclusivo Controle
597	Eucgr.B01087.2	5 nucleotidase sure	165	-	Exclusivo Controle
598	Eucgr.G01098.2	tryptophan synthase alpha	672,52	-	Exclusivo Controle
599	Eucgr.F02577.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100258273 isoform 2 Vitis vinifera	930,4	-	Exclusivo Controle
600	Eucgr.H03219.1	receptor protein kinase like protein at4g34220 like	305,94	-	Exclusivo Controle
601	Eucgr.B02212.3	probable protein pop3	2528,25	-	Exclusivo Controle
602	Eucgr.F00125.1	cytochrome b5 like	772,18	-	Exclusivo Controle
603	Eucgr.A02059.1	protein	77,11	-	Exclusivo Controle
604	Eucgr.C03670.1	probable lrr receptor like serine threonine protein kinase at4g08850 like	112,53	-	Exclusivo Controle
605	Eucgr.H00536.2	tpr repeat containing thioredoxin tdx like	511,82	-	Exclusivo Controle
606	Eucgr.H00536.1	tpr repeat containing thioredoxin tdx like	618	-	Exclusivo Controle
607	Eucgr.C02115.2	predicted protein Populus trichocarpa	52,63	-	Exclusivo Controle
608	Eucgr.B01550.2	structural maintenance of chromosome 1	28,95	-	Exclusivo Controle
609	Eucgr.G02889.1	dhar class glutathione transferase dhar2	343,58	-	Exclusivo Controle
610	Eucgr.E01892.1	f box protein pp2 b10	302,4	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
611	Eucgr.C03981.1	aspartyl trna cytoplasmic like	432,54	-	Exclusivo Controle
612	Eucgr.F02435.5	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260886 isoform 2 Vitis vinifera	1677	-	Exclusivo Controle
613	Eucgr.F02435.4	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260886 isoform 2 Vitis vinifera	2443,01	-	Exclusivo Controle
614	Eucgr.G01872.1	germin like protein 2 1 like	1998,16	-	Exclusivo Controle
615	Eucgr.C01431.1	topless related protein 4 like	62,96	-	Exclusivo Controle
616	Eucgr.H04027.1	major allergen pru ar 1 like	5900,71	-	Exclusivo Controle
617	RANDOM22911	e 22911	33,86	-	Exclusivo Controle
618	Eucgr.I00902.1	pathogenesis related protein sth 2	91,01	-	Exclusivo Controle
619	Eucgr.A02326.1	protein	178,28	-	Exclusivo Controle
620	Eucgr.K02500.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100241686 Vitis vinifera	295,13	-	Exclusivo Controle
621	Eucgr.B03860.1	udp glycosyltransferase 88a1 like	212,88	-	Exclusivo Controle
622	Eucgr.C02813.2	ubiquinol cytochrome c reductase complex 14 kda protein	19135,38	-	Exclusivo Controle
623	Eucgr.L00737.1	synovial sarcoma associated ss18	269,31	-	Exclusivo Controle
624	Eucgr.I02371.1	ferulate 5 hydroxylase	319,52	-	Exclusivo Controle
625	Eucgr.J00690.1	bifunctional aminoacyl trna synthetase like	914,98	-	Exclusivo Controle
626	Eucgr.J03199.2	cbs domain protein	5925,71	-	Exclusivo Controle
627	Eucgr.E01069.2	pyruvate dehydrogenase e1 component subunit alpha	313,65	-	Exclusivo Controle
628	Eucgr.L01589.1	cop9 signalosome complex subunit 7	333,38	-	Exclusivo Controle
629	Eucgr.J00085.1	cysteine proteinase inhibitor 12 like isoform 1	8420,94	-	Exclusivo Controle
630	Eucgr.K00109.1	translocase of chloroplast chloroplastic	244,7	-	Exclusivo Controle
631	Eucgr.I01180.1	serine threonine protein kinase	147,3	-	Exclusivo Controle
632	Eucgr.H02606.1	uncharacterized protein LOC100526985 Glycine max	1489,48	-	Exclusivo Controle
633	Eucgr.I02607.1	protein	54,82	-	Exclusivo Controle
634	Eucgr.B03620.3	serine threonine protein phosphatase pp2a 3 catalytic subunit	1228,96	-	Exclusivo Controle
635	Eucgr.H00055.1	transcription factor putative Ricinus communis	432,06	-	Exclusivo Controle
636	Eucgr.H03987.1	pathogenesis related protein sth 2	1931,13	-	Exclusivo Controle
637	Eucgr.B02473.1	elongation factor 1	11596,82	-	Exclusivo Controle
638	Eucgr.D01934.2	nad dependent epimerase	678,43	-	Exclusivo Controle
639	Eucgr.D01934.1	nad dependent epimerase	408,9	-	Exclusivo Controle
640	Eucgr.L01878.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	932,88	-	Exclusivo Controle
641	Eucgr.I02055.1	alpha glucan protein synthase	576,89	-	Exclusivo Controle
642	Eucgr.B01910.2	drm3	413,28	-	Exclusivo Controle
643	Eucgr.I01007.1	polyneuridine aldehyde esterase like	275,82	-	Exclusivo Controle
644	Eucgr.D01836.4	aquaporin 1	719,42	-	Exclusivo Controle
645	Eucgr.D01836.2	aquaporin 1	1173,41	-	Exclusivo Controle
646	Eucgr.D01836.1	mip pip subfamily	1133,55	-	Exclusivo Controle
647	Eucgr.C01328.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit	560,35	-	Exclusivo Controle
648	Eucgr.K01833.6	PREDICTED uncharacterized protein LOC100257061 Vitis vinifera	242,85	-	Exclusivo Controle
649	Eucgr.J02805.1	subtilisin like protease like	128,36	-	Exclusivo Controle
650	Eucgr.A02178.2	alpha n arabinofuranosidase 1	1492,94	-	Exclusivo Controle
651	Eucgr.I02775.1	phosphoribosylamine glycine ligase	81,13	-	Exclusivo Controle
652	Eucgr.E04308.4	probable udp n acetylglucosamine pyrophosphorylase like	990,25	-	Exclusivo Controle
653	Eucgr.E04308.3	probable udp n acetylglucosamine pyrophosphorylase like	871,09	-	Exclusivo Controle
654	Eucgr.C03812.1	type ii peroxiredoxin	35794,53	-	Exclusivo Controle
655	Eucgr.A00642.2	glycinamide ribonucleotide transformylase	442,87	-	Exclusivo Controle
656	Eucgr.D00645.3	epoxide partial	1551,9	-	Exclusivo Controle
657	Eucgr.G00654.1	beta xylosidase alpha l arabinofuranosidase 2 like	231,19	-	Exclusivo Controle
658	Eucgr.D00645.2	epoxide partial	375,51	-	Exclusivo Controle
659	Eucgr.I00301.3	26s proteasome non atpase regulatory	379,98	-	Exclusivo Controle
660	Eucgr.K01637.3	pyruvate cytosolic isozyme like	515,58	-	Exclusivo Controle
661	Eucgr.K01637.2	pyruvate cytosolic isozyme like	477,83	-	Exclusivo Controle
662	Eucgr.A02641.1	40s ribosomal protein s14	8423,22	-	Exclusivo Controle
663	Eucgr.J00058.2	hypothetical protein MPER 09217 Moniliophthora perniciosa FA553	360,03	-	Exclusivo Controle
664	Eucgr.F04166.1	ras related protein rab7 like	226,54	-	Exclusivo Controle
665	Eucgr.A02112.2	syntaxin 1b 2 3	523,9	-	Exclusivo Controle
666	Eucgr.E03957.1	peroxisomal short chain dehydrogenase reductase family protein	592,92	-	Exclusivo Controle
667	Eucgr.F00026.6	acyl peptide hydrolase like protein	358,96	-	Exclusivo Controle
668	Eucgr.F00026.3	acylamino acid releasing enzyme putative Ricinus communis	1629,56	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
669	Eucgr.A02876.1	unnamed protein product Vitis vinifera	213,33	-	Exclusivo Controle
670	Eucgr.L01140.1	proliferation associated protein 2g4	163,82	-	Exclusivo Controle
671	Eucgr.I02611.3	dynamain related protein 3a like	261,71	-	Exclusivo Controle
672	Eucgr.H01970.1	zinc finger	138,35	-	Exclusivo Controle
673	Eucgr.H03938.1	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3	440,79	-	Exclusivo Controle
674	Eucgr.A02854.1	gibberellin receptor	841,32	-	Exclusivo Controle
675	Eucgr.J00854.2	probable splicing factor 3a subunit 1 like	1464,13	-	Exclusivo Controle
676	Eucgr.J00854.1	probable splicing factor 3a subunit 1 like	884,02	-	Exclusivo Controle
677	Eucgr.B00327.1	betaine aldehyde dehydrogenase	1898,4	-	Exclusivo Controle
678	Eucgr.F01817.1	momilactone a synthase like isoform 2	90,93	-	Exclusivo Controle
679	Eucgr.B01353.1	germin like protein 2	447,05	-	Exclusivo Controle
680	Eucgr.C03299.3	nucleolysin tiar like	117,98	-	Exclusivo Controle
681	Eucgr.K03471.1	universal stress protein family protein	372,51	-	Exclusivo Controle
682	Eucgr.J02422.1	60s ribosomal protein l8	171,01	-	Exclusivo Controle
683	Eucgr.D00284.2	f box family protein	435,84	-	Exclusivo Controle
684	Eucgr.C01763.1	germin like protein subfamily 1 member	501,23	-	Exclusivo Controle
685	Eucgr.D01333.1	interferon induced gtp binding protein mx	135,01	-	Exclusivo Controle
686	Eucgr.J00734.1	low quality protein hexokinase 3 like	199,96	-	Exclusivo Controle
687	Eucgr.L01277.4	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	3342,07	-	Exclusivo Controle
688	Eucgr.L01277.3	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	1622,99	-	Exclusivo Controle
689	Eucgr.K02756.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit 6	412,28	-	Exclusivo Controle
690	Eucgr.L00305.1	protein disulfide	839,32	-	Exclusivo Controle
691	Eucgr.F03718.3	atp synthase subunit beta	1873,1	-	Exclusivo Controle
692	Eucgr.F03718.2	atp synthase subunit beta	2954,95	-	Exclusivo Controle
693	Eucgr.F03718.1	atp synthase subunit beta	1540,34	-	Exclusivo Controle
694	Eucgr.G01599.3	big map kinase	1214,26	-	Exclusivo Controle
695	Eucgr.H04337.2	transcription factor une12 like	184,16	-	Exclusivo Controle
696	Eucgr.G01599.2	map kinase	837,01	-	Exclusivo Controle
697	Eucgr.F00626.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262283 Vitis vinifera	329,87	-	Exclusivo Controle
698	Eucgr.E02646.1	ras related protein raba1f	1178,59	-	Exclusivo Controle
699	Eucgr.E00603.1	serine hydroxymethyltransferase	6502,44	-	Exclusivo Controle
700	Eucgr.B02592.4	enoyl acp reductase	151,17	-	Exclusivo Controle
701	Eucgr.A01467.1	splicing factor 3a subunit 3 like	121,39	-	Exclusivo Controle
702	Eucgr.J01640.1	sucrose synthase 2 like	266,9	-	Exclusivo Controle
703	Eucgr.D01622.1	reticuline oxidase	105,25	-	Exclusivo Controle
704	Eucgr.H03653.1	prolyl 4 hydroxylase alpha	224,52	-	Exclusivo Controle
705	Eucgr.E01909.1	pyruvate dehydrogenase e1 beta subunit	560,77	-	Exclusivo Controle
706	Eucgr.I00055.2	atp citrate synthase beta chain protein 1 like	1131,12	-	Exclusivo Controle
707	Eucgr.I01611.2	translocon associated beta subunit	486,83	-	Exclusivo Controle
708	Eucgr.G02937.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	63,73	-	Exclusivo Controle
709	Eucgr.B00451.1	dtbp glucose 4 6	905,62	-	Exclusivo Controle
710	Eucgr.A02040.3	reticulon like protein b8 isoform 3	241,51	-	Exclusivo Controle
711	Eucgr.J00040.4	dtbp glucose 4 6	4908,54	-	Exclusivo Controle
712	Eucgr.J00040.2	dtbp glucose 4 6	7244,07	-	Exclusivo Controle
713	Eucgr.J00040.1	dtbp glucose 4 6	6190,85	-	Exclusivo Controle
714	Eucgr.L01877.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	1095,33	-	Exclusivo Controle
715	Eucgr.A02880.4	uridylyate kinase	408,69	-	Exclusivo Controle
716	Eucgr.F03531.2	prolyl endopeptidase like	124,68	-	Exclusivo Controle
717	Eucgr.F03379.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262430 Vitis vinifera	131,43	-	Exclusivo Controle
718	Eucgr.G02915.3	ras related protein rabe1c	1485,94	-	Exclusivo Controle
719	Eucgr.G01920.1	potassium transporter 4 like	94,46	-	Exclusivo Controle
720	Eucgr.K00806.1	peroxidase 27	607,12	-	Exclusivo Controle
721	Eucgr.C04298.2	nascent polypeptide associated complex subunit alpha	320,53	-	Exclusivo Controle
722	Eucgr.I02010.1	vesicle transport v snare protein	610,17	-	Exclusivo Controle
723	Eucgr.F02695.3	polypyrimidine tract binding protein homolog 3 isoform 1	274,28	-	Exclusivo Controle
724	Eucgr.H01801.1	tmv resistance protein n like	262,09	-	Exclusivo Controle
725	Eucgr.F03313.1	unnamed protein product Vitis vinifera	113,41	-	Exclusivo Controle
726	Eucgr.K01227.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254120 Vitis vinifera	326,01	-	Exclusivo Controle
727	Eucgr.I00224.4	alcohol dehydrogenase 1	1218,21	-	Exclusivo Controle
728	Eucgr.I02169.1	26s protease regulatory subunit 7 like	6732,04	-	Exclusivo Controle
729	Eucgr.E01117.2	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	6590,95	-	Exclusivo Controle
730	Eucgr.E01117.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	5068,58	-	Exclusivo Controle
731	Eucgr.G01172.1	probable lrr receptor like serine threonine protein kinase at3g47570	24,72	-	Exclusivo Controle
732	Eucgr.J01128.1	leukotriene a 4	530,9	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
733	Eucgr.G03216.1	nadh ubiquinone oxidoreductase b14 subunit	271,22	-	Exclusivo Controle
734	Eucgr.L02232.2	kda class i heat shock protein	8712,76	-	Exclusivo Controle
735	Eucgr.C02899.2	4 amino 4 deoxychorismate lyase	523,91	-	Exclusivo Controle
736	Eucgr.I00535.1	histone h3	19125,95	-	Exclusivo Controle
737	Eucgr.F00025.1	predicted protein Populus trichocarpa	1645,17	-	Exclusivo Controle
738	Eucgr.F02962.2	thioredoxin family protein	326,52	-	Exclusivo Controle
739	Eucgr.I01561.1	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1 3	236,04	-	Exclusivo Controle
740	Eucgr.A00423.2	probable uridine nucleosidase 2	553,27	-	Exclusivo Controle
741	Eucgr.A00347.1	sar1 gtp binding secretory factor	2313,58	-	Exclusivo Controle
742	Eucgr.B03062.1	clavamate synthase like protein at3g21360 like	337,43	-	Exclusivo Controle
743	Eucgr.K00369.1	probable receptor like protein kinase at1g67000 like	228,6	-	Exclusivo Controle
744	Eucgr.D01906.2	udp glucose 4 epimerase	272,57	-	Exclusivo Controle
745	Eucgr.F00767.2	heat shock protein 105	236,21	-	Exclusivo Controle
746	Eucgr.F00412.1	universal stress protein a like protein	242,94	-	Exclusivo Controle
747	Eucgr.D02501.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100266783 Vitis vinifera	296,95	-	Exclusivo Controle
748	Eucgr.E03836.1	farnesyl diphosphate synthase	346,08	-	Exclusivo Controle
749	Eucgr.C03374.1	ankyrin repeat containing protein at2g01680 like	195,51	-	Exclusivo Controle
750	Eucgr.H04025.1	importin subunit alpha 1 like	972,65	-	Exclusivo Controle
751	Eucgr.K02777.1	protein l isoaspartate o	1973,77	-	Exclusivo Controle
752	Eucgr.F02411.1	fiber annexin	2698,36	-	Exclusivo Controle
753	Eucgr.D01687.1	upf0160 protein mitochondrial like	422,65	-	Exclusivo Controle
754	Eucgr.C00638.1	ndus7 braol ame full nadh dehydrogenase iron sulfur protein mitochondrial flags pre	151,27	-	Exclusivo Controle
755	Eucgr.F02744.3	alcohol dehydrogenase putative Ricinus communis	4729,11	-	Exclusivo Controle
756	Eucgr.I02747.1	retinol dehydrogenase 11	209,64	-	Exclusivo Controle
757	Eucgr.D00261.3	uncharacterized membrane	89,9	-	Exclusivo Controle
758	Eucgr.D00261.2	uncharacterized membrane	121,75	-	Exclusivo Controle
759	Eucgr.E03716.1	peroxidase 27	376,11	-	Exclusivo Controle
760	Eucgr.F01597.1	taxadien 5 alpha ol o	152,31	-	Exclusivo Controle
761	Eucgr.C01588.2	aspartate aminotransferase 2	371,71	-	Exclusivo Controle
762	Eucgr.C01588.1	aspartate aminotransferase 2	503,5	-	Exclusivo Controle
763	Eucgr.L02325.1	calcium transporting atpase plasma membrane type like	116,86	-	Exclusivo Controle
764	Eucgr.B01156.7	endo beta d	587,2	-	Exclusivo Controle
765	Eucgr.B01996.4	glutamyl trna amidotransferase subunit a like	849,47	-	Exclusivo Controle
766	Eucgr.L03275.1	cinnamyl alcohol dehydrogenase	475,78	-	Exclusivo Controle
767	Eucgr.G02216.1	protein	247,95	-	Exclusivo Controle
768	Eucgr.F03241.2	ku p70 dna	113,17	-	Exclusivo Controle
769	Eucgr.K01231.1	glutathione s transferase f10 like	1452,01	-	Exclusivo Controle
770	Eucgr.B02591.1	zinc finger cch domain containing protein 14 like	546,33	-	Exclusivo Controle
771	Eucgr.J00590.1	strictosidine synthase like 3	934,45	-	Exclusivo Controle
772	Eucgr.D01976.1	pentatricopeptide repeat containing protein at4g22760 like	587,9	-	Exclusivo Controle
773	Eucgr.F03650.1	kh domain containing protein at5g56140 like	292,5	-	Exclusivo Controle
774	Eucgr.H02096.1	sumo conjugating enzyme sce1 like	710,74	-	Exclusivo Controle
775	Eucgr.D00474.1	gtp binding protein	1016,22	-	Exclusivo Controle
776	Eucgr.J01972.1	kda class i heat shock protein	6105,2	-	Exclusivo Controle
777	Eucgr.J01896.1	pyruvate decarboxylase 1	142,86	-	Exclusivo Controle
778	Eucgr.G00052.1	cinnamoyl reductase	208,1	-	Exclusivo Controle
779	Eucgr.C04084.3	small nuclear	804,17	-	Exclusivo Controle
780	Eucgr.J01541.1	atp dependent clp protease proteolytic subunit chloroplastic like	220,36	-	Exclusivo Controle
781	Eucgr.C04084.2	small nuclear	386,03	-	Exclusivo Controle
782	Eucgr.H03554.1	probable carboxylesterase 2 like	326,8	-	Exclusivo Controle
783	Eucgr.A02394.1	pura2 ricco ame full adenylosuccinate synthetase chloroplastic short amspase 2 short	138,72	-	Exclusivo Controle
784	Eucgr.A01853.2	aminotransferase family protein	320,68	-	Exclusivo Controle
785	Eucgr.L03133.1	monodehydroascorbate reductase	2628,08	-	Exclusivo Controle
786	Eucgr.I02484.1	serine threonine protein plant	121,77	-	Exclusivo Controle
787	Eucgr.J03033.1	probable histone h2a variant 3	2341,39	-	Exclusivo Controle
788	Eucgr.J00319.1	sun domain containing protein 1 like	23,37	-	Exclusivo Controle
789	Eucgr.I02031.1	NA	440,24	-	Exclusivo Controle
790	Eucgr.B00178.2	probable galactinol sucrose galactosyltransferase 2 like	135,85	-	Exclusivo Controle
791	Eucgr.D02353.1	hqgt raise ame full hydroquinone glucosyltransferase ame full arbutin synthase	213,38	-	Exclusivo Controle
792	Eucgr.L01401.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	843,02	-	Exclusivo Controle
793	Eucgr.I00321.2	shikimate kinase	206,98	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
794	Eucgr.I01801.3	quinone oxidoreductase	1675,18	-	Exclusivo Controle
795	Eucgr.G00652.1	alpha l arabinofuranosidase beta d xylosidase	559	-	Exclusivo Controle
796	Eucgr.H00146.2	60s ribosomal protein l14 2 like	1584,7	-	Exclusivo Controle
797	Eucgr.H00146.1	60s ribosomal protein	934,12	-	Exclusivo Controle
798	Eucgr.F03645.1	tapetum specific zinc finger protein 1	225,47	-	Exclusivo Controle
799	Eucgr.H04340.1	calcium ion binding	1146,8	-	Exclusivo Controle
800	Eucgr.F03978.1	hydroxycinnamoyl shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase	410,02	-	Exclusivo Controle
801	Eucgr.J00056.1	hypothetical protein MPER 09217 Monilophthora perniciosa FA553	386,81	-	Exclusivo Controle
802	Eucgr.E01071.1	pyruvate dehydrogenase e1 component subunit alpha	769,32	-	Exclusivo Controle
803	Eucgr.A02465.1	aha1 domain containing protein	215,92	-	Exclusivo Controle
804	Eucgr.J00465.3	60s acidic ribosomal protein	8902,24	-	Exclusivo Controle
805	Eucgr.J03126.1	hydroxycinnamoyl shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase	346,36	-	Exclusivo Controle
806	Eucgr.H05139.1	snf7 family protein	379,79	-	Exclusivo Controle
807	Eucgr.E03524.1	sps1 citun ame full probable sucrose phosphate synthase 1 ame full udp glucose fruc	28,1	-	Exclusivo Controle
808	Eucgr.G02531.1	quinonprotein alcohol dehydrogenase like	357,37	-	Exclusivo Controle
809	Eucgr.H05117.3	uvb resistance 8	361,52	-	Exclusivo Controle
810	Eucgr.K00013.1	probable 6 phosphogluconolactonase chloroplastic like	1342,85	-	Exclusivo Controle
811	Eucgr.H03936.2	udp glucuronic acid decarboxylase 1 like	134,76	-	Exclusivo Controle
812	Eucgr.F04120.2	proteasome subunit alpha type 2 a like	2574,21	-	Exclusivo Controle
813	Eucgr.K03491.1	small nuclear ribonucleoprotein u	211,91	-	Exclusivo Controle
814	Eucgr.J02873.1	atp binding	127,84	-	Exclusivo Controle
815	Eucgr.A00248.1	2 isopropylmalate synthase 2	510,98	-	Exclusivo Controle
816	Eucgr.H02865.2	nadh dehydrogenase	1259,94	-	Exclusivo Controle
817	Eucgr.A01781.1	regulator of ribonuclease like protein	1146,03	-	Exclusivo Controle
818	Eucgr.B03902.1	udp apiose xylose synthase	1818,29	-	Exclusivo Controle
819	Eucgr.H02358.7	malate glyoxysomal	2099,13	-	Exclusivo Controle
820	Eucgr.H02358.4	malate glyoxysomal	3970,2	-	Exclusivo Controle
821	Eucgr.H05019.1	gamma irradiation and mitomycin c induced 1	367,16	-	Exclusivo Controle
822	Eucgr.A01198.1	glutathione s transferase omega	508,29	-	Exclusivo Controle
823	Eucgr.B00227.3	dead box atp dependent rna	333,82	-	Exclusivo Controle
824	Eucgr.D00305.1	50 kda ketoavyl acp synthase	1401,87	-	Exclusivo Controle
825	Eucgr.K00324.1	ribosomal protein l9	21209,49	-	Exclusivo Controle
826	Eucgr.K02345.1	predicted protein Populus trichocarpa	313,99	-	Exclusivo Controle
827	Eucgr.H04842.2	developmentally regulated gtp binding	264,3	-	Exclusivo Controle
828	Eucgr.E03715.1	peroxidase 27	150,7	-	Exclusivo Controle
829	Eucgr.J00180.2	sorting and assembly machinery	102,15	-	Exclusivo Controle
830	Eucgr.D01566.1	serine threonine protein plant	78,06	-	Exclusivo Controle
831	Eucgr.K01661.1	probable glutathione s transferase	560,12	-	Exclusivo Controle
832	Eucgr.C01134.1	nadh cytochrome b5 reductase like protein	464,58	-	Exclusivo Controle
833	Eucgr.D00571.1	apoptosis inhibitor 5 like	247,93	-	Exclusivo Controle
834	Eucgr.D01975.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100801730 Glycine max	374,82	-	Exclusivo Controle
835	Eucgr.B02106.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit f	1563,01	-	Exclusivo Controle
836	Eucgr.H04192.1	germin like protein subfamily 1 member	2797,44	-	Exclusivo Controle
837	Eucgr.E02448.2	cysteine rich receptor like protein kinase 25 like	122,04	-	Exclusivo Controle
838	Eucgr.H00483.1	auxin induced protein pcnt115 like isoform 1	587,25	-	Exclusivo Controle
839	Eucgr.F01378.4	chalcone isomerase like protein	216,03	-	Exclusivo Controle
840	Eucgr.L00009.1	cysteine chloroplastic chromoplastic isoform 1	2076,98	-	Exclusivo Controle
841	Eucgr.E00329.3	placental protein 11	179,83	-	Exclusivo Controle
842	Eucgr.J00393.1	protein ndr1 like	96,97	-	Exclusivo Controle
843	Eucgr.B03874.1	vacuolar protein sorting associated protein	152,16	-	Exclusivo Controle
844	Eucgr.E00814.1	disease resistance response protein	949,22	-	Exclusivo Controle
845	Eucgr.F04070.1	d 3 phosphoglycerate dehydrogenase	256,8	-	Exclusivo Controle
846	Eucgr.H00817.1	26s proteasome regulatory subunit 4 homolog a like	1486,13	-	Exclusivo Controle
847	Eucgr.E02381.1	chlorophyll a b binding	311,4	-	Exclusivo Controle
848	Eucgr.H04504.2	serine type peptidase trypsin	231,78	-	Exclusivo Controle
849	Eucgr.H04504.1	serine type peptidase trypsin	856,07	-	Exclusivo Controle
850	Eucgr.E00716.1	26s proteasome non atpase regulatory subunit	505,64	-	Exclusivo Controle
851	Eucgr.J02824.3	developmentally regulated gtp binding protein 2	201,2	-	Exclusivo Controle
852	Eucgr.L00782.2	thiosulfate sulfurtransferase	8586,18	-	Exclusivo Controle
853	Eucgr.L03367.1	germin like protein 2	1157,72	-	Exclusivo Controle
854	Eucgr.L01400.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	513,85	-	Exclusivo Controle
855	Eucgr.H04815.1	myo inositol 1 phosphate synthase	384,52	-	Exclusivo Controle
856	Eucgr.B00995.2	aldose 1 epimerase	3929,77	-	Exclusivo Controle
857	Eucgr.B00995.1	aldose 1 epimerase	5683,41	-	Exclusivo Controle

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
858	Eucgr.A01127.2	cytoplasmic aconitate hydratase	5318,19	-	Exclusivo Controle
859	Eucgr.E01137.1	actin Persea americana	2508,6	-	Exclusivo Controle
860	Eucgr.G00651.1	beta xylosidase alpha l arabinofuranosidase 2 like	291,13	-	Exclusivo Controle
861	Eucgr.J00584.1	phosphatidylglycerol phosphatidylinositol transfer protein	450,27	-	Exclusivo Controle
862	Eucgr.G00575.1	kinetochore protein	318,54	-	Exclusivo Controle
863	Eucgr.K02251.1	probable glutathione s transferase	239,83	-	Exclusivo Controle
864	Eucgr.D01108.1	hypothetical protein Osl 02805 Oryza sativa Indica Group	139,67	-	Exclusivo Controle
865	Eucgr.G03138.5	chalcone isomerase like protein	4383,39	-	Exclusivo Controle
866	Eucgr.A01869.1	prohibitin 1 like protein	1573,2	-	Exclusivo Controle
867	Eucgr.K00563.2	bifunctional aminoacyl trna synthetase	225,89	-	Exclusivo Controle
868	Eucgr.J02583.1	26s protease regulatory subunit 7 like	7651,79	-	Exclusivo Controle
869	Eucgr.C02133.2	proteasome subunit beta type 6	881,44	-	Exclusivo Controle
870	Eucgr.L02230.1	eukaryotic translation initiation factor 3	1121,91	-	Exclusivo Controle
871	Eucgr.J00895.1	abc transporter family protein	193,05	-	Exclusivo Controle
872	Eucgr.F02475.2	kda vesicle transport protein	1091,44	-	Exclusivo Controle
873	Eucgr.K01869.3	phosphoprotein phosphatase 2a isoform 4	943,23	-	Exclusivo Controle
874	Eucgr.K00034.1	probable receptor like protein kinase at1g67000 like	210,84	-	Exclusivo Controle
875	Eucgr.B00853.1	pre mna splicing factor spf27 like protein	672,78	-	Exclusivo Controle
876	Eucgr.K02971.1	proliferation associated protein 2g4	321,09	-	Exclusivo Controle
877	Eucgr.B02443.1	zinc binding	379,11	-	Exclusivo Controle
878	Eucgr.C01903.1	udp glycosyltransferase 88a1 like	315,39	-	Exclusivo Controle
879	Eucgr.B02012.2	phenylalanyl trna synthetase beta	258,32	-	Exclusivo Controle
880	Eucgr.H04476.1	nuclear transcription factor y subunit c 9	284,48	-	Exclusivo Controle
881	Eucgr.L01417.1	glutathione s	193,55	-	Exclusivo Controle
882	Eucgr.I01408.1	l ascorbate peroxidase	125,49	-	Exclusivo Controle
883	Eucgr.B04011.1	u1 small nuclear ribonucleoprotein a	874,29	-	Exclusivo Controle
884	Eucgr.K01749.1	predicted protein Populus trichocarpa	104,47	-	Exclusivo Controle
885	Eucgr.J01802.4	serine threonine protein phosphatase pp2a 3 catalytic subunit	1067,14	-	Exclusivo Controle
886	Eucgr.D02325.2	peptidase family protein	117,31	-	Exclusivo Controle
887	Eucgr.J01802.2	protein phsophatase	843,61	-	Exclusivo Controle
888	Eucgr.H00238.1	methionine aminopeptidase 2b	251,95	-	Exclusivo Controle
889	Eucgr.C03728.1	hexokinase 1	215,3	-	Exclusivo Controle
890	Eucgr.I01719.2	proteasome subunit beta type	424,73	-	Exclusivo Controle
891	Eucgr.F00721.1	ribonuclease 3 like protein 2 like	67,11	-	Exclusivo Controle
892	Eucgr.B03197.1	vesicle transport v snare 12 isoform 1	271,71	-	Exclusivo Controle
893	Eucgr.I00724.3	nadh dehydrogenase	444,83	-	Exclusivo Controle
894	Eucgr.I00724.2	nadh quinone oxidoreductase subunit i	669,7	-	Exclusivo Controle
895	Eucgr.I00724.1	nadh quinone oxidoreductase subunit i	664,36	-	Exclusivo Controle
896	Eucgr.F00191.1	protein ssh4	281,12	-	Exclusivo Controle
897	Eucgr.F04332.2	replication factor c dna polymerase iii gamma tau	556,64	-	Exclusivo Controle
898	Eucgr.J02245.1	nuclear pore membrane glycoprotein 210 like	48,16	-	Exclusivo Controle
899	Eucgr.A00105.2	probable hydroxyacylglutathione hydrolase chloroplast isoform 2	437,57	-	Exclusivo Controle
900	Eucgr.B01994.1	glutamyl trna amidotransferase subunit a like	244,7	-	Exclusivo Controle
901	Eucgr.J01606.3	glutamine synthetase	974,3	-	Exclusivo Controle
902	Eucgr.J01606.2	glutamine synthetase	5349,67	-	Exclusivo Controle
903	Eucgr.A01055.2	probable serine threonine protein kinase wnk11 like	335,35	-	Exclusivo Controle
904	Eucgr.L01608.1	serine carboxypeptidase like 18 like	275,33	-	Exclusivo Controle
905	Eucgr.D00494.1	kdel tailed cysteine endopeptidase cep1	1066,52	-	Exclusivo Controle
906	Eucgr.C00849.5	mitogen activated protein kinase	221,8	-	Exclusivo Controle
907	Eucgr.C03563.1	predicted protein Populus trichocarpa	54,4	-	Exclusivo Controle
908	Eucgr.F02955.1	12 oxophytodienoate reductase	490,01	-	Exclusivo Controle
909	Eucgr.F02879.1	PREDICTED nicastrin Vitis vinifera	157,32	-	Exclusivo Controle
910	Eucgr.L01056.1	acetyl c acetyltransferase	1670,82	-	Exclusivo Controle
911	Eucgr.C01368.5	topless related protein 4 like	210,99	-	Exclusivo Controle
912	Eucgr.C01368.4	topless related protein 4 like	182,32	-	Exclusivo Controle
913	Eucgr.C04029.1	rna lariat debranching	215,84	-	Exclusivo Controle
914	Eucgr.L01465.2	uncharacterized protein LOC100306167 Glycine max	682,42	-	Exclusivo Controle
915	Eucgr.A02415.4	otu domain containing protein at3g57810 like	214,53	-	Exclusivo Controle
916	Eucgr.I01025.1	oxygen evolving enhancer protein chloroplast	337,83	-	Exclusivo Controle
917	Eucgr.J01819.1	calmodulin binding protein	138,56	-	Exclusivo Controle
918	Eucgr.E03299.1	pointed first leaf	1706,88	-	Exclusivo Controle
1	Eucgr.C00684.1	af159562 1cytosolic class ii low molecular weight heat shock protein	793,4	-	Exclusivo Tratamento
2	Eucgr.L00728.1	upf0481 protein at3g47200	69,32	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
3	Eucgr.A01579.1	germin like protein subfamily 1 member	3832,78	-	Exclusivo Tratamento
4	Eucgr.C00609.1	nadp dependent malic enzyme like	39,62	-	Exclusivo Tratamento
5	Eucgr.F02715.1	transcription factor vip1 like	3343,88	-	Exclusivo Tratamento
6	Eucgr.L02175.1	glutamine synthetase	51,53	-	Exclusivo Tratamento
7	Eucgr.A00344.1	gtp binding protein sar1a	2378,77	-	Exclusivo Tratamento
8	Eucgr.B04032.1	26s protease regulatory subunit 6b homolog	2431,78	-	Exclusivo Tratamento
9	Eucgr.K01392.2	PREDICTED uncharacterized protein LOC100245992 Vitis vinifera	204,6	-	Exclusivo Tratamento
10	Eucgr.L03490.1	gras family transcription factor	200,62	-	Exclusivo Tratamento
11	Eucgr.H04960.5	mitochondrial respiratory chain complexes assembly protein	102,63	-	Exclusivo Tratamento
12	Eucgr.K02796.1	phloem specific protein	1676,26	-	Exclusivo Tratamento
13	Eucgr.G02764.4	dhar class glutathione transferase dhar2	3113,29	-	Exclusivo Tratamento
14	Eucgr.A00126.1	major allergen pru ar 1	775,59	-	Exclusivo Tratamento
15	Eucgr.K00579.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100253767 Vitis vinifera	209,31	-	Exclusivo Tratamento
16	Eucgr.G00116.1	uridylyate kinase	763,84	-	Exclusivo Tratamento
17	Eucgr.E01140.1	NA	496,07	-	Exclusivo Tratamento
18	Eucgr.E01064.1	alcohol dehydrogenase like 3	198,17	-	Exclusivo Tratamento
19	Eucgr.B00438.1	histone ubiquitination proteins group	241,32	-	Exclusivo Tratamento
20	Eucgr.A02027.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100254120 Vitis vinifera	482,37	-	Exclusivo Tratamento
21	Eucgr.H00072.3	protein plastid transcriptionally active 5	165,68	-	Exclusivo Tratamento
22	Eucgr.K00490.1	probable receptor like protein kinase at1g67000 like	166,91	-	Exclusivo Tratamento
23	Eucgr.H00481.1	aldo keto	1320,81	-	Exclusivo Tratamento
24	Eucgr.F01883.1	protein	1447,76	-	Exclusivo Tratamento
25	Eucgr.K02027.2	aspartyl trna cytoplasmic like	749,51	-	Exclusivo Tratamento
26	Eucgr.J00414.1	btb poz domain containing protein at3g44820 like	165,75	-	Exclusivo Tratamento
27	Eucgr.E04369.1	receptor like protein 12 like	301,52	-	Exclusivo Tratamento
28	Eucgr.E03298.1	vesicle fusing atpase like	124,67	-	Exclusivo Tratamento
29	Eucgr.L02922.1	disease resistance protein rga2 like	83,67	-	Exclusivo Tratamento
30	Eucgr.C00350.2	eukaryotic translation initiation factor 5a4	757,08	-	Exclusivo Tratamento
31	Eucgr.H04426.4	copper zinc superoxide dismutase	5916,06	-	Exclusivo Tratamento
32	Eucgr.E00638.4	dna repair and transcription factor xpb1	208,83	-	Exclusivo Tratamento
33	Eucgr.A01578.1	germin like protein subfamily 1 member	4223,51	-	Exclusivo Tratamento
34	Eucgr.E04249.2	glycine cleavage system h protein	1306,15	-	Exclusivo Tratamento
35	Eucgr.B01579.2	epoxide hydrolase 1	778,53	-	Exclusivo Tratamento
36	Eucgr.G00618.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100245237 Vitis vinifera	358,17	-	Exclusivo Tratamento
37	Eucgr.A02097.5	glutamate dehydrogenase 1	601,7	-	Exclusivo Tratamento
38	Eucgr.F02260.2	adenine phosphoribosyltransferase 1	999,43	-	Exclusivo Tratamento
39	Eucgr.E04227.1	gtp binding rab2a like protein	271,72	-	Exclusivo Tratamento
40	Eucgr.A00992.4	peptidyl prolyl cis trans	276,86	-	Exclusivo Tratamento
41	Eucgr.G03234.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100249731 Vitis vinifera	156,07	-	Exclusivo Tratamento
42	Eucgr.K00583.1	atp binding cassette	135,51	-	Exclusivo Tratamento
43	Eucgr.G02087.1	rna dependent rna polymerase	125,56	-	Exclusivo Tratamento
44	Eucgr.F02571.1	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate aspartate prephenate aminotrans	145,78	-	Exclusivo Tratamento
45	Eucgr.I00477.1	probable lrr receptor like serine threonine protein kinase at3g47570 partial	106,25	-	Exclusivo Tratamento
46	Eucgr.L00918.1	cysteine proteinase	703,96	-	Exclusivo Tratamento
47	Eucgr.J02506.1	f box family protein	364,44	-	Exclusivo Tratamento
48	Eucgr.K01867.2	dead box atp dependent rna helicase 37 like	365,92	-	Exclusivo Tratamento
49	Eucgr.F02905.3	udp glucose pyrophosphorylase	3991,15	-	Exclusivo Tratamento
50	Eucgr.K02916.1	autoinhibited h atpase	11,15	-	Exclusivo Tratamento
51	Eucgr.G00279.1	disease resistance response	543,86	-	Exclusivo Tratamento
52	Eucgr.C03922.1	iaa amino acid hydrolase ilr1 like 4	311,01	-	Exclusivo Tratamento
53	Eucgr.C00830.2	40s ribosomal protein s3 3	3871,36	-	Exclusivo Tratamento
54	Eucgr.I02023.5	PREDICTED uncharacterized protein At5g39570 Vitis vinifera	168,03	-	Exclusivo Tratamento
55	Eucgr.B01726.1	mitogen activated protein kinase	344,61	-	Exclusivo Tratamento
56	Eucgr.H04376.1	aldo keto	344,02	-	Exclusivo Tratamento
57	Eucgr.H02840.1	probable lrr receptor like serine threonine protein kinase at3g47570 partial	98,92	-	Exclusivo Tratamento
58	Eucgr.F01691.2	trx domain containing protein	212,77	-	Exclusivo Tratamento
59	Eucgr.L02343.1	germin like protein 2 1 like	916,45	-	Exclusivo Tratamento
60	Eucgr.K03315.3	nadh dehydrogenase flavoprotein 2	766,24	-	Exclusivo Tratamento
61	Eucgr.F02997.1	udp glycosyltransferase 88a1 like	435,61	-	Exclusivo Tratamento
62	Eucgr.K03194.1	glutathione s transferase i3 like	406,83	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante

(62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
63	Eucgr.J01959.1	kda class i heat shock protein	1356,83	-	Exclusivo Tratamento
64	Eucgr.F01140.2	nbs lrr resistance protein	27,45	-	Exclusivo Tratamento
65	Eucgr.B02080.2	importin subunit alpha 1 like	1036,32	-	Exclusivo Tratamento
66	Eucgr.G02114.1	ubx domain containing protein	306,99	-	Exclusivo Tratamento
67	Eucgr.E04057.2	NA	45,18	-	Exclusivo Tratamento
68	Eucgr.D02029.1	acid invertase	108	-	Exclusivo Tratamento
69	Eucgr.H03496.1	sucrose synthase	64,31	-	Exclusivo Tratamento
70	Eucgr.F00425.1	anthranilate n benzoyltransferase	192,43	-	Exclusivo Tratamento
71	Eucgr.E01828.1	atp binding	118,75	-	Exclusivo Tratamento
72	Eucgr.I02018.2	voltage dependent anion selective	2884,77	-	Exclusivo Tratamento
73	Eucgr.A02413.2	transcription factor bhlh60	203,51	-	Exclusivo Tratamento
74	Eucgr.E04368.1	receptor protein kinase like protein	249,55	-	Exclusivo Tratamento
75	Eucgr.H03354.2	hydroxycinnamoyl shikimate quinate	250,78	-	Exclusivo Tratamento
76	Eucgr.A01577.1	hydroxycinnamoyltransferase like protein	2537,76	-	Exclusivo Tratamento
77	Eucgr.F02228.1	germin like protein subfamily 1 member	133,26	-	Exclusivo Tratamento
78	Eucgr.I02307.3	atp binding	2718,47	-	Exclusivo Tratamento
79	Eucgr.H04380.1	aconitate hydratase 1 like	384,55	-	Exclusivo Tratamento
80	Eucgr.B02627.1	probable ribose 5 phosphate isomerase like	753,17	-	Exclusivo Tratamento
81	Eucgr.I01236.1	hypothetical protein VITISV 025194 Vitis vinifera	4398,42	-	Exclusivo Tratamento
82	Eucgr.E02205.1	non symbiotic hemoglobin class 1	170,78	-	Exclusivo Tratamento
83	Eucgr.I02693.1	pentatricopeptide repeat containing protein	290,44	-	Exclusivo Tratamento
84	Eucgr.H04691.1	fad nad binding oxidoreductase domain containing protein	147,84	-	Exclusivo Tratamento
85	Eucgr.C04097.2	cytochrome p450 71 family protein	201,77	-	Exclusivo Tratamento
86	Eucgr.K03047.1	cytochrome p450	30,6	-	Exclusivo Tratamento
87	Eucgr.H04571.1	receptor protein kinase 1 like	142,01	-	Exclusivo Tratamento
88	Eucgr.L02484.1	dna repair protein	176,6	-	Exclusivo Tratamento
89	Eucgr.I02475.1	interferon induced gtp binding protein	192,25	-	Exclusivo Tratamento
90	Eucgr.A02794.1	upf0496 protein at4g34320 like	255,55	-	Exclusivo Tratamento
91	Eucgr.H02785.1	remorin 1	210,05	-	Exclusivo Tratamento
92	Eucgr.H04829.1	protein mida homolog	170,35	-	Exclusivo Tratamento
93	Eucgr.E04319.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100782686	512,47	-	Exclusivo Tratamento
94	Eucgr.E01280.1	Glycine max	546,6	-	Exclusivo Tratamento
95	Eucgr.B02599.4	splicing factor 3b	112,97	-	Exclusivo Tratamento
96	Eucgr.G00589.1	NA	219,34	-	Exclusivo Tratamento
97	Eucgr.L00752.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	217,18	-	Exclusivo Tratamento
98	Eucgr.F01713.1	secologanin synthase	650,71	-	Exclusivo Tratamento
99	Eucgr.A02652.1	60s ribosomal protein I7 4 like	518,29	-	Exclusivo Tratamento
100	Eucgr.L01627.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100811870	354,63	-	Exclusivo Tratamento
101	Eucgr.L01173.1	Glycine max	128,08	-	Exclusivo Tratamento
102	Eucgr.K03171.1	quinone oxidoreductase pig3	190,12	-	Exclusivo Tratamento
103	Eucgr.I00601.1	aspartyl protease family protein	198,26	-	Exclusivo Tratamento
104	Eucgr.E00014.1	probable disease resistance protein at5g63020 like	423,21	-	Exclusivo Tratamento
105	Eucgr.B02942.1	diaminopimelate epimerase	1463,48	-	Exclusivo Tratamento
106	Eucgr.I02092.1	PREDICTED uncharacterized protein At4g37920	1923,43	-	Exclusivo Tratamento
107	Eucgr.J02455.2	chloroplastic like Vitis vinifera	95,04	-	Exclusivo Tratamento
108	Eucgr.J02940.3	inorganic pyrophosphatase	62,6	-	Exclusivo Tratamento
109	Eucgr.C00370.2	pgmc poptn ame full cytoplasmic short pgm ame full	647,33	-	Exclusivo Tratamento
110	Eucgr.F02423.1	glucose phosphomutase	3632,77	-	Exclusivo Tratamento
111	Eucgr.A00648.1	6 phosphogluconate decarboxylating like isoform 2	150,55	-	Exclusivo Tratamento
112	Eucgr.I01333.2	lysosomal alpha mannosidase	182,07	-	Exclusivo Tratamento
113	Eucgr.E00182.2	nadp malic enzyme 4	444,28	-	Exclusivo Tratamento
114	Eucgr.G03178.1	temperature induced lipocalin	276,61	-	Exclusivo Tratamento
115	Eucgr.B03576.1	fiber annexin	152,28	-	Exclusivo Tratamento
116	Eucgr.A02073.2	o fucosyltransferase like protein	746,47	-	Exclusivo Tratamento
117	Eucgr.A02073.1	nad linked oxidoreductase domain containing protein	603,18	-	Exclusivo Tratamento
118	Eucgr.G01975.1	phosphomannomutase isoform 2	266,07	-	Exclusivo Tratamento
119	Eucgr.A01865.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100262520	236,29	-	Exclusivo Tratamento
120	Eucgr.L00053.1	Vitis vinifera	299,42	-	Exclusivo Tratamento
121	Eucgr.F01014.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	214,38	-	Exclusivo Tratamento
122	Eucgr.B02461.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	558,07	-	Exclusivo Tratamento
123	Eucgr.I01017.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	59,09	-	Exclusivo Tratamento
124	Eucgr.K03046.1	glycyl trna synthetase mitochondrial like	155,75	-	Exclusivo Tratamento
		orcinol o methyltransferase			
		nadp dependent alkenal double bond reductase p2			
		bed finger nbs lrr resistance protein			
		n alpha acetyltransferase auxiliary subunit like			
		zinc finger			
		bel1 homeotic			

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
125	Eucgr.K03531.4	protein disulfide	26396,08	-	Exclusivo Tratamento
126	Eucgr.I01911.1	atpase plasma membrane type like	105,78	-	Exclusivo Tratamento
127	Eucgr.B01292.1	cullin 1 isoform 1	169,13	-	Exclusivo Tratamento
128	Eucgr.K01412.1	wall associated receptor kinase like 10 partial	138,81	-	Exclusivo Tratamento
129	Eucgr.B00599.1	replication factor a	129,44	-	Exclusivo Tratamento
130	Eucgr.I01404.1	senescence related protein	873,88	-	Exclusivo Tratamento
131	Eucgr.H04374.1	aldo keto	559,24	-	Exclusivo Tratamento
132	Eucgr.K01314.2	bisphosphoglycerate independent phosphoglycerate mutase	6513,54	-	Exclusivo Tratamento
133	Eucgr.H00234.1	3 ketoacyl synthase 11 like	173,98	-	Exclusivo Tratamento
134	Eucgr.G02663.1	ubiquitin carboxyl terminal hydrolase 12 like	76,22	-	Exclusivo Tratamento
135	Eucgr.K01549.1	protein grpe like	131,49	-	Exclusivo Tratamento
136	Eucgr.J00553.1	s locus specific glycoprotein s6	210,57	-	Exclusivo Tratamento
137	Eucgr.J03191.1	mitochondrial transcription termination factor family protein	56,23	-	Exclusivo Tratamento
138	Eucgr.I01087.1	gh3 family protein	93,16	-	Exclusivo Tratamento
139	RANDOM8192	e 8192	9,1	-	Exclusivo Tratamento
140	Eucgr.F02897.1	eukaryotic translation initiation factor 3	1778,73	-	Exclusivo Tratamento
141	Eucgr.B00511.2	protein	4157,18	-	Exclusivo Tratamento
142	Eucgr.H02975.1	predicted protein Populus trichocarpa	48,37	-	Exclusivo Tratamento
143	Eucgr.G03107.4	alpha soluble nsf attachment protein	4260,92	-	Exclusivo Tratamento
144	Eucgr.L02985.1	pip protein	2385,05	-	Exclusivo Tratamento
145	Eucgr.B01892.1	mtnd2 vitvi ame full dihydroxy 3 keto 5 methylthiopentene dioxygenase 2 ame full	499,44	-	Exclusivo Tratamento
146	Eucgr.B01385.1	interferon induced gtp binding protein	108,5	-	Exclusivo Tratamento
147	Eucgr.B00413.1	momilactone a synthase	149,29	-	Exclusivo Tratamento
148	Eucgr.E00346.1	isoflavone reductase homolog	562,91	-	Exclusivo Tratamento
149	Eucgr.E03923.1	cysteine proteinase inhibitor 1 like	1830,38	-	Exclusivo Tratamento
150	Eucgr.E01683.1	tir nbs lrr resistance protein	203,77	-	Exclusivo Tratamento
151	Eucgr.C01168.1	nadp dependent alkenal double bond reductase p1	141,47	-	Exclusivo Tratamento
152	Eucgr.F00636.1	upstream activation factor subunit uaf30	2075,6	-	Exclusivo Tratamento
153	Eucgr.H04756.1	udp glycosyltransferase 85a2	283,37	-	Exclusivo Tratamento
154	Eucgr.A02700.1	protein	95,81	-	Exclusivo Tratamento
155	Eucgr.D00992.2	monothiol glutaredoxin	2701,12	-	Exclusivo Tratamento
156	Eucgr.D00992.1	monothiol glutaredoxin s15	2701,12	-	Exclusivo Tratamento
157	Eucgr.J02978.2	kinesin like protein kif2a like	62,07	-	Exclusivo Tratamento
158	Eucgr.J01983.1	kda class i heat shock protein	3726,79	-	Exclusivo Tratamento
159	Eucgr.A00914.1	ctp phosphorylcholine cytidyltransferase	216,8	-	Exclusivo Tratamento
160	Eucgr.L02171.3	lysine histidine transporter 1	226,18	-	Exclusivo Tratamento
161	Eucgr.C00386.1	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase rks1 like	134,74	-	Exclusivo Tratamento
162	Eucgr.J00481.1	xylem serine proteinase 1	337,69	-	Exclusivo Tratamento
163	Eucgr.D01867.1	metal ion binding	1015,5	-	Exclusivo Tratamento
164	Eucgr.I00398.1	aspartate aminotransferase	170,99	-	Exclusivo Tratamento
165	Eucgr.G03035.2	26s proteasome regulatory particle non atpase subunit	891,94	-	Exclusivo Tratamento
166	Eucgr.C01746.1	phospholipase d	53,95	-	Exclusivo Tratamento
167	Eucgr.H04373.1	aldo keto	578,94	-	Exclusivo Tratamento
168	Eucgr.B00145.4	isoflavone reductase homolog	648,85	-	Exclusivo Tratamento
169	Eucgr.E01180.1	rh2 protein	130,09	-	Exclusivo Tratamento
170	Eucgr.H03280.1	dna polymerase iii polc type	246,3	-	Exclusivo Tratamento
171	Eucgr.F00897.1	toll interleukin receptor	120,05	-	Exclusivo Tratamento
172	Eucgr.J00530.1	nitrilase 4b	227,78	-	Exclusivo Tratamento
173	Eucgr.J00023.3	heat shock cognate 70 kda expressed	23419,9	-	Exclusivo Tratamento
174	Eucgr.E01416.2	proteasome subunit beta	469,1	-	Exclusivo Tratamento
175	Eucgr.K03601.3	3 ketoacyl thiolase	195,61	-	Exclusivo Tratamento
176	Eucgr.H00855.1	nudix hydrolase 2 like	736	-	Exclusivo Tratamento
177	Eucgr.F00422.1	anthranilate n benzoyltransferase	164,56	-	Exclusivo Tratamento
178	Eucgr.B03837.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100778127 Glycine max	420	-	Exclusivo Tratamento
179	Eucgr.B03383.1	NA	773,45	-	Exclusivo Tratamento
180	Eucgr.H04951.1	protein	678,13	-	Exclusivo Tratamento
181	Eucgr.C02238.2	protein disulfide	691,21	-	Exclusivo Tratamento
182	Eucgr.C04259.1	wd repeat containing protein 11 like	84,73	-	Exclusivo Tratamento
183	Eucgr.F02710.1	u6 snrna associated sm like protein lsm3	1764,27	-	Exclusivo Tratamento
184	Eucgr.L01166.1	serine protease	1718,48	-	Exclusivo Tratamento
185	Eucgr.H03177.1	adenosylhomocysteinase s adenosyl l homocysteine hydrolase	450,92	-	Exclusivo Tratamento
186	Eucgr.A02116.1	endo alpha glucanase	185,25	-	Exclusivo Tratamento
187	Eucgr.J01142.2	protein in2 1 homolog b like	426,85	-	Exclusivo Tratamento
188	Eucgr.L00958.1	cytochrome p450	428,2	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
189	Eucgr.B03067.4	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 like	376,74	-	Exclusivo Tratamento
190	Eucgr.L02979.1	receptor mediated endocytosis rme 1	211,55	-	Exclusivo Tratamento
191	Eucgr.D01844.1	probable serine threonine protein kinase at5g41260	15,78	-	Exclusivo Tratamento
192	Eucgr.I01779.3	adp ribosylation factor	5653,95	-	Exclusivo Tratamento
193	Eucgr.D01822.1	predicted protein Populus trichocarpa	1455,27	-	Exclusivo Tratamento
194	Eucgr.H04372.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	637,49	-	Exclusivo Tratamento
195	Eucgr.H00663.1	upf0426 protein chloroplastic like	113,15	-	Exclusivo Tratamento
196	Eucgr.B00144.4	glyceraldehyde 3 phosphate	19355,67	-	Exclusivo Tratamento
197	Eucgr.J00164.4	biotin carboxyl carrier protein of acetyl carboxylase like	724,44	-	Exclusivo Tratamento
198	Eucgr.F02175.3	PREDICTED uncharacterized protein LOC100260884 Vitis vinifera	173,07	-	Exclusivo Tratamento
199	Eucgr.H00232.1	3 ketoacyl synthase 11 like	181,97	-	Exclusivo Tratamento
200	Eucgr.I01713.1	protein	346,5	-	Exclusivo Tratamento
201	Eucgr.J00573.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100252988 Vitis vinifera	45,97	-	Exclusivo Tratamento
202	Eucgr.D02652.3	soluble inorganic pyrophosphatase	1140,61	-	Exclusivo Tratamento
203	Eucgr.J01977.1	kda class i heat shock protein	1137,5	-	Exclusivo Tratamento
204	Eucgr.D02221.1	plastid lipid associated protein chloroplast	392,2	-	Exclusivo Tratamento
205	Eucgr.F00896.1	bed finger nbs lrr resistance protein	219,23	-	Exclusivo Tratamento
206	Eucgr.J00982.2	amino acid binding	196,06	-	Exclusivo Tratamento
207	Eucgr.J02474.2	protein mid1 complementing activity 1 like	164,35	-	Exclusivo Tratamento
208	Eucgr.A02022.1	4 hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	195,12	-	Exclusivo Tratamento
209	Eucgr.K03448.1	protein binding	78,94	-	Exclusivo Tratamento
210	Eucgr.F04463.4	phosphoglycerate kinase	40361,77	-	Exclusivo Tratamento
211	Eucgr.E00655.5	40s ribosomal protein	3120,62	-	Exclusivo Tratamento
212	Eucgr.D01341.2	adenylosuccinate synthetase	504,11	-	Exclusivo Tratamento
213	Eucgr.J00666.4	cysteine proteinase	1368,13	-	Exclusivo Tratamento
214	Eucgr.J00666.2	cysteine proteinase	882,55	-	Exclusivo Tratamento
215	Eucgr.B02236.4	ran binding	3310,15	-	Exclusivo Tratamento
216	Eucgr.A02190.1	cytochrome p450	131,32	-	Exclusivo Tratamento
217	Eucgr.H02302.1	proteasome subunit beta type	297,24	-	Exclusivo Tratamento
218	Eucgr.G02989.1	PREDICTED uncharacterized protein At2g39795 mitochondrial Vitis vinifera	184,42	-	Exclusivo Tratamento
219	Eucgr.A01044.1	heat shock	307,96	-	Exclusivo Tratamento
220	Eucgr.L03240.1	ribosomal protein l9	7344,25	-	Exclusivo Tratamento
221	Eucgr.C03983.2	protein aig2 like	271,72	-	Exclusivo Tratamento
222	Eucgr.B03551.1	auxin response factor 2	195,84	-	Exclusivo Tratamento
223	Eucgr.J02425.1	unnamed protein product Vitis vinifera	74,11	-	Exclusivo Tratamento
224	Eucgr.F01775.1	catalase isozyme 1 like	3237,41	-	Exclusivo Tratamento
225	Eucgr.I02395.1	dehydrin 1	464,86	-	Exclusivo Tratamento
226	Eucgr.A02790.1	responsive to desiccation 29b	1437,36	-	Exclusivo Tratamento
227	Eucgr.L01334.1	isoflavone reductase homolog	788,1	-	Exclusivo Tratamento
228	Eucgr.L01312.1	NA	317,14	-	Exclusivo Tratamento
229	Eucgr.J01998.1	rb11c lotja ame full ras related protein rab11c	1010,77	-	Exclusivo Tratamento
230	Eucgr.G02175.1	major latex	12381,32	-	Exclusivo Tratamento
231	Eucgr.I02177.1	gibberellin 3 beta	114,23	-	Exclusivo Tratamento
232	Eucgr.B01116.1	protein sec13 homolog	1332,19	-	Exclusivo Tratamento
233	Eucgr.C01957.1	leucine rich repeat containing	269,32	-	Exclusivo Tratamento
234	Eucgr.B03448.1	elongation factor 1 beta	15066,46	-	Exclusivo Tratamento
235	Eucgr.K02981.1	pyridoxal biosynthesis protein	347,52	-	Exclusivo Tratamento
236	Eucgr.I00014.1	predicted protein Populus trichocarpa	317,7	-	Exclusivo Tratamento
237	Eucgr.F02872.4	glutamine synthetase	385,47	-	Exclusivo Tratamento
238	Eucgr.A00257.1	glutathione peroxidase	378,91	-	Exclusivo Tratamento
239	Eucgr.J00354.1	tir nbs lrr resistance protein	265,93	-	Exclusivo Tratamento
240	Eucgr.G01749.1	mta sah	1101,38	-	Exclusivo Tratamento
241	Eucgr.G02851.1	phenylalanine ammonia lyase	142,24	-	Exclusivo Tratamento
242	Eucgr.H01252.1	glycosyltransferase 1	148,84	-	Exclusivo Tratamento
243	Eucgr.L00721.1	protein disulfide	710,25	-	Exclusivo Tratamento
244	Eucgr.A02469.1	serine threonine protein kinase	120,77	-	Exclusivo Tratamento
245	Eucgr.H02989.1	cyanate hydratase	332,64	-	Exclusivo Tratamento
246	Eucgr.E00080.1	ribosomal protein	318,29	-	Exclusivo Tratamento
247	Eucgr.H03607.1	endo beta d	1411,07	-	Exclusivo Tratamento
248	Eucgr.I01564.1	glyceraldehyde 3 phosphate	280,51	-	Exclusivo Tratamento
249	Eucgr.I02537.1	acetyl carboxylase carboxyltransferase beta subunit	140,52	-	Exclusivo Tratamento
250	Eucgr.I00395.2	prephenate aminotransferase	205,43	-	Exclusivo Tratamento
251	Eucgr.F03031.3	protein disulfide	1025,97	-	Exclusivo Tratamento
252	Eucgr.C00361.2	40s ribosomal protein s12 like isoform 2	1828,77	-	Exclusivo Tratamento
253	Eucgr.C00361.1	40s ribosomal protein s12 like isoform 2	2431,2	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
254	Eucgr.H01012.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	103,28	-	Exclusivo Tratamento
255	Eucgr.J00327.5	pyruvate kinase	1097,36	-	Exclusivo Tratamento
256	Eucgr.G02824.2	chorismate chloroplast	180,83	-	Exclusivo Tratamento
257	Eucgr.E01599.1	malate dehydrogenase	3244,69	-	Exclusivo Tratamento
258	Eucgr.H04339.1	gdp d mannose 3 epimerase	3239,89	-	Exclusivo Tratamento
259	Eucgr.I01755.1	stachyose synthase	554,26	-	Exclusivo Tratamento
260	Eucgr.A02714.2	chaperone binding	16152,66	-	Exclusivo Tratamento
261	Eucgr.A02184.1	cysteine protease inhibitor	411,15	-	Exclusivo Tratamento
262	Eucgr.H04748.1	2 dehydro 3 deoxyphosphoheptonate aldolase 3	54,84	-	Exclusivo Tratamento
263	Eucgr.H04726.1	deoxy d arabino heptulosonate 7 phosphat	259,7	-	Exclusivo Tratamento
264	Eucgr.J02206.3	ovarian cancer associated gene 2 protein	711,4	-	Exclusivo Tratamento
265	Eucgr.B03621.2	PREDICTED uncharacterized protein At4g28440 Vitis	381,07	-	Exclusivo Tratamento
266	Eucgr.G01868.1	vinifera	1577,26	-	Exclusivo Tratamento
267	Eucgr.E00871.1	dead box atp dependent rna	1043,17	-	Exclusivo Tratamento
268	Eucgr.A02020.1	germin like protein 2 1 like	182,39	-	Exclusivo Tratamento
269	Eucgr.F02031.1	nucleoside diphosphate kinase 3	161,25	-	Exclusivo Tratamento
270	Eucgr.A00256.3	hydroxyacylglutathione hydrolase mitochondrial like	219,88	-	Exclusivo Tratamento
271	Eucgr.K01327.1	predicted protein Populus trichocarpa	141,92	-	Exclusivo Tratamento
272	Eucgr.F02773.1	biotin synthase	93,52	-	Exclusivo Tratamento
273	Eucgr.E00244.2	dead box atp dependent rna helicase 53 like	2831,21	-	Exclusivo Tratamento
274	Eucgr.I02323.1	tom1 like protein 2 like	263,31	-	Exclusivo Tratamento
275	Eucgr.L01283.1	nucleic acid binding	813,06	-	Exclusivo Tratamento
276	Eucgr.A00136.1	low quality protein auxin induced protein pcnt115 like	313,85	-	Exclusivo Tratamento
277	Eucgr.K02331.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	265,82	-	Exclusivo Tratamento
278	Eucgr.I02323.1	major allergen pru ar 1	225,1	-	Exclusivo Tratamento
279	Eucgr.D02214.1	alcohol dehydrogenase like 6	245,98	-	Exclusivo Tratamento
280	Eucgr.F03096.1	protein mid1 complementing activity 1 like	279,28	-	Exclusivo Tratamento
281	Eucgr.F02555.4	inositol tetrakisphosphate 1 kinase 1 like	240,6	-	Exclusivo Tratamento
282	Eucgr.B01398.1	iaa amino acid hydrolase 11	259,22	-	Exclusivo Tratamento
283	Eucgr.H00491.1	serine threonine kinase receptor associated	401,93	-	Exclusivo Tratamento
284	Eucgr.C00836.1	interferon induced gtp binding protein	124,52	-	Exclusivo Tratamento
285	Eucgr.B03042.1	auxin induced protein pcnt115 isoform 1	368,1	-	Exclusivo Tratamento
286	Eucgr.E00390.1	PREDICTED uncharacterized protein At5g12080 like	225,57	-	Exclusivo Tratamento
287	Eucgr.F04025.6	Vitis vinifera	234,87	-	Exclusivo Tratamento
288	Eucgr.K00758.1	bro1 domain containing protein brox	197,31	-	Exclusivo Tratamento
289	Eucgr.E00239.1	NA	709,8	-	Exclusivo Tratamento
290	Eucgr.H02370.1	uncharacterized membrane protein at1g16860 like	456,32	-	Exclusivo Tratamento
291	Eucgr.B01310.4	PREDICTED uncharacterized protein LOC100244748	263,99	-	Exclusivo Tratamento
292	Eucgr.H04391.1	Vitis vinifera	1181,33	-	Exclusivo Tratamento
293	Eucgr.H03774.3	nucleic acid binding	310,28	-	Exclusivo Tratamento
294	Eucgr.J00713.1	malate glyoxysomal	1474,5	-	Exclusivo Tratamento
295	Eucgr.F01222.3	alanyl trna synthetase	343,71	-	Exclusivo Tratamento
296	Eucgr.C02594.1	cysteine synthase	119,54	-	Exclusivo Tratamento
297	Eucgr.F01631.1	adenyl cyclase	808,19	-	Exclusivo Tratamento
298	Eucgr.B03135.1	heat shock	49,21	-	Exclusivo Tratamento
299	Eucgr.H04097.1	dj 1 family protein	196,19	-	Exclusivo Tratamento
300	Eucgr.F02483.2	nadp dependent glyceraldehyde 3 phosphate	870,83	-	Exclusivo Tratamento
301	Eucgr.G01943.2	dehydrogenase	1041,57	-	Exclusivo Tratamento
302	Eucgr.L02518.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100243821	134,33	-	Exclusivo Tratamento
303	Eucgr.J02925.1	Vitis vinifera	137,43	-	Exclusivo Tratamento
304	Eucgr.A01833.1	cytochrome p450	680,49	-	Exclusivo Tratamento
305	Eucgr.F01413.2	cytochrome p450	180,29	-	Exclusivo Tratamento
306	Eucgr.F01413.1	receptor like protein kinase	117,13	-	Exclusivo Tratamento
307	Eucgr.I01780.3	carrier protein mitochondrial like	5653,95	-	Exclusivo Tratamento
308	Eucgr.I01780.2	glycolate oxidase	4153,79	-	Exclusivo Tratamento
309	Eucgr.G01218.1	glycolate oxidase	128,27	-	Exclusivo Tratamento
310	Eucgr.C02310.1	adp ribosylation factor 2 like	587,91	-	Exclusivo Tratamento
311	Eucgr.L02740.1	adp ribosylation factor 2 like	13712,57	-	Exclusivo Tratamento
312	Eucgr.F04242.1	dna polymerase kappa like	185,19	-	Exclusivo Tratamento
313	Eucgr.K02641.2	haloacid dehalogenase like hydrolase domain	220,87	-	Exclusivo Tratamento
314	Eucgr.J01947.1	containing protein 1a	192,74	-	Exclusivo Tratamento
315	Eucgr.B02113.1	peroxidase 12 like	121,15	-	Exclusivo Tratamento
		exocyst complex			
		acetyl coenzyme a synthetase like			
		fus interacting serine arginine rich protein			
		at3g04780 f7o18 27			

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
316	Eucgr.K00090.3	nadh ubiquinone oxidoreductase subunit	689,27	-	Exclusivo Tratamento
317	Eucgr.B03570.1	calnexin like protein	667,21	-	Exclusivo Tratamento
318	Eucgr.H01508.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100257952 Vitis vinifera	203,54	-	Exclusivo Tratamento
319	Eucgr.H00944.1	receptor protein	150,49	-	Exclusivo Tratamento
320	Eucgr.B01451.1	leucine zipper ef hand containing transmembrane	157,92	-	Exclusivo Tratamento
321	Eucgr.J00778.1	nuclear acid binding	618,58	-	Exclusivo Tratamento
322	Eucgr.H03916.1	isoleucyl trna synthetase	115,83	-	Exclusivo Tratamento
323	Eucgr.D00738.1	exostosin family protein	215,83	-	Exclusivo Tratamento
324	RANDOM10846	e 10846	43,44	-	Exclusivo Tratamento
325	Eucgr.E03361.1	protein	862,08	-	Exclusivo Tratamento
326	Eucgr.E03694.1	vacuolar protein 8 like	61,68	-	Exclusivo Tratamento
327	Eucgr.C03762.1	nadp dependent malic enzyme	39,17	-	Exclusivo Tratamento
328	Eucgr.K02734.1	amp activated protein gamma regulatory	363,6	-	Exclusivo Tratamento
329	Eucgr.B02592.3	enoyl acp reductase	214,69	-	Exclusivo Tratamento
330	Eucgr.G02702.1	cytochrome p450 94a1	131,93	-	Exclusivo Tratamento
331	Eucgr.C00141.1	lysyl trna synthetase like	72,19	-	Exclusivo Tratamento
332	Eucgr.E01477.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	163,9	-	Exclusivo Tratamento
333	Eucgr.D00982.1	precursor of carboxylase h protein glycine decarboxylase complex	174,33	-	Exclusivo Tratamento
334	Eucgr.F02958.1	zinc finger	192,87	-	Exclusivo Tratamento
335	Eucgr.D01092.1	swib mdm2 domain containing protein	313,4	-	Exclusivo Tratamento
336	Eucgr.F02603.1	adenyllyl cyclase	454,29	-	Exclusivo Tratamento
337	Eucgr.D00551.1	magnesium chelatase subunit chloroplastic like	155,46	-	Exclusivo Tratamento
338	Eucgr.J00062.1	unnamed protein product Vitis vinifera	242,18	-	Exclusivo Tratamento
339	Eucgr.I00055.1	atp citrate synthase beta chain protein 1 like	466,47	-	Exclusivo Tratamento
340	Eucgr.C00883.1	cytokinin dehydrogenase 3 like	119,67	-	Exclusivo Tratamento
341	Eucgr.G02990.3	delta 1 pyrroline 5 carboxylate synthetase	327,59	-	Exclusivo Tratamento
342	Eucgr.D01857.1	glutathione peroxidase	808,87	-	Exclusivo Tratamento
343	Eucgr.G02915.4	ras related protein ara expressed	2546,82	-	Exclusivo Tratamento
344	Eucgr.G01004.2	low quality protein probable nucleoredoxin 1 like	1606,1	-	Exclusivo Tratamento
345	Eucgr.E02406.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	213,17	-	Exclusivo Tratamento
346	Eucgr.E02383.2	urease accessory protein	79,88	-	Exclusivo Tratamento
347	Eucgr.A00178.1	major allergen pru ar 1	292,64	-	Exclusivo Tratamento
348	Eucgr.B00588.1	mitochondrial carrier	241,51	-	Exclusivo Tratamento
349	Eucgr.F00026.10	acylamino acid releasing enzyme putative Ricinus communis	126,94	-	Exclusivo Tratamento
350	Eucgr.I00224.8	unknown Glycine max	2305,78	-	Exclusivo Tratamento
351	Eucgr.I00224.7	af195867 1alcohol dehydrogenase 7	3476,95	-	Exclusivo Tratamento
352	Eucgr.A02995.1	bola like protein 1	584,71	-	Exclusivo Tratamento
353	Eucgr.E01117.4	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	2511,06	-	Exclusivo Tratamento
354	Eucgr.G01119.1	soluble inorganic pyrophosphatase	528,38	-	Exclusivo Tratamento
355	Eucgr.F03602.2	dna binding	227,88	-	Exclusivo Tratamento
356	Eucgr.C02348.1	flavonol 4	184,25	-	Exclusivo Tratamento
357	Eucgr.K01903.7	ubiquitin carboxyl terminal	51,42	-	Exclusivo Tratamento
358	Eucgr.K01903.1	ubiquitin carboxyl terminal	105,4	-	Exclusivo Tratamento
359	Eucgr.C01277.1	hypoxia up regulated protein 1	156,43	-	Exclusivo Tratamento
360	Eucgr.F00193.1	polyadenylate binding protein 2 like	284,62	-	Exclusivo Tratamento
361	Eucgr.B01996.1	glutamyl trna amidotransferase subunit a like	384,45	-	Exclusivo Tratamento
362	Eucgr.A01640.1	bifunctional monodehydroascorbate reductase and carbonic anhydrase nectarin 3	261,08	-	Exclusivo Tratamento
363	Eucgr.I02271.1	low quality protein endochitinase isoform 1	168,06	-	Exclusivo Tratamento
364	RANDOM41826	e 41826	142,12	-	Exclusivo Tratamento
365	Eucgr.J02127.1	ras related protein rab2bv like	798,16	-	Exclusivo Tratamento
366	Eucgr.H04193.1	germin like protein subfamily 1 member	13975,04	-	Exclusivo Tratamento
367	Eucgr.K02968.1	pyruvate decarboxylase isozyme	116,95	-	Exclusivo Tratamento
368	Eucgr.J00008.3	triosphosphate isomerase like protein type ii	15274,06	-	Exclusivo Tratamento
369	Eucgr.B01445.1	benzoyl coenzyme a benzyl alcohol benzoyl transferase	177,72	-	Exclusivo Tratamento
370	Eucgr.J02029.1	transcription initiation factor iia large subunit like isoform 2	271,49	-	Exclusivo Tratamento
371	Eucgr.J02514.1	f box protein	154,76	-	Exclusivo Tratamento
372	Eucgr.E03960.1	alternative oxidase chloroplast	279,94	-	Exclusivo Tratamento
373	Eucgr.G03100.1	biotin lipoyl attachment domain containing protein	752,59	-	Exclusivo Tratamento
374	Eucgr.K02319.2	oligopeptide transporter opt family	174,33	-	Exclusivo Tratamento
375	Eucgr.E00241.1	serine threonine protein plant	124,92	-	Exclusivo Tratamento
376	Eucgr.G00167.1	disease resistance protein at4g27190 like	120,33	-	Exclusivo Tratamento
377	Eucgr.I01801.5	quinone oxidoreductase like protein chloroplastic like	679,94	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(continuação)

Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
378	Eucgr.F00651.1	molecular chaperone	615,11	-	Exclusivo Tratamento
379	Eucgr.D01184.3	atp binding	935,07	-	Exclusivo Tratamento
380	Eucgr.E02595.1	hd domain class transcription factor	389,42	-	Exclusivo Tratamento
381	Eucgr.C02996.2	vacuolar protein sorting associated protein 32 homolog 2	126,28	-	Exclusivo Tratamento
382	Eucgr.J00465.1	60s acidic ribosomal protein	6902,52	-	Exclusivo Tratamento
383	Eucgr.J02562.1	thioredoxin reductase 2	234,81	-	Exclusivo Tratamento
384	Eucgr.G02455.1	14 3 3 protein sgf14e	3731,49	-	Exclusivo Tratamento
385	Eucgr.G03428.1	citrate synthase	448,87	-	Exclusivo Tratamento
386	Eucgr.A01781.2	regulator of ribonuclease like protein	1665,39	-	Exclusivo Tratamento
387	Eucgr.H02358.8	malate glyoxysomal	672,91	-	Exclusivo Tratamento
388	Eucgr.H02358.2	malate glyoxysomal	1748,45	-	Exclusivo Tratamento
389	Eucgr.H03460.1	lactoylglutathione lyase	841,15	-	Exclusivo Tratamento
390	Eucgr.B00227.4	dead box atp dependent rna	144,53	-	Exclusivo Tratamento
391	Eucgr.F01694.2	calcium dependent protein	93,53	-	Exclusivo Tratamento
392	Eucgr.B01253.1	phenylcoumaran benzylic ether reductase 3	667,12	-	Exclusivo Tratamento
393	Eucgr.K02323.1	tumor related protein	210,28	-	Exclusivo Tratamento
394	Eucgr.J01705.1	upf0481 protein at3g47200 like	443,63	-	Exclusivo Tratamento
395	Eucgr.B00538.1	vesicle transport v snare protein	696,61	-	Exclusivo Tratamento
396	Eucgr.J00710.1	phosphoglycerate dehydrogenase	2132,74	-	Exclusivo Tratamento
397	Eucgr.J00634.1	eukaryotic translation initiation factor	77,41	-	Exclusivo Tratamento
398	Eucgr.L00636.1	monoterpene glucosyltransferase	140,87	-	Exclusivo Tratamento
399	Eucgr.H02647.1	probable receptor protein kinase tmk1	142,23	-	Exclusivo Tratamento
400	Eucgr.I02702.2	actin Persea americana	1540,37	-	Exclusivo Tratamento
401	Eucgr.L00160.1	cc nbs lrr resistance protein	120,9	-	Exclusivo Tratamento
402	Eucgr.G00936.2	g type lectin s receptor like serine threonine protein kinase at4g27290 like	15,83	-	Exclusivo Tratamento
403	Eucgr.B03919.1	protein binding	111,01	-	Exclusivo Tratamento
404	Eucgr.J00060.1	PREDICTED uncharacterized protein LOC100827825 Brachypodium distachyon	267,77	-	Exclusivo Tratamento
405	Eucgr.E03398.1	upf0481 protein at3g47200 like	41,53	-	Exclusivo Tratamento
406	Eucgr.G02935.1	protein kinase chloroplastic like	117,1	-	Exclusivo Tratamento
407	Eucgr.F02503.1	predicted protein Populus trichocarpa	186,01	-	Exclusivo Tratamento
408	Eucgr.A00350.1	protein	267,07	-	Exclusivo Tratamento
409	Eucgr.H03379.2	gem like protein 5	614,41	-	Exclusivo Tratamento
410	Eucgr.A01656.2	amino acid binding	192,12	-	Exclusivo Tratamento
411	Eucgr.I00751.1	uncharacterized protein LOC100806219 Glycine max	322,27	-	Exclusivo Tratamento
412	Eucgr.B02252.2	peptidyl prol cis trans isomerase cyp19 4 like isoform 1	1465,69	-	Exclusivo Tratamento
413	Eucgr.E01115.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 like	3277,4	-	Exclusivo Tratamento
414	Eucgr.A02131.4	exosome component 10 like	97,9	-	Exclusivo Tratamento
415	Eucgr.C00112.1	protein chloroplast import apparatus 2 like	39,49	-	Exclusivo Tratamento
416	Eucgr.L01537.1	lysosomal alpha mannosidase	56,98	-	Exclusivo Tratamento
417	Eucgr.C02542.2	26s proteasome non atpase regulatory subunit 9 like isoform 3	403,8	-	Exclusivo Tratamento
418	Eucgr.K00110.9	iron superoxide dismutase	5203,84	-	Exclusivo Tratamento
419	Eucgr.K00110.5	iron superoxide dismutase	3821,97	-	Exclusivo Tratamento
420	Eucgr.K00110.1	superoxide dismutase	453,69	-	Exclusivo Tratamento
421	Eucgr.J03080.1	probable glycerol kinase isoform 1	164,57	-	Exclusivo Tratamento
422	RANDOM34502	e 34502	279,54	-	Exclusivo Tratamento
423	Eucgr.J01846.1	leucine rich repeat transmembrane protein kinase	88,93	-	Exclusivo Tratamento
424	Eucgr.A01273.1	nad binding rossmann fold containing protein	244,51	-	Exclusivo Tratamento
425	Eucgr.C00734.1	probable leucine rich repeat receptor like protein kinase at1g35710 like	117,35	-	Exclusivo Tratamento
426	Eucgr.H04787.3	annexin d2 like	2836,73	-	Exclusivo Tratamento
427	Eucgr.H03739.1	acyl carrier protein 1	4132,71	-	Exclusivo Tratamento
428	Eucgr.D01254.1	ankyrin repeat containing	114,9	-	Exclusivo Tratamento
429	Eucgr.K02753.2	nucleoside diphosphate	4494,37	-	Exclusivo Tratamento
430	Eucgr.D02227.2	conserved hypothetical protein Ricinus communis	440,17	-	Exclusivo Tratamento
431	Eucgr.C01231.1	hypothetical protein MTR 2g048300 Medicago truncatula	186,88	-	Exclusivo Tratamento
432	Eucgr.J03195.1	unnamed protein product Vitis vinifera	264,12	-	Exclusivo Tratamento
433	Eucgr.K03196.1	wrky transcription factor 44 like	139,92	-	Exclusivo Tratamento
434	Eucgr.F03670.1	peroxidase 7 like	98,1	-	Exclusivo Tratamento
435	Eucgr.G00957.3	probable prefoldin subunit 1	3885,31	-	Exclusivo Tratamento
436	Eucgr.J02556.1	translation initiation	4947,49	-	Exclusivo Tratamento
437	Eucgr.C00062.4	proteasomal ubiquitin receptor adrm1	311,78	-	Exclusivo Tratamento
438	Eucgr.C00062.1	proteasomal ubiquitin receptor adrm1	186,23	-	Exclusivo Tratamento
439	Eucgr.K00082.1	tom1 like protein 2	477,97	-	Exclusivo Tratamento
440	Eucgr.G01045.2	heat shock 70 kda mitochondrial like	1018,14	-	Exclusivo Tratamento

Tabela 12 - Características das proteínas significativas e exclusivas do clone tolerante (62) ao estresse hídrico

(conclusão)					
Linha	Acesso	Descrição	Score	Nível de expressão	Expresso em nível superior
441	Eucgr.J00006.1	protein kinase chloroplast	134,11	-	Exclusivo Tratamento
442	Eucgr.F01786.2	calcium ion binding	195,6	-	Exclusivo Tratamento
443	Eucgr.G01863.1	germin like protein subfamily 1 member	3740,68	-	Exclusivo Tratamento
444	Eucgr.J01289.1	conserved hypothetical protein Ricinus communis	470,09	-	Exclusivo Tratamento
445	Eucgr.J00370.1	s adenosylmethionine synthase 2 like	2403,11	-	Exclusivo Tratamento
446	Eucgr.K00295.1	heat shock protein 83 like	2863,75	-	Exclusivo Tratamento
447	Eucgr.F03430.1	trafficking protein particle complex	203,81	-	Exclusivo Tratamento
448	P00489	Glycogen phosphorylase muscle form OS Oryctolagus cuniculus GN PYGM PE 1 SV 3	895,78	-	