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

**Estudo dos perfis transcricionais em resposta ao estresse biótico e
abiótico em cana-de-açúcar**

Fabiana Bombonato Mingossi

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

**Piracicaba
2013**

Fabiana Bombonato Mingossi
Bióloga

**Estudo dos perfis transcricionais em resposta ao estresse biótico e abiótico em
cana-de-açúcar**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **MARCIO DE CASTRO SILVA FILHO**

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

**Piracicaba
2013**

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

Mingossi, Fabiana Bombonato

Estudo dos perfis transcricionais em resposta ao estresse biótico e abiótico em cana-de-açúcar / Fabiana Bombonato Mingossi.- - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2013.

175 p: il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2013.

1. Cana-de-açúcar 2. Herbivoria 3. *Diatraea saccharalis* 4. Estresse hídrico
5. Parâmetros fisiológicos 6. RNA-Seq I. Título

CDD 633.61
M664e

Dedico:
Aos meus pais Luciana e Rubens,
Pela confiança, constante apoio
e amor incondicional.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer ao meu orientador, Marcio de Castro Silva Filho, pela oportunidade de trabalhar em seu laboratório, pela confiança e amizade.

À minha querida orientadora Rosanne Casu por acreditar e confiar plenamente no meu trabalho. Sua dedicação e ensinamentos foram essenciais durante meu doutorado sanduíche.

À gloriosa ESALQ/USP e CSIRO Plant Industry, foi uma honra poder trabalhar em lugares com alta qualidade de ensino e pesquisa.

À FAPESP (nº processo da bolsa no país 2009/15.920-2 e nº processo da bolsa BEPE 2011-21.364-5) e CAPES pelas concessões das bolsas de estudo.

Ao Prof. Daniel Scherer de Moura e Marcelo Brandão por estarem sempre dispostos a ajudar, pelas sugestões de trabalho e amizade.

Ao Rafael Colombi por sempre manter a organização do laboratório.

Aos queridos amigos do laboratório de Biologia Molecular de Plantas: Thaís, Larissa, Flávia, Renata, Poliene, Elaine, Aline, Wellington, Horácio, Marcelo, Lucas, Marcos e Williane, e aos ex-alunos, Celso, Lígia, Christine, Marcela, Luíza, Ane e Ricardo, pelo ótimo convívio nesses anos de doutorado, pela troca de experiências e amizade.

Aos amigos da CSIRO Plant Industry, especialmente Rosalie Sabburg, Johann Pierre, Jai Perroux, Jonathan Powel, Paul Melloy, Cass Guilfoyle, Thomas Parker e Anca e aos pesquisadores Donna Glassop, Anne Rae, Graham Bonnett, Jiri Stiller por tornarem o ambiente de trabalho um lugar prazeroso, pelo apoio, incentivo e amizade.

As queridas *flatmates* Merran Anderssen e Leilani Alvarez por se tornarem uma família para mim na Austrália, e aos queridos amigos, Gabi Ferraz, Elisa Van Sluys Menck, Leonardo Neves, Tatiana Teixeira, Marina Braga, Henrique Junqueira, Flávia e Daniel

Botelho, Renato Crouzeilles, Angela Billar, Débora, Annica Carberry, Júlia McMurray, Guta Fretes, Ana Jelinic, sem vocês meu doutorado sanduíche não teria sido tão especial.

Aos amigos pós-graduandos da ESALQ, Layanne, Ana Cláudia, Luciano, Vívian, Elisa, Bruna, Alice, Fábio Paulino, Fábio Pértile, Keini, Paulo, Ju Deganello, Paulinho, Adriano, Gisele Nunes e Giselle pelos ótimos anos de convívio e amizade em Piracicaba. Gostaria de agradecer também as minhas queridas amigas de Sertãozinho, especialmente, Tati, Vivi, Lívía, Livinha, Tânia e Júlia, amigas assim são para sempre!

As minhas avós Nilce e Luíza e meus avôs Osvaldo e Rubens (*in memoriam*), tias, tios, primas e primos por todo carinho, incentivo e por compreenderem os momentos de ausência.

Em especial gostaria de agradecer aos meus pais por não medirem esforços para me fazer feliz, pela confiança depositada em mim e eterno amor; e ao meu irmão Marcelo e à minha cunhada Lívía por todo incentivo e carinho.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste sonho, muito obrigada!

*“Para realizar grandes conquistas,
devemos não apenas agir,
mas também sonhar;
não apenas planejar,
mas também acreditar.”*

Anatole France

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	13
1 INTRODUÇÃO	15
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	17
2.1 Cana-de-açúcar	17
2.2 Estresse biótico	19
2.2.1 Interação planta-inseto.....	19
2.2.2 Resposta de defesa das plantas aos insetos.....	19
2.2.3 Inibidores de protease e proteases de plantas	21
2.3 Estresse Abiótico.....	23
2.3.1 Déficit hídrico	23
2.3.2 Mecanismos de regulação das respostas de defesa da planta	24
2.3.3 Sequenciamento de nova geração (SNG): RNA-Seq.....	26
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 Estresse biótico	29
3.1.1 Material biológico e desenho experimental.....	29
3.1.2 Extração de RNA total e síntese de cDNA.....	30
3.1.3 Monitoramento dos transcritos através de PCR em tempo real.....	30
3.1.4 Análise Filogenética.....	31
3.2 Estresse abiótico.....	32
3.2.1 Material biológico	32
3.2.2 Parâmetros fisiológicos	32
3.2.3 Extração de RNA total e confecção do cDNA.....	33
3.2.4 PCR quantitativo em tempo real	34
3.2.5 RNA-Seq	34
3.2.6 Análises de bioinformática	35
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
4.1 Estresse biótico	37
4.1.1 Genes de cana-de-açúcar diferencialmente expressos em resposta à herbivoria e selecionados para validação	37
4.1.2 Inibidores de protease do tipo Bowman-Birk (BBI).....	40
4.1.3 Inibidores de protease: MPI e inibidor de subtilisina.....	43

4.1.4 Serina proteases.....	45
4.2 Estresse abiótico.....	49
4.2.1 Parâmetros fisiológicos e monitoramento de transcritos por PCR quantitativo	49
4.2.2 RNA-Seq.....	53
4.2.3 Validação do RNA-Seq por PCR em tempo real.....	63
5 CONCLUSÕES	67
REFERÊNCIAS.....	69
ANEXOS.....	81

RESUMO

Estudo dos perfis transcricionais em resposta ao estresse biótico e abiótico em cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma gramínea C4 de alta biomassa que acumula grandes quantidades de sacarose e é utilizada para produção de etanol, um combustível de baixa emissão de carbono. Restrições bióticas e abióticas afetam significativamente a produtividade das culturas, pois elas podem prejudicar severamente o crescimento e desempenho da planta. Compreender as bases moleculares para essa perda de produtividade ajudará na investigação das estratégias de mitigação. Para estudar estes dois tipos de estresses, plantas jovens de cana-de-açúcar foram submetidas à herbivoria e à privação de água. Uma investigação foi realizada para estudar as mudanças transcricionais em cana-de-açúcar sujeita ao ataque da *Diatraea saccharalis*, usando macroarranjo para monitorar a seleção de transcritos, contendo sequências de ESTs de serina proteases e inibidores de serina proteases de cana-de-açúcar do banco de dados SUCEST. Análises do macroarranjo revelaram sequências diferencialmente expressas em resposta à herbivoria. PCR em tempo real confirmou que 10 ESTs homólogos à inibidores de protease (4 homólogos aos inibidores do tipo Bowman-Birk de arroz e milho (BBI), 5 homólogos à inibidores de proteinase de milho (MPI) e 1 homólogo ao inibidor de subtilisina) e 3 ESTs homólogos à serina proteases das famílias S1, S10 e S14 foram positivamente regulados pela herbivoria. Embora a função dos inibidores de protease na defesa está bem estabelecida, o envolvimento de proteases de planta na resposta à herbivoria ainda precisa ser elucidado. Neste trabalho nós mostramos que uma protease da família S14 foi induzida em resposta ao ataque da lagarta e ao ferimento mecânico em cana-de-açúcar. Curiosamente, sequências homólogas de arroz e *Arabidopsis* também responderam aos mesmos tratamentos, sugerindo um papel conservado desta protease S14 na defesa contra herbívoros. Uma importante aplicação destes resultados é a identificação de genes para utilização em estratégias biotecnológicas para melhorar a resistência da cana-de-açúcar a insetos. Outra investigação foi realizada para estudar os parâmetros fisiológicos e perfis transcricionais de genes responsivos ao estresse hídrico em plantas jovens de cana-de-açúcar. Resultados deste trabalho indicaram que a interrupção da irrigação resultou em efeitos fisiológicos mensuráveis e análises de expressão de genes selecionados de resposta ao estresse revelaram expressão diferencial significativa entre os grupos irrigado e não irrigado. Resultados do RNA-Seq revelaram atividade transcricional de 24.142 transcritos de folhas de cana-de-açúcar submetidas à seca. Análises de expressão gênica em resposta à seca revelaram 68 (resposta precoce) e 2.390 (resposta tardia) transcritos diferencialmente expressos no 3º e 7º dia de tratamento, respectivamente. O decréscimo em vários parâmetros fisiológicos foi observado depois de seis dias de privação de água. Reduções na taxa de fotossíntese, condutância estomática e transpiração foliar ocorreram antes que fossem observadas alterações físicas visíveis, mas estas foram precedidas por mudanças significativas na expressão de genes com papel na fotossíntese. RNA-Seq identificou novos transcritos com papéis na defesa precoce e tardia à seca e a validação por PCR em tempo real confirmou os resultados obtidos pelo RNA-Seq. Isto irá incentivar mais pesquisas sobre a eficiência do uso da água em cana-de-açúcar, levando a identificação de variedades com maior tolerância às condições ambientais adversas.

Palavras-chave: Cana-de-açúcar; Herbivoria; *Diatraea saccharalis*; Estresse hídrico; Parâmetros fisiológicos; RNA-Seq

ABSTRACT

Transcriptional profiles studies in response to biotic and abiotic stress in sugarcane

Sugarcane is a high biomass tropical C4 grass crop which accumulates large quantities of sucrose and is used for bioethanol production, a low-carbon emission fuel. Biotic and abiotic constraints significantly impact crop productivity, because they can severely impair plant growth and performance. Understanding the molecular basis for this loss in productivity will aid in identifying strategies for mitigation. To study these two types of stresses, young sugarcane plants were subject to herbivore and water privation. An investigation was undertaken to study the sugarcane transcriptional changes following *Diatraea saccharalis* damage, using macroarrays to monitor a selection of transcripts, containing sequences of sugarcane ESTs of serine proteases and serine proteinase inhibitors from the SUCEST (Sugarcane EST Project) database. Macroarray analyses revealed differently expressed sequences in response to herbivory. Real-Time PCR confirmed that 10 ESTs homologous to proteinase inhibitors (4 homologous to maize and rice Bowman-Birk inhibitors (BBI), 5 homologous to maize proteinase inhibitors (MPI) and 1 homologue to subtilisin inhibitor) and 3 ESTs homologous to serine proteases of the S1, S10 and S14 family were positively regulated by herbivory. While the protease inhibitor's function in defense is well established, the involvement of plant proteases in response to herbivory still remains to be elucidated. In this work we show that a sugarcane encoding S14 family protease member was upregulated in response to both *D. saccharalis* damage and wound treatment. Interestingly, homologous sequences from rice and *Arabidopsis* also responded to the same treatments, suggesting a conserved role of this S14 protease in defense against herbivores. One important application of these results is the identification of genes for use in biotechnological strategies to improve sugarcane insect resistance. Another investigation was undertaken to study the physiological parameters and transcriptional profiles of genes responsive to water stress in young sugarcane plants. Results of this work indicated that termination of irrigation resulted in measurable physiological effects in sugarcane plants and analysis of the expression of the chosen stress-response genes revealed significant differential expression between the control and treatment groups. RNA-Seq results revealed transcriptional activity of 24,142 transcripts from sugarcane leaf subjected to water stress. Gene expression analyses in response to water deprivation revealed 68 (early response) and 2,390 (later response) differentially expressed transcripts on day 3 and day 7, respectively. Sustained decreases in various physiological parameters were observed in water-stressed sugarcane plants after six days of water deprivation. Reductions in photosynthesis rate, stomatal conductance and leaf transpiration occurred before visible physical changes were observed, but this was preceded by significant changes in expression of genes with roles in photosynthesis. RNA-seq identified novel transcripts with roles in early and late response to drought stress and Real-Time qPCR validation confirmed the RNA-Seq results. This will inform further research on water use efficiency in sugarcane, leading to identification of varieties with improved tolerance to adverse environmental conditions.

Keywords: Sugarcane; Herbivory; *Diatraea saccharalis*; Water stress; Physiological parameters; RNA-Seq

1 INTRODUÇÃO

As plantas evoluíram um amplo arranjo de mecanismos de defesa para se protegerem da vasta gama de insetos herbívoros com que são confrontadas. No processo de reconhecimento do dano provocado pelo inseto, a interação química entre moléculas da própria planta modificadas pelo ataque do inseto (SCHMELZ et al., 2006) e moléculas do inseto (MATTIACCI et al., 1995) desencadeiam uma cascata de sinalização que culmina com a expressão de genes da planta associados com defesa (MITHÖFER; BOLAND, 2008; FELTON; TUMLINSON, 2008). As respostas das plantas ao dano podem ser sistêmicas e/ou locais, e, portanto envolvem a geração, translocação, percepção e transdução de sinais específicos para ativar a expressão dos genes de defesa (LÉON et al., 2001).

Um exemplo clássico de interações inseto-plantas é a produção de inibidores de protease (IPs) pelas plantas em resposta aos danos causados pelos insetos (DUNSE et al., 2010). Inibidores de proteases são pequenas proteínas bastante comuns na natureza, muitas vezes presentes em sementes (FAN; WU, 2005) e estão entre as características de resistência mais amplamente distribuídas e bem estudadas na defesa de plantas contra seus agressores herbívoros (HARTL et al., 2011; BODE; HALITSCHKE; KESSLER, 2013). Há diferentes tipos de IPs de plantas que funcionam contra os diferentes tipos de proteases (serina, aspartato, cisteína, metalo e treonina protease) expressas no intestino de insetos (BODE; HALITSCHKE; KESSLER, 2013).

Outro fator limitante que prejudica o crescimento e desenvolvimento da planta é a condição ambiental desfavorável. O estresse abiótico afeta as plantas em diferentes níveis através da redução das taxas de assimilação de CO₂, tamanho das células das folhas, taxa de transpiração, potencial hídrico, taxa de crescimento da planta e abertura dos estômatos, que afeta direta ou indiretamente a fotossíntese através da indução de alterações fisiológicas, que podem levar a morte da planta (BEGCY et al., 2012).

A identificação de genes com papel nas respostas de defesa das plantas aos diferentes estresses é fundamental para elucidar mecanismos específicos de adaptação e resistência das plantas as condições adversas. A cana-de-açúcar é seriamente afetada por estresses bióticos e abióticos que ocasionam a redução no crescimento e produtividade. Entre os estresses bióticos, a broca-da-cana, *Diatraea saccharalis*, é a praga mais importante desta cultura, tendo ampla distribuição nos canaviais do Brasil (VENDRAMIM; SILVA; CAMARGO, 1989). A lagarta provoca danos diretos e indiretos na cana-de-açúcar causando perdas na produção de açúcar e álcool. Entre os fatores abióticos, um dos mais preocupantes é a seca,

que afeta diversas regiões e causa uma redução significativa da produção de cana-de-açúcar (KIDO et al, 2012; LEMBKE et al., 2012). Um terço da população do mundo reside em regiões com escassez de água e, devido às mudanças climáticas, o déficit hídrico pode se tornar mais frequente e grave no futuro (NOURI; KOMATSU, 2013).

Assim, o objetivo geral deste trabalho foi identificar e caracterizar genes diferencialmente expressos nas respostas de cana-de-açúcar ao ataque da *Diatraea saccharalis* e ao estresse hídrico. Os objetivos específicos com relação as respostas ao estresse biótico foram a validação de serina proteases e seus inibidores diferencialmente expressos identificados em estudos anteriores (MEDEIROS et al.¹, manuscrito em preparação) e a caracterização da função dos inibidores de protease do tipo Bowman-Birk e de serina proteases da família S14. Com relação as respostas aos estresses abióticos, os objetivos específicos foram a avaliação das mudanças fisiológicas e transcricionais de plantas jovens de cana-de-açúcar em resposta à seca.

¹ MEDEIROS, A.H.; MINGOSS, F.B.; VICENTINI, R.; MELLO, M.O.; CHABREGAS, S.M.; MOURA, D.S.; SILVA-FILHO, M.C. Sugarcane Serine peptidase inhibitors and serine peptidases associated with sugarcane borer (*Diatraea saccharalis*) herbivory and wounding. Manuscrito em preparação.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma planta proveniente do sul e sudeste asiático, pertencente à família Poaceae, e ao gênero *Saccharum*. As cultivares modernas são derivadas do cruzamento interespecífico entre a espécie *Saccharum officinarum* (espécie que apresenta um elevado teor de açúcar, alto teor de fibras, colmos grossos e pouca habilidade de rebrota, domesticada a partir da espécie selvagem *S. robustum*) e a espécie selvagem *S. spontaneum* (espécie com alta variabilidade e baixa produção de açúcar), seguidas por uma série de retrocruzamentos com *S. officinarum* (GRIVET; ARRUDA, 2002).

A cana-de-açúcar é principalmente cultivada para produção de açúcar e etanol em partes tropicais e subtropicais do mundo, e desempenha um papel significativo na economia mundial (ARVINTH et al., 2010; FERREIRA et al., 2012; GENTILE et al., 2013). O Brasil é apontado como um dos maiores produtores de açúcar e etanol no mundo, e conquista cada vez mais mercado com sua enorme eficiência da cadeia produtiva sucroalcooleira. O crescimento expressivo da produção, a um ritmo de 10% ao ano nos últimos dez anos, demonstra a importância do setor no cenário nacional (JORNALCANA – www.jornalcana.com.br, acesso em: 16 abr. 2013).

A projeção feita pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) para a safra 2013/14 apresenta um aumento de 11% na produção de cana-de-açúcar, atingindo 653,8 milhões de toneladas. Para o Centro-Sul, região que representa mais de 90% da produção do país, a estatal também previu 11,5% de crescimento, para 594 milhões de toneladas. O levantamento, realizado entre os dias 3 e 16 de março, surpreendeu pela previsão ambiciosa para a oferta de açúcar na região Centro-Sul. A companhia estimou uma produção de 39,1 milhões de toneladas desta *commodity* na região, o que, se confirmado, significará um aumento de 14,6%. Para o etanol, cujos preços estão mais atraentes ao produtor, a Conab previu um avanço menor, de 9,2%, para 23,8 bilhões de litros (FNP, 2013; UNIÃO DA INDÚSTRIA DA CANA-DE-AÇÚCAR - UNICA – www.unica.com.br, acesso em: 16 abr. 2013).

A cana-de-açúcar é seriamente afetada por diversos estresses bióticos e abióticos, o que ocasionam a redução no crescimento e produtividade. Entre os fatores bióticos, a broca da cana, *Diatraea saccharalis* (Fabricius, 1794) (Lepidoptera: Crambidae), é a praga mais importante desta cultura, tendo ampla distribuição nos canaviais do Brasil (VENDRAMIM;

SILVA; CAMARGO, 1989). Após a cópula, a fêmea deposita ovos agrupados (5 a 50 ovos) na parte abaxial da folha. As larvas recém-eclodidas se alimentam do parênquima foliar e após a primeira ecdise, penetram no colmo (próximo à bainha da planta) fazendo perfurações de baixo para cima (GALLO et al., 2002).

A alimentação das lagartas causa prejuízos diretos devido à abertura de galerias no colmo da planta, que causam perdas de peso, morte das gemas e queda dos colmos, e indiretos, causada por microorganismos (*Colletotrichum falcatum* e *Fusarium verticillioides*) que invadem as galerias e causam a podridão vermelha (GALLO et al., 2002). Esses fungos provocam a inversão da sacarose armazenada na planta, diminuindo a pureza do caldo e causando perdas na produção de açúcar e álcool. A cada 1% de intensidade de infestação da *D. saccharalis* na cana-de-açúcar, ocorrem perdas produtivas de 0,77% de peso, 0,20% de álcool e 0,25% de açúcar (GALLO et al., 2002).

Além dos prejuízos causados pelo ataque da broca-da cana, a produção de cana-de-açúcar é afetada também por fatores ambientais desfavoráveis. A seca é um dos principais estresses abióticos que afeta a produtividade das culturas em muitas áreas do mundo (BEGCY et al., 2012; GENTILE et al., 2013). Em condições severas, a seca pode produzir alterações irreversíveis que podem induzir a morte da planta. O estresse hídrico provoca várias mudanças na cana-de-açúcar, como a inibição do desenvolvimento da raiz, redução na absorção de água e nutrientes, diminuição de folhas e alongamento do colmo, e em algumas cultivares, enrolamento das folhas, que interfere na absorção de luz reduzindo a fotossíntese (GENTILE et al., 2013).

Nos últimos anos, os plantadores do nordeste têm enfrentado uma persistente estiagem nada otimista para a produção de cana-de-açúcar. De acordo com a Associação dos Plantadores de Cana da Paraíba (ASPLAN), as perdas referentes à safra 2013/2014 devem chegar a 30%, um aumento de 10% acima do previsto pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB). Segundo dados da Asplan, cerca de 6 milhões de toneladas estavam previstas para a safra, que deve alcançar apenas 4,2 milhões (JORNALCANA – www.jornalcana.com.br, acesso em: 16 abr. 2013), causando sérios prejuízos para a região.

Há uma demanda constante, especialmente em países em desenvolvimento, para o aumento da produção agrícola para atender às necessidades crescentes da população. Estas necessidades podem ser satisfeitas através do aumento das áreas cultivadas (ou seja, o plantio em regiões que não foram anteriormente utilizadas) ou através do aumento da produtividade das culturas (BEGCY et al., 2012). Para garantir uma produtividade sustentável, é necessário projetar e desenvolver variedades melhores que podem tolerar os efeitos prejudiciais das

constantes mudanças dos fatores ambientais. Assim, é essencial identificar novos genes em plantas que podem levar a resistência ou tolerância aos estresses bióticos e abióticos, com isso aumentando a produtividade da cana-de-açúcar.

2.2 Estresse biótico

2.2.1 Interação planta-inseto

Interações de plantas e insetos são importantes em ecossistemas naturais uma vez que estes dois grupos de organismos são extremamente diversos e representam quase 50% de todas as espécies identificadas na terra. A teoria de coevolução fitoquímica sugere que os metabólitos secundários são provavelmente os mais importantes mediadores da interação planta-inseto. De acordo com esta teoria, plantas e insetos herbívoros geram forças seletivas que levam a evolução da defesa das plantas (os metabólitos secundários de plantas) e defesa dos herbívoros (capacidade de desintoxicação) um processo de co-evolução que muito se assemelha a uma corrida armamentista (BIDART-BOUZAT; IMEH-NATHANIEL, 2008).

As plantas respondem à herbivoria ativando mecanismos de defesa. Defesas induzidas efetivas selecionam herbívoros que resistam ou contornam essas defesas e estes herbívoros, depois de adaptados, impõe uma pressão de seleção sobre as plantas (KANT et al., 2008). Para promover o sucesso reprodutivo, as plantas desenvolveram táticas defensivas para evitar ou desencorajar os herbívoros. Em sua defesa, os herbívoros desenvolveram estratégias complexas para encontrar e digerir com sucesso partes essenciais da planta para aumentar sua prole (JONGSMA; BEEKWILDER, 2011).

2.2.2 Resposta de defesa das plantas aos insetos

A defesa das plantas pode ser constitutiva, formada por barreiras físicas ou químicas pré-existentes na planta, ou induzida (KARBAN; BALDWIN, 1997; BAENA-GONZÁLEZ, 2010; DOUBNEROVÀ; RYSLAVÀ, 2011). A defesa induzida consiste em mudanças morfológicas, fisiológicas e químicas como resposta direta ao ataque do inseto, e resulta, em geral, na redução da sobrevivência, reprodução ou desenvolvimento dos herbívoros (DICKE, 1998).

Em adição as diretas, algumas espécies de plantas respondem com o aumento da emissão de compostos orgânicos voláteis; estes atraem os inimigos naturais dos herbívoros,

funcionando como uma resposta de defesa indireta da planta (HEIL; KOST, 2006; MAFFEI; MITHÖFER; BOLAND, 2007 b; HOWE; JANDER, 2008; DICKE; BALDWIN, 2010). Estes voláteis de plantas induzidos por herbivoria compreendem principalmente os terpenóides, derivados de ácidos graxos, fenil propanóides e benzênicos e podem ser emitidos no local da lesão ou sistematicamente a partir de partes intactas de plantas afetadas (DICKE; BALDWIN, 2010).

O sucesso das plantas para suportar o estresse biótico depende da sua capacidade de reconhecer rapidamente, decifrar o sinal de entrada, e responder adequadamente a uma gama de ataques de invasores (MAFFEI; MITHÖFER; BOLAND, 2007a, 2007b). Este reconhecimento ocorre a partir da percepção de padrões de moléculas associadas com micróbios (MAMPs) e/ou herbívoros pelos receptores de reconhecimento padrões (PRRs) e também pelas moléculas elicitoras endógenas derivadas do hospedeiro, que são liberados após a infecção e/ou injúria e reconhecidas como sinal de alarme (YAMAGUCHI; HUFFAKER, 2011).

As moléculas elicitoras endógenas liberadas pela degradação e morte celular incluem as espécies reativas de oxigênio (ROS), oligossacarídeos, peptídeos e fragmentos de proteínas (YAMAGUCHI; HUFFAKER, 2011). Estes elicitores induzem e amplificam as respostas de defesa contra organismos invasores local e sistemicamente (MITHÖFER; SCHULZE; BOLAND, 2004; YAMAGUCHI; HUFFAKER, 2011). A cascata de sinalização iniciada pelo inimigo assegura uma resposta induzida que é quantitativa, oportuna e coordenada com outras atividades das células hospedeiras (MAFFEI; MITHÖFER; BOLAND, 2007a, 2007b).

Os primeiros eventos mensuráveis em tecidos de plantas após o ataque dos insetos são: as mudanças do potencial da membrana plasmática (V_m), imediatamente seguido por mudanças na concentração intracelular de Ca^{2+} , e a geração de ROS. O íon cálcio é reconhecido como um mensageiro secundário em numerosas vias de sinalização de plantas. Dentro de minutos, quinases e os fitohormônios, ácido jasmônico e ácido salicílico, são detectáveis. Ativações de genes e posteriores mudanças metabólicas são vistas pela primeira vez após 1 hora (MAFFEI; MITHÖFER; BOLAND, 2007a).

As quinases são proteínas responsáveis pelo controle pós-traducional de proteínas alvo, agindo como reguladores críticos de muitas cascatas de sinalização. Em plantas, há evidências que as MAPKs (*Mitogen-activated protein kinase*) têm um papel importante na sinalização de estresses (a)bióticos, patógenos e hormônios de plantas. Além disso, algumas quinases agem como receptores (nomeados RLK –*Receptor-Like Kinases*) e participam de vários processos como resistência a doenças, crescimento, desenvolvimento, percepção de hormônios e respostas a estresses (ROCHA et al., 2007).

Jasmonatos (JA) são moléculas de sinalização derivadas de lipídeos que desempenham um papel chave na modulação de vários processos fisiológicos e estão envolvidos na ativação das respostas imunes para a maioria dos insetos herbívoros e microorganismos necrotróficos (GIMENEZ-IBANEZ; SOLANO, 2013; LYONS; MANNERS; KAZAN, 2013).

A biossíntese do ácido jasmônico depende da ação de uma série de enzimas pela via octadecanoide. Fosfolipídios sofrem a ação de fosfolipases e liberam o ácido graxo α -linolênico das membranas dos cloroplastos (GIMENEZ-IBANEZ; SOLANO, 2013). Isto proporciona substratos para as etapas subsequentes de dioxigenação catalisadas pelas lipoxigenases (LOXs; 9-LOX e 13-LOX), levando a formação de ácido hidroperóxido octadecadienóico (por exemplo, 13S-HPODE e 9S-HPODE). HPODEs são então convertidos em 12-OPDA (*12-oxo-phytodienoic acid*) nos plastídios através de reações enzimáticas catalisadas pela AOS (*allene oxide synthase*) e posteriormente pela AOC (*allene oxide cyclase*). OPDA é então reduzido/convertido em ácido jasmônico via ação da OPR (*12-oxo-phytodienoic acid reductase*) seguida por três ciclos de β -oxidação nos peroxissomos (GÁLIS et al., 2009; LYONS; MANNERS; KAZAN, 2013). O jasmonato produzido deixa o peroxissomo e pode ser metilado no citossol para formação de metil jasmonato; estes podem agir como moléculas sinalizadoras no citossol ou ativar a transcrição de genes relacionados à defesa no núcleo (LYONS; MANNERS; KAZAN, 2013). Moura e Ryan (2001) demonstraram que a indução de proteínas de defesa (inibidores de protease) em resposta ao ataque de herbívoros em pimenta é regulada através da via de sinalização octadecanóide.

O ácido salicílico (AS) é um hormônio vegetal que também desempenha um importante papel na indução de defesa das plantas contra uma variedade de estresses bióticos e abióticos (WAR et al., 2011), principalmente em resposta à patógenos (MAFFEI; MITHÖFER; BOLAND, 2007a). O AS ativa a geração de ROS e outros processos defensivos tais como, resposta de hipersensibilidade e morte celular (WAR et al., 2011).

2.2.3 Inibidores de protease e proteases de plantas

Plantas produzem uma gama diversificada de metabólitos para obter resistência, incluindo uma multiplicidade de compostos tóxicos e anti-nutritivos assim como várias proteínas anti-nutritivas que inibem a capacidade dos herbívoros de digerir material vegetal depois da ingestão. Estas características de defesa podem ser expressas constitutivamente, e/ou podem ser induzidas em resposta aos ataques antagonistas. Um grupo bem caracterizado

de proteínas anti-digestivas são os inibidores de protease (IPs) (BODE; HALITSCHKE; KESSLER, 2013).

A pesquisa no campo de inibidores de protease de plantas tem uma longa história e iniciou quando Kunitz (KUNITZ, 1946), Bowman (BOWMAN, 1946) e Birk (BIRK, GERTLER; KHALEF, 1963) purificaram e caracterizaram pela primeira vez IPs em plantas de soja. Nas décadas seguintes, novas famílias gênicas foram adicionadas ao espectro inicial, apresentando hoje 13 diferentes famílias gênicas de inibidores de protease, em geral destinadas a inibir as proteases de herbívoros ou patógenos de plantas (JONGSMA; BEEKWILDER, 2011).

O trabalho pioneiro de Green e Ryan (1972) na identificação de IPs como produtos de resposta ao ferimento mecânico e a insetos herbívoros em plantas foi fundamental para destacar sua função como compostos de defesa de plantas. A capacidade de defesa dos IPs depende de seu papel na inibição de proteases (através da ligação direta do sítio catalítico e bloqueio da atividade) presentes no trato digestivo dos insetos, que causa uma redução na disponibilidade de aminoácidos necessários para o crescimento e desenvolvimento do inseto (FAN; WU, 2005; GATEHOUSE, 2011; LALUK; MENGISTE, 2011). Como resultado das pressões seletivas, insetos herbívoros desenvolvem múltiplos mecanismos de adaptação para superar os efeitos defensivos dos IPs (FAN; WU 2005; BODE; HALITSCHKE; KESSLER, 2013).

Diferentes classes de artrópodes produzem diferentes tipos de protease que funcionam em diferentes pHs do intestino, assim, certos tipos de IPs são eficazes apenas contra certos herbívoros. A maioria dos coleópteros tem pH ácido no intestino e produzem principalmente cisteína e aspartato protease, enquanto os lepidópteros têm intestino alcalino e produzem predominantemente serina proteases. A especificidade taxonômica de proteases dos insetos é acompanhada pela diversidade de IPs que podem ser produzidos no mesmo tecido da planta, permitindo assim que as plantas confrontem de forma mais eficiente as múltiplas espécies de herbívoros (BODE; HALITSCHKE; KESSLER, 2013).

As proteases regulam vários processos biológicos das plantas. Em resposta ao desenvolvimento e ao meio ambiente, proteases clivam irreversivelmente proteínas alvo para o processamento proteolítico e degradação, deste modo regulando a vasta gama de respostas celulares das plantas (VAN DER HOORN, 2008; LALUK; MENGISTE, 2011). Assim, as plantas devem rigorosamente regular a atividade proteolítica a fim de alcançar a homeostase celular. Alguns estudos sugerem o papel das proteases na regulação das respostas de defesa,

embriogênese, destino das células e limpeza celular; porém sua função específica nas funções biológicas de plantas não está estabelecida (LALUK; MENGISTE, 2011).

As proteases podem ser subdivididas principalmente em cinco tipos catalíticos (serina, aspartato, cisteína, metalo e treonina protease) com base no resíduo usado para clivar a ligação peptídica (VAN DER HOORN; JONES, 2004). As proteases no banco de dados MEROPS (<http://merops.sanger.ac.uk>) estão divididas em famílias e clãs com base nas relações estruturais e evolucionárias (VAN DER HOORN; JONES, 2004; SIMOVA-STOILOVA et al, 2010).

2.3 Estresse Abiótico

2.3.1 Déficit hídrico

Como organismos sésseis, as plantas são constantemente desafiadas por uma ampla variedade de mudanças ambientais (BAENA-GONZÁLEZ, 2010). O estresse abiótico é um fator limitante que prejudica o crescimento e desenvolvimento da planta, causando uma redução significativa de produção em áreas cultivadas em todo o mundo (OZTURK et al., 2002; KOMATSU; HOSSAIN, 2013). A seca é um dos mais importantes fatores de estresse ambiental e seus efeitos aumentam com as mudanças climáticas e crescente escassez de água (HARB et al., 2010; SIMOVA-STOILOVA et al., 2010; DUGAS et al., 2011). Água é um recurso cada vez mais em falta devido ao aumento da população humana e necessidades sociais, ressaltando a necessidade do seu uso sustentável (HARB et al., 2010).

As respostas das plantas ao estresse hídrico são complexas, envolvendo vários genes que produzem respostas ao nível bioquímico, fisiológico e molecular. Estes genes são classificados em quatro principais categorias: genes envolvidos nas cascatas de sinalização e controle da transcrição; genes que funcionam diretamente na proteção de membranas e proteínas; genes envolvidos na absorção e transporte de água e íons; e genes de função desconhecida (BEGCY et al., 2012).

Diversos estudos estão sendo conduzidos com o objetivo de compreender os mecanismos de adaptação ou tolerância das plantas ao estresse hídrico (UMEZAWA et al., 2006; CHAVES; DAVIES, 2010; BEGCY et al., 2012). Quando as plantas estão sob estresse, uma das primeiras respostas de aclimatação é a redução do crescimento foliar, que resulta em uma manutenção do turgor celular e redução da área de transpiração. Em adição ao turgor

celular, as características biofísicas e bioquímicas da parede celular tem um papel crucial no crescimento celular (HARB et al., 2010).

As expansinas são as proteínas responsáveis pelo relaxamento e extensão da parede celular, pois hidrolisam as ligações entre a hemicelulose e as microfibrilas de celulose. Análises de microarranjo e qRT-PCR revelaram a indução de genes que codificam expansinas durante seca moderada; por outro lado, houve uma repressão da maioria destes genes na seca progressiva. Houve também variação de expressão nos diferentes dias de estresse; por exemplo, o gene EXLB1 apresentou um pico de indução no primeiro dia e um decréscimo a partir do 2º dia de estresse, sugerindo uma tentativa de aclimação no início do estresse através do ajustamento da parede celular (HARB et al., 2010).

Quando as plantas são desafiadas pela seca, ou por outros estresses abióticos, ROS são geradas como resultado da inibição da fotossíntese e predominância da fotorespiração. ROS são produzidas em diferentes compartimentos da célula vegetal em condições normais e adversas e apresentam uma função dupla nas plantas: são necessárias como moléculas de sinalização, mas em altas concentrações são prejudiciais. Alta concentração de ROS, portanto, é sintoma de estresse, deste modo, a planta tem que manter sua concentração dentro de um determinado nível que é necessário para a homeostase celular normal (HARB et al., 2010). A concentração de ROS na célula é mantida pelo sistema antioxidante, que é composto por moléculas antioxidantes como ascorbato, glutatona e α -tocoferol, em adição a enzimas antioxidantes, peroxidases, catalases e dismutases. A indução de membros do sistema antioxidante é altamente correlacionada com a severidade do estresse, assim, sob estresses severos, as enzimas antioxidantes são diferencialmente e altamente induzidas (HARB et al., 2010; MILLER et al., 2010).

2.3.2 Mecanismos de regulação das respostas de defesa da planta

Fatores de transcrição (FTs) são essenciais para os mecanismos de regulação das respostas de defesa. FTs são proteínas de ligação ao DNA, que interagem com outros componentes da maquinaria transcricional para recrutar ou bloquear o acesso da RNA polimerase ao promotor (ALVES et al., 2013). Nas plantas, os fatores de transcrição MYB e bZIPs (*basic leucine zipper*) são importantes reguladores de muitos processos de desenvolvimento e fisiológicos (ALVES et al., 2013; WANG et al., 2013). Zhang et al (2012) mostraram que plantas transgênicas de trigo super expressando um gene que codifica um R2R3 MYB apresentaram maior resistência ao fungo *Bipolaris sorokiniana* e à seca,

enquanto a supressão deste FT mostrou suscetibilidade nas plantas transformadas (ZHANG et al., 2012). Wang e colaboradores (2013) também demonstraram que este FT aumentou a tolerância à seca, ao frio e à alta salinidade em plantas transgênicas de tabaco.

Dez grupos de fatores de transcrição bZIP foram identificados em *Arabidopsis* e foi demonstrado seu papel nas respostas aos estresses biótico e abiótico (JAKOBY et al., 2002). Gupta et al. (2010) mostraram uma indução (~13 vezes) de fatores de transcrição bZIP depois que folhas de cana-de-açúcar foram tratadas com 400 mM de manitol durante 9 h, sugerindo um papel na tolerância ao estresse hídrico.

Os hormônios também são importantes reguladores das respostas de defesa aos estresses bióticos e abióticos (CRAMER et al., 2010; KILIAN et al., 2011). O ácido abscísico (ABA) é um regulador central de muitas respostas da planta aos estresses ambientais. Sua ativação pode ser muito rápida, sem o envolvimento de atividade transcricional; um bom exemplo é o controle da abertura dos estômatos pelo ABA através da regulação bioquímica dos processos de transporte de água e íons. Existe também uma resposta mais lenta, que envolve atividade transcricional, que regula o crescimento, germinação e mecanismos protetores (CRAMER et al., 2010).

Estudos sobre regulação transcricional ao estresse salino e hídrico revelaram vias ABA-dependente e independente. A desidratação celular sob condições limitadas de água induz um aumento nos níveis de ABA endógeno que ativam genes que codificam fatores de sinalização, enzimas metabólicas e outros (CRAMER et al., 2010). Na fase vegetativa, a expressão de genes responsivos ao ABA é principalmente regulada por fatores de transcrição bZIP, conhecidos como AREB/ABFs, que atuam de forma ABA-dependente (YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2006). A ativação de cascatas de sinalização de ABA resulta em uma maior tolerância das plantas ao déficit de água (YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2006; GUPTA et al., 2010). Por outro lado, análises de regiões promotoras demonstraram que elementos de ação cis (*Dehydration-Responsive Elements* – DRE) estão relacionados à vias de resposta à desidratação e ao frio independentes de ABA (YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2006; HARB et al., 2010).

Outros hormônios também estão envolvidos nas respostas das plantas ao estresse ambientais, destacando-se: o etileno, o ácido jasmônico e as auxinas (CRAMER et al., 2011; LYONS; MANNERS; KAZAN, 2013).

2.3.3 Sequenciamento de nova geração (SNG): RNA-Seq

A disponibilidade de tecnologias de sequenciamento de nova geração (SNG) promete melhorias no estudo do perfil de transcritos (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009; DEYHOLOS, 2010; LU et al., 2010). Nestes métodos baseados em sequenciamento (por exemplo, RNA-Seq), uma população de RNA é convertida a uma biblioteca de fragmentos de cDNAs com adaptadores acoplados em uma ou em ambas extremidades. Cada molécula, amplificada ou não, é então sequenciada com um método de alto rendimento para obter sequências curtas de uma extremidade (*single-end sequencing*) ou ambas as extremidades (*pair-end sequencing*). As leituras são tipicamente de 30-400 pares de bases, dependendo da tecnologia de sequenciamento utilizada (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009). Depois da obtenção das sequências menores (*reads*), é necessário reconstruir os transcritos pela montagem do transcriptoma. Esta montagem pode ser realizada a partir de comparações com genoma de referência ou sem genomas de referências, metodologia conhecida como *De novo assembly* (MARTIN; WANG, 2011).

A abundância dos transcritos é então estimada a partir de sua frequência relativa no conjunto de sequências obtidas (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009). Os dados do RNA-Seq são altamente reprodutíveis, com poucas diferenças entre as triplicatas técnicas e oferece uma ampla quantidade de sequências que é limitada somente pela intensidade de sequenciamento, sendo muito maior que a quantidade de sequências obtidas pelos microarranjos. (FU et al., 2009; DEYHOLOS, 2010). Comparado com o tradicional sequenciamento de EST de baixo rendimento realizado pela tecnologia Sanger, que detecta somente transcritos mais abundantes, o amplo e extenso sequenciamento de um típico experimento de RNA-Seq oferece um estudo detalhado do transcriptoma, incluindo grandes e pequenos RNAs, novos transcritos de genes não anotados, isoformas de splicing e transcritos raros com funções regulatórias (MARTIN; WANG, 2011).

Diversos estudos de transcriptoma utilizando SNG vêm sendo empregados (DEYHOLOS, 2010, LU et al., 2010; EKBLÖM; DUGAS et al., 2011; GALINDO, 2011; STRICKLER; BOMBARELY; MUELLER, 2012; XIAO et al., 2013) para identificar e caracterizar genes em várias espécies de plantas, especialmente em plantas não-modelo no qual o genoma ainda não foi sequenciado, como é o caso da cana-de-açúcar.

Assim, é de grande interesse saber quais genes são diferencialmente expressos em plantas de cana-de-açúcar em resposta as condições ambientais desfavoráveis, especialmente ao

estresse hídrico, para desenvolver novas cultivares com maior resistência e/ou tolerância as restrições abióticas.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Estresse biótico

3.1.1 Material biológico e desenho experimental

O experimento foi conduzido na casa de vegetação do Departamento de Genética, ESALQ-USP. Microtoletes de cana-de-açúcar com uma gema (*Saccharum* spp. cv. SP80-3280) que foram gentilmente cedidos pelo Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), Piracicaba, SP, foram plantados em vasos plásticos de 200 mL contendo substrato (Plantmax, Eucatex) e cultivados em casa-de-vegetação por 30 dias, sob condições naturais, sem suplementação com luz artificial. A temperatura variou de 18°C (noite) a 34°C (dia).

Plantas de cana-de-açúcar foram submetidas ao ataque de *Diatraea saccharalis* e ao ferimento mecânico durante 9 h. Lagartas de *D. saccharalis* foram criadas no CTC em dieta artificial a 25°C, 60 ± 10% de umidade relativa e fotofase de 14 h. As lagartas de 4º instar foram retiradas da dieta e mantidas em jejum por 24 h antes de serem transferidas individualmente para a região do colmo da planta. No tratamento mecânico, o colmo da planta foi ferido com uma haste pontiaguda de ferro durante 9 h, de hora em hora, simulando o ataque dos insetos. A parte aérea do material vegetal foi coletada no início do experimento (0h) e após 9 h, sendo congelada em nitrogênio líquido imediatamente. Três repetições de quatro plantas cada foram usadas para cada tempo de coleta.

Sementes de *Arabidopsis thaliana*, ecótipo Columbia, foram semeadas em vasos plásticos contendo iguais proporções de substrato organomineral (Plantamax, Eucatex) e vermiculita e mantidas em câmara de crescimento (Conviron ATC26) por 30 dias, sob condições controladas de fotoperíodo (16 h claro e 8 h escuro), aproximadamente 300 µE de intensidade luminosa e temperatura constante (22°C ± 1°C). As plantas foram irrigadas a cada três dias, com solução nutritiva [Ca(NO₃)₂ 5 mM, KNO₃ 5 mM, MgSO₄ 2 mM, KH₂PO₄ 1 mM, FeEDTA e micronutrientes] e água. Sementes de arroz, variedade BRS Sertanejo, cedidas gentilmente pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), Campinas, SP, foram plantados em vasos plásticos de 200 mL contendo substrato (Plantmax, Eucatex) e cultivados em casa-de-vegetação por 30 dias, sob condições naturais, sem suplementação com luz artificial. A temperatura variou de 18°C (noite) a 34 °C (dia).

Plantas de *Arabidopsis thaliana* e arroz foram submetidas ao ataque de *Spodoptera frugiperda* e ao ferimento mecânico durante 9 h. Lagartas de *S. frugiperda* foram criadas no

laboratório de Biologia de Insetos/ESALQ/USP a 25°C, 60 ± 10% de umidade relativa e fotofase de 14 h em dietas artificiais. As lagartas foram mantidas em tubos de vidro (2,5 cm de diâmetro e 8,0 cm de altura), tampados com algodão e alimentadas com dieta artificial. No 3º instar, as lagartas foram mantidas em jejum por 24 h, e posteriormente foram transferidas para a parte aérea das plantas. No tratamento mecânico, as plantas foram danificadas com uma haste de ferro, de hora em hora. Após 9 h de tratamento, o dano foi cessado e a parte aérea do material vegetal foi coletada e imediatamente congelada em nitrogênio líquido. Três repetições de quatro plantas cada foram usadas para cada tempo de coleta (0 e 9 h).

3.1.2 Extração de RNA total e síntese de cDNA

Os tecidos congelados de cana-de-açúcar, arroz e *Arabidopsis* foram macerados e a extração de RNA total foi realizada utilizando o reagente Trizol® (Invitrogen), seguindo instruções do fabricante. As amostras foram tratadas com DNase (1 u, Fermentas, EN0521), para remoção do DNA, por 30 min a 37°C, e o RNA total re-extraído com Trizol para remover a DNase. O RNA total foi quantificado por leitura no espectrofotômetro a 260 nm e a integridade checada através de gel de agarose.

A síntese da primeira fita do cDNA foi feita em um volume de 20 µL, contendo 2 µg de RNA total, 2,5 µM de poly-(dT) primer e 1 µL de transcriptase reversa seguindo as instruções do fabricante (Impron-II™ Reverse Transcriptase, Promega, Madison, WI).

3.1.3 Monitoramento dos transcritos através de PCR em tempo real

Os ESTs homólogos à inibidores de protease e serina proteases identificados com expressão diferencial em resposta ao ataque da *Diatraea saccharalis* no macroarranjo (desenvolvido por Medeiros e colaboradores) foram validados por PCR em tempo real. As sequências dos iniciadores utilizados na validação estão listadas no Anexo A. Gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase (GAPDH) e β-actina (BUSTIN, 2000; ISKANDAR et al., 2004), foram usados como controles internos.

O PCR quantitativo foi executado com a máquina StepOne Real-Time PCR System (Applied Biosystems) e com o reagente SYBR Green I (Platinum® SYBR® Green qPCR SuperMix- UDG, Invitrogen). Iniciadores gene-específicos foram desenhados com o programa OligoPerfect Designer (Invitrogen, <http://www.invitrogen.com>) usando o seguinte conjunto de critérios: tamanho de 20 a 22 nucleotídeos, conteúdo de guanina e citosina

(GC%) entre 40 a 60% e tamanho de produto entre 100 e 250 pares de bases. A especificidade dos iniciadores foi confirmada por análise dos produtos amplificados em gel de agarose 1%, e por análise da curva de desnaturação. A reação de PCR continha 4 µL de cDNA, 10 µL de Platinum® SYBR® Green qPCR SuperMix-UDG (Invitrogen), 5,2 µL de água destilada e 0,2 µM de cada iniciador em um volume final de 20 µL. Reações controle sem molde foram feitas com 4 µL de água. As condições da PCR foram as seguintes: 50°C por 2 min, 95°C por 2 min, e 35 ciclos de 95°C por 15 seg e 62°C por 30 seg. O sinal de fluorescência foi gravado no final de cada ciclo e a análise da curva de desnaturação foi feita de 72 a 99°C.

A análise dos dados foi feita usando correção para eficiência dos iniciadores, através do programa Relative Expression Software Tool - 384 (REST-384© - version 1) (PFAFFL, 2001), (<http://rest.gene-quantification.info/>). A expressão do GAPDH foi usada para normalizar os níveis de transcritos de cada amostra.

O mesmo procedimento foi realizado para verificar a resposta das serina proteases da família S14 em *Arabidopsis* e arroz em resposta à herbivoria e ao ferimento mecânico. GAPDH, SAND (*SAND family protein*), e UBC (*Ubiquitin*) foram usados como genes de referência em *Arabidopsis* (CZECHOWSKI et al., 2005), e GAPDH, UBQ5 (*Ubiquitin 5*) e eEF-1α (*Eukaryotic elongation factor 1-alpha*) foram utilizados como genes de referência em arroz (JAIN et al., 2006) (Anexo B).

3.1.4 Análise Filogenética

A análise filogenética das sequências dos aminoácidos das serina proteases da família S14 foi realizada baseada na metodologia de máxima verossimilhança (*maximum likelihood*) e análise Bayesiana. Estas metodologias foram empregadas para investigar os efeitos nos resultados da análise dos dados sob presunções mais restritas, uma vez que empregam modelos de substituição particulares para as análises filogenéticas. Uma terceira análise feita apenas nos conjuntos de dados onde a resolução dos ramos não foi totalmente conclusiva foi feita por máxima parcimônia. Para proposição dos modelos utilizamos os algoritmos implantados pelo software jModelTest (POSADA, 2009). Para as análises de máxima verossimilhança foi utilizado o programa PhyML (GUINDON; GASCUEL, 2006) e para as análises bayesianas o programa MrBayes. Para ambas as análises foi adotado o modelo de substituição proposto pelo jModelTest.

O uso da metodologia de máxima verossimilhança para propor uma hipótese filogenética avalia a probabilidade do modelo evolutivo escolhido gerar as sequências

observadas (probabilidade dos dados dentro de um modelo), a filogenia final é resultante da busca heurística pelas árvores com maior verossimilhança (*likelihood*) (FELSENSTEIN, 1981).

A análise Bayesiana tem como resultado uma árvore estimada e a quantificação da incerteza dos grupos de indivíduos desta. Outra vantagem da análise filogenética com o método Bayesiano é que este permite que os parâmetros de frequência e de substituição de nucleotídeo sejam específicos para cada conjunto de dados (= proteínas) (RANNALA; YANG, 1996).

3.2 Estresse abiótico

3.2.1 Material biológico

O experimento foi conduzido no Centro de Pesquisa CSIRO Plant Industry, Brisbane, Queensland, Austrália. Microtoletes de cana-de-açúcar com uma gema, cultivar Q208, foram plantados em bandejas plásticas contendo perlite (vinte microtoletes por bandeja) e cultivados em casa de vegetação com temperatura variando em torno de 30°C, sem suplementação com luz artificial.

Após três semanas, as plantas germinadas foram transplantadas para vasos plásticos de cinco litros contendo substrato (*UC Soil Mix by University of California*), quatro plantas por vaso equidistantes entre si. As plantas foram cultivadas em temperatura e umidade controladas [12 h (dia) – 28°C e 65% de umidade e 12 h (noite) – 22°C e 65% de umidade] em salas com condições ambientais controladas (*Controlled Environment Facility – CEF*) por aproximadamente 5 semanas.

3.2.2 Parâmetros fisiológicos

Para avaliar os parâmetros fisiológicos em resposta à seca, plantas de cana-de-açúcar com 2 meses foram submetidas a dois tratamentos: controle (irrigado: IR) e déficit hídrico (não irrigado: NI) durante 7 dias.

Foram avaliados parâmetros fisiológicos baseados em trocas gasosas foliares, entre os quais a taxa de fotossíntese (P_N , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), condutância estomática (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), transpiração (Tr , $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), concentração intercelular de CO_2 (C_i , ppm), utilizando o equipamento LICOR 6400 na última folha com a lígula visível (folha +1). As avaliações foram sempre iniciadas às 10 h 30 min, e foram realizadas durante os 7 dias de déficit hídrico.

Para a análise do teor relativo de água na folha, a folha +1 foi coletada no 0, 3º e 7º dia de tratamento. O teor relativo de água foi avaliado para determinação do estado hídrico das plantas, seguindo o método proposto por Barr e Weatherley (1962). Cada amostra teve seu peso fresco (W) mensurado e foi imediatamente colocada em tubos Falcon com água deionizada para hidratação, até atingir turgidez total (aproximadamente 1 h). Após hidratação, as amostras foram levemente secas e pesadas novamente para obter o peso túrgido (TW). As amostras foram então secas a 60°C por 24 h e então pesadas novamente para determinar o peso seco (DW). Os valores foram obtidos em mg, e aplicou-se a seguinte fórmula para calcular o conteúdo relativo de água:

$$RLWC (\%) = (W-DW) / (TW-DW) \times 100$$

Onde RLWC (*Relative Leaf Water Content*) é o conteúdo relativo de água, W (*Weight*) é o peso fresco, TW (*Turgid Weight*) é o peso túrgido e DW (*Dry Weight*) o peso seco da amostra (BARR; WEATHERLEY, 1962).

3.2.3 Extração de RNA total e confecção do cDNA

A folha + 1 de plantas jovens de cana-de-açúcar foram coletadas no 0, 3º e 7º dia de tratamento e rapidamente congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas a – 80°C para posterior extração do RNA total.

Os tecidos congelados foram desidratados durante 48 h no liofilizador (Freeze Dryer ALPHA 1 -4 LD), e posteriormente triturados. A extração de RNA total foi realizada utilizando o RNeasy® Plant Mini Kit (Qiagen), seguindo instruções do fabricante. As amostras foram tratadas com RNase-Free DNase Set (Qiagen), seguindo instruções do fabricante, para remoção do DNA. Todo o processo foi realizado no equipamento QIAcube (Qiagen).

O RNA total foi quantificado por leitura no NanoDrop 2000c (Uniscience), a 260 nm, e a integridade do RNA foi checada através de gel de agarose 1%. O cDNA foi gerado utilizando o QuantiTect® Reverse Transcription Kit (Qiagen), seguindo instruções do fabricante.

3.2.4 PCR quantitativo em tempo real

Devido ao alto custo da tecnologia do RNA-Seq, primeiramente foi avaliada a qualidade e eficiência do estresse hídrico imposto nas plantas de cana-de-açúcar. Para isto, foram realizadas buscas na literatura por genes relacionados à seca e à fotossíntese, e estes foram avaliados por PCR em tempo real.

Iniciadores específicos foram desenhados utilizando-se o programa Mac Vector versão 12.7.0 (Apple) (Anexo C). Os seguintes parâmetros foram utilizados: tamanho do iniciador, 20 pares de bases; temperatura de anelamento, 60°C; percentual de guanina e citosina (GC%) entre 40 e 60%; tamanho do produto amplificado de 90 a 120 pares de bases e concentração salina, 50 nM. A especificidade dos iniciadores foi confirmada pela reação de PCR utilizando-se a transcrição reversa do RNA total da parte foliar da cana-de-açúcar como molde e a enzima Platinum® Taq DNA Polymerase (Invitrogen), seguindo instruções do fornecedor.

Para as reações de qPCR foi utilizado a pré-mistura SYBR® Green PCR Master Mix (Applied Biosystems), conforme instruções do fornecedor. As condições da PCR foram as seguintes: 50°C por 2 min, 95°C por 10 min, e 35 ciclos de 95°C por 15 seg e 60°C por 1 min. O sinal de fluorescência foi gravado no final de cada ciclo e a análise da curva de desnaturação foi feita de 72 a 99°C. Todas as reações foram realizadas em triplicatas. O cálculo das eficiências de amplificação e também da expressão relativa dos transcritos foi feito através do programa qbase Plus (Biogazelle). Como genes de referência foram utilizados o gene da gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase (GAPDH) e β -actina (BUSTIN, 2000; ISKANDAR et al., 2004).

O mesmo procedimento foi seguido para a validação dos dados de expressão gênica obtidos pelo RNA-Seq. Iniciadores específicos foram elaborados a partir de genes envolvidos em diferentes processos metabólicos detectados como diferencialmente expressos em resposta ao estresse hídrico para terem seus níveis de expressão do RNA-Seq validados por RT-qPCR (Anexo D).

3.2.5 RNA-Seq

O RNA total da folha + 1 de plantas jovens (2 meses) de cana-de-açúcar foram utilizadas para o sequenciamento de nova geração. Para determinar os melhores dias de coleta para a realização do RNA-Seq, experimentos pilotos foram realizados e os tempos 0 h, 3 e 7 dias foram selecionados por representarem uma resposta precoce (3º dia) e uma resposta tardia (7º dia) ao tratamento. As amostras de RNA total (controle 0 h; controle e tratamento –

3º dia e controle e tratamento – 7º dia) foram enviadas, na quantidade de 10 µg por amostra, ao Australian Genome Research Facility Ltd (AGRF). Para verificar a qualidade e integridade do RNA total, este foi analisado utilizando o equipamento Bioanalyser 2100 (Agilent).

Após a obtenção dos valores de integridade do RNA (*RIN – RNA Integrity Number*) as bibliotecas de cDNA foram construídas, seguindo as instruções do fabricante (Illumina). Para o experimento de RNA-Seq foram utilizadas três repetições biológicas para cada tempo estudado, totalizando quinze bibliotecas. Após as construções, as quinze bibliotecas foram sequenciadas a partir de cada extremidade (*paired-end reads*) dos fragmentos de cDNA em uma canaleta na *flowcell* do sequenciador HiSeq2000 (CASAVA pipeline version 1.8.2).

3.2.6 Análises de bioinformática

Após o sequenciamento, os dados gerados no formato Illumina FASTQ foram baixados para os servidores Tragus e Darius do laboratório da CSIRO Plant Industry. Inicialmente as sequências em arquivos formato FASTQ, contendo sequências não filtradas (*untrimmed*), foram checadas quanto à qualidade do sequenciamento, filtradas, normalizadas e posteriormente alinhadas utilizando-se o software CLC Genomics Workbench (CLC bio, Denmark). As análises foram feitas empregando o transcriptoma do sorgo (*Sorghum gene models*, <http://genome.jgipsf.org/Sorbi1/Sorbi1.download.ftp.html>) como referência. As estimativas dos valores normalizados de expressão gênica foram obtidas através dos valores de RPKM (*Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads*).

Através dos valores de RPKM é possível estimar os genes diferencialmente expressos entre duas amostras com teste de proporções Baggerley (*Baggerley's test*) e P-valor $\leq 0,05$. Foram comparados os valores de expressão entre os diferentes tratamentos (irrigado: IR e não irrigado: NI) e/ou entre os diferentes tempos de privação de água (0 h, 3 dias e 7 dias). Após a obtenção da lista dos genes diferencialmente expressos, estes foram submetidos a análises de ontologia (*gene ontology*) empregando-se os softwares Blast2Go (CONESA et al., 2005; <http://www.blast2go.com/b2ghome>) e MapMan (USADEL et al., 2009; mapman.gabipd.org/).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Estresse biótico

4.1.1 Genes de cana-de-açúcar diferencialmente expressos em resposta à herbivoria e selecionados para validação

Com o advento das coleções de Etiquetas de Sequências Expressas (*Expressed Sequence Tags* – EST), os estudos de expressão gênica tornaram-se muito importantes na identificação de genes que agem diretamente na proteção ao estresse, transdução de sinal e regulação da expressão gênica (RODRIGUES et al., 2009). Devido a complexidade do genoma de cana-de-açúcar, estudos desta cultura têm sido aprimorados pelas coleções de ESTs, que facilitam a identificação de genes e análises de suas funções.

Medeiros e colaboradores (2013) realizaram uma investigação para estudar as mudanças transcricionais em plantas jovens de cana-de-açúcar sujeita ao ataque de *Diatraea saccharalis*, usando macroarranjo para monitorar a seleção de transcritos, contendo sequências de ESTs de serina proteases e inibidores de serina proteases de cana-de-açúcar do banco de dados SUCEST (Projeto de EST de cana-de-açúcar). Do total de 248 clones presentes na membrana, as serina proteases constituíam 81,85%, e os inibidores de proteases representavam 11,70% dos clones. Os restantes 6,45% dos clones eram representados por genes de referência, como β -actina, GAPDH, fator de iniciação eucariótico e ubiquitina. Foram feitas sondas de cDNA marcado com P^{33} , proveniente de RNA total de plantas controle e plantas atacadas por *Diatraea saccharalis* durante 9 h. Resultados do macroarranjo revelaram 22 ESTs responsivos à herbivoria, sendo 13 sequências induzidas e 9 sequências reprimidas.

Os ESTs diferencialmente expressos em resposta ao ataque da *D. saccharalis* foram validados por PCR em tempo real. Na tabela 1 estão descritos os ESTs induzidos no macroarranjo, os níveis relativos de mRNA obtidos por PCR quantitativo em tempo real e as homologias referentes à diferentes espécies. Um total de 13 ESTs foram induzidos no macroarranjo, sendo 10 homólogos à inibidores de protease (4 ESTs homólogos aos inibidores do tipo Bowman-Birk de arroz e milho (BBI), 5 ESTs homólogos à inibidores de proteinase de milho (MPI) e 1 EST homólogo ao inibidor de subtilisina; e 3 ESTs homólogos à serina proteases. Estes inibidores de protease e serina proteases serão detalhadamente descritos nos próximos itens.

Tabela 1 - Lista dos inibidores de protease e serina proteases induzidas no macroararajo e valores de expressão

Clone de cana-de-açúcar/GI/GB	Níveis relativos de mRNA	E-valor	Identidade (%)	Blast hit ^a	Descrição ^b	Referência
SacBBI1 GI:34966865 GB: CA113558.1	12,30 ± 3,11	2e-24	73/87 (84%)	GI:195610004	<i>Bowman-Birk type wound-induced proteinase inhibitor WIP1 precursor [Zea mays]</i> .	ALEXANDROV et al. (2009)
SacBBI2 GI:35951517 GB: CA261007.1	49,36 ± 16,23	1e-40	85/98 (87%)	GI:115434342	<i>Bowman-Birk type proteinase inhibitor Oryza sativa Japonica Group</i>	TANAKA (2008)
SacBBI3 GI: 35965021 GB: CA266304.1	56,20 ± 14,14	5e-43	74/88 (84%)	GI:195610814	<i>Bowman-Birk type bran trypsin inhibitor precursor [Zea mays]</i>	ALEXANDROV et al (2009)
SacBBI4 GI: 35984624 GB: CA272687.1	582,96 ± 142,75	2e-39	85/98 (87%)	GI:115434342	<i>Bowman-Birk type proteinase inhibitor [Oryza sativa Japonica Group]</i>	TANAKA (2008)
SacMPI-like1 GI: 34922345 GB: CA070500.1	2,03 ± 0,47	4e-26	51/60 (85%)	GI:214015177	<i>Maize proteinase inhibitor [Zea mays subsp. parviglumis]</i>	MOELLER; TIFFIN (2008)
SacMPI-like2 GI: 35258606 GB: CA212876.1	28,55 ± 11,01	6e-33	59/66 (89%)	GI:75994161	<i>Maize protease inhibitor [Zea mays subsp. parviglumis]</i>	MOELLE; TIFFIN (2008)
SacMPI-like3 GI: 36014330 GB:CA282462.1	298,08 ± 76,38	1e-31	58/70 (83%)	GI:214015219	<i>Maize proteinase inhibitor [Zea mays subsp. parviglumis]</i>	MOELLE; TIFFIN (2008)
SacMPI-like4 GI: 36037506 GB: CA288211.1	7,53 ± 2,05	9e-29	55/65 (85%)	GI:214015093	<i>Maize proteinase inhibitor [Zea mays subsp. parviglumis]</i>	MOELLE; TIFFIN (2008)
SacMPI-like5 GI: 36065043 GB:CA297188.1	30,43 ± 6,70	2e-28	56/65 (85%)	GI:214015177	<i>Maize proteinase inhibitor [Zea mays subsp. parviglumis]</i>	MOELLE; TIFFIN (2008)
SacCI-1B-like GI: 35010896 GB: CA129230.1	4,01 ± 1,28	0.067	17/26 (65%)	GI:226507138	<i>Subtilisin-chymotrypsin inhibitor CI-1B [Zea mays]</i>	SCHNABLER et al (2009)
SacClp-like1 GI: 35025255 GB:CA136349.1	27,11 ± 10,31	2e-77	94/94 (100%)	GI:242061800	<i>Clp amino terminal domain; Sorghum bicolor</i>	PATERSON et al. (2009)
SacChy-like GI: 35946811 GB: CA258670.1	0,45 ± 0,10	1e-153	215/221 (97%)	GI:242077536	<i>PDZ domain of trypsin-like serine proteases</i>	PATERSON et al. (2009)
SacCPD-like1 GI: 36002999 GB: CA278685.1	1,00 ± 0,28				<i>No significant similarity found</i>	

^a A BLAST hit foi obtido utilizando o algoritmo BLASTX (ALTSCHUL et al., 1990)

^b A descrição indicou as funções putativas dos produtos gênicos esperado a partir da similaridade das sequências

Na tabela 2 estão descritos os ESTs reprimidos no macroarranjo, os níveis relativos de mRNA obtidos por PCR em tempo real e as homologias referentes à diferentes espécies. Um total de 9 ESTs homólogos à serina proteases foram reprimidos em resposta à herbivoria.

Tabela 2 - Lista das serina proteases reprimidas em resposta à herbivoria e valores de expressão

Clone de cana-de-açúcar/GI/GB	Níveis relativos de mRNA	E-valor	Identidade (%)	Blast hit ^a	Descrição ^b	Referência
SacClp-like2 GI: 34940929 GB: CA087622.1	-2,07 ± 0,14	1e-137	192/198 (97%)	GI:195612324	<i>ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 2 [Zea mays]</i>	ALEXANDROV et al (2009)
SacClp-like3 GI: 34966311 GB: CA113004.1	-6,39 ± 0,03	4e-143	208/224 (93%)	GI:413935895	<i>Putative chaperone clp family protein [Zea mays]</i>	SCHNABLER et al (2009)
SacClp-like4 GI: 35005555 GB: CA126553.1	-1,90 ± 0,07	5e-62	131/150 (87%)	GI:347602486	<i>ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC homolog 1, [Oryza sativa Japonica Group]</i>	FENG et al (2002)
SacClp-like5 GI: 35081269 GB: CA164148.1	-1,94 ± 0,06	7e-108	180/189 (95%)	GI:475585607	<i>ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit clpA-like CD4A protein, chloroplastic [Aegilops tauschii]</i>	ZHAO (2013)
SacCPD-like2 GI: 34966324 GB: CA113017.1	-2,14 ± 0,07	4e-127	177/198 (89%)	GI:195637388	<i>Serine carboxypeptidase K10B2.2 precursor [Zea mays]</i>	ALEXANDROV et al (2009)
SacCPD-like3 GI: 35050806 GB: CA149102.1	-44,17 ± 0,008	7e-58	94/105 (90%)	GI:226507958	<i>Serine carboxypeptidase K10B2.2 precursor [Zea mays]</i>	ALEXANDROV et al (2009)
SacSub-like1 GI: 34948297 GB: CA094990.1	-4,41 ± 0,04	2e-136	199/221 (90%)	GI:414880317	<i>TPA: putative subtilase family protein [Zea mays]</i>	SCHNABLER et al (2009)
SacSub-like2 GI: 34967468 GB: CA114161.1	-2,66 ± 0,08	2e-42	80/100 (80%)	GI:42407651	<i>Putative subtilisin-like proteinase [Oryza sativa Japonica Group]</i>	SASAKI et al (2001)
SacSub-like3 GI: 34967945 GB: CA114638.1	-1,6 ± 0,06	6e-76	124/158 (78%)	GI:475577050	<i>Subtilisin-like protease [Aegilops tauschii]</i>	ZHAO (2013)

^a BLAST hit foi obtido utilizando o algoritmo BLASTX (ALTSCHUL et al., 1990).

^b A descrição indicou as funções putativas dos produtos gênicos esperado a partir da similaridade das sequências

Embora a identificação de serina proteases reprimidas nas respostas de defesa de plantas não é o foco de discussões nos artigos de interação planta-inseto, neste trabalho foram identificadas 9 serina proteases reprimidas pelo ataque do inseto. Simova-Stoilova e colaboradores (2010) também revelaram diminuição da expressão de genes que codificam proteases (cisteína proteases) sob o déficit hídrico. Estudos de transcriptômica identificaram proteases de plantas diferencialmente expressas durante o estresse biótico e abiótico (OZTURK et al, 2002; GUPTA et al., 2010; DUGAS et al, 2011), corroborando com os resultados mostrados na validação.

A partir dos resultados obtidos pelo PCR em tempo real, foi possível confirmar os resultados do macroarranjo. Os ESTs analisados pelo qPCR apresentaram mesmo padrão de expressão que foi observado no macroarranjo, com exceção de 2 ESTs homólogos à serina proteases (SacChy-like e SacCPD-like1) que não apresentaram níveis de expressão significativos no PCR em tempo real.

4.1.2 Inibidores de protease do tipo Bowman-Birk (BBI)

A análise do macroarranjo identificou 10 ESTs homólogos à inibidores de protease induzidos por *D. saccharalis*, dos quais quatro são homólogos à inibidores de protease do tipo Bowman-Birk (SacBBI1, SacBBI2, SacBBI3 e SacBBI4). Estes BBIs foram validados por PCR em tempo real quantitativo para confirmarem os resultados obtidos no macroarranjo. A sequência SacBBI1 foi 12,30 vezes mais expressa nas plantas atacadas pela lagarta, em relação as plantas controle. A sequência SacBBI2 e a sequência SacBBI3 foram 49,36 e 56,20 mais expressas nas plantas submetidas ao estresse, respectivamente. A SacBBI4 teve o maior nível de indução entre os inibidores de proteinase do tipo Bowman Birk: 582,96 (Figura 1). Apesar dos inibidores do tipo Bowman-Birk constituírem somente 5,65% do total dos clones presente no arranjo, eles representaram 30,77% dos genes induzidos pela alimentação da lagarta.

Estes inibidores também foram avaliados em resposta ao ferimento mecânico em cana-de-açúcar para verificar se a resposta de defesa dos BBIs é específica à herbivoria ou se é ativada independente do mecanismo indutor. Os resultados indicaram que os BBIs apresentaram um nível aumentado de expressão nas plantas danificadas artificialmente quando comparadas as plantas controle (SacBBI1 – $17,04 \pm 3,35$, SacBBI2 – $13,98 \pm 1,00$, SacBBI3 – $11,13 \pm 0,93$ e SacBBI4 – $55,58 \pm 10,18$), constatando que estes inibidores de protease são ativados por diferentes estresses (Figura 1).

Figura 1 – Níveis de expressão relativa por qPCR de inibidores de protease do tipo Bowman-Birk de cana-de-açúcar após 9 h de alimentação da *D. saccharalis* (barras cinza escuro), dano mecânico (barras cinza claro) e controle (barras pretas). Os valores correspondem a média de 3 replicatas, normalizados pela expressão do gene GAPDH. A regulação da expressão foi calculada com o software REST 2008 (Pfaffl et al, 2002). Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao controle

Em estudos realizados no laboratório de Biologia Molecular de Plantas da ESALQ-USP sobre a evolução molecular dos inibidores do tipo Bowman-Birk, foi proposto que os inibidores de plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas acumularam uma série de duplicações e mutações que permite separá-los em grupos distintos. Os autores analisaram 14 sequências de inibidores tipo BBI de cana-de-açúcar e os classificaram em três grupos (MI-I, MI-III e MI-V) baseado na similaridade de sequência de aminoácidos (MELLO; TANAKA; SILVA-FILHO, 2003). Durante a evolução, o grupo MI-I sofreu a perda de duas cisteínas (C_{10} - C_{11}), e está representado quase no topo do esquema evolucionário sugerido por Mello e colaboradores (2003). O grupo MI-III evoluiu a partir de MI-I e sofreu a perda de mais duas cisteínas (C_4 - C_5 e C_{10} - C_{11}). O grupo MI-V foi provavelmente gerado pela duplicação gênica interna em MI-II (não está presente em cana-de-açúcar) e perdeu seis cisteínas em uma região (C_3 - C_{13} , C_4 - C_5 e C_{10} - C_{11}) e quatro na outra região (C_3 - C_{13} e C_{10} - C_{11}).

Curiosamente, todas as sequências de inibidores de proteases que foram induzidas pela alimentação da lagarta e fermento mecânico em nosso estudo divergem filogeneticamente daquelas sequências que não tiveram expressão diferencial. De acordo com essa classificação, as sequências induzidas pelos tratamentos (herbivoria e injúria) estão dentro dos grupos: MI-V (SacBBI1) e MI-III (SacBBI2, SacBBI3 e SacBBI4). Os outros 10 inibidores de proteinase do tipo BBI que mantiveram a expressão constante no macroarranjo: SacBBI5 (CA090161.1), SacBBI6 (CA095678.1), SacBBI7 (CA121693.1), SacBBI8 (CA143650.1), SacBBI9 (CA146438.1), SacBBI10 (CA151193.1), SacBBI11 (CA188108.1), SacBBI12 (CA232567.1), SacBBI13 (CA273430.1) e SacBBI14 (CA276901.1) estão classificados no grupo MI-I (Figura 2). Resultados de PCR em tempo real revelaram que estes 10 inibidores BBIs também não foram diferencialmente expressos pelo dano mecânico.

Figura 2 - Esquema evolutivo proposto para os inibidores de protease do tipo Bowman-Birk em plantas, modificado de MELLO; TANAKA; SILVA-FILHO, 2003.

A partir destas observações, podemos especular que a divergência evolutiva, ilustrada pela similaridade de sequência de aminoácidos é seguida pela divergência de função, uma vez que os inibidores do grupo MI-I estão juntos no primeiro ramo da árvore filogenética proposta

por Mello e colaboradores (2003), a partir do qual derivam os outros inibidores. Ou seja, alguns inibidores de protease do tipo BBI divergiram para a função de defesa das plantas (aqui ilustrados pelos grupos MI-III e MI-V), enquanto que os inibidores do grupo MI-I devem ter outro tipo de função na planta.

4.1.3 Inibidores de protease: MPI e inibidor de subtilisina

Os outros 6 inibidores de protease induzidos por herbivoria no macroarranjo são: 5 homólogos aos inibidores de protease de milho (MPI – *Maize Proteinase Inhibitor*) (SacMPI-like1, SacMPI-like2, SacMPI-like3, SacMPI-like4 e SacMPI-like5) e 1 homólogo ao inibidor de subtilisina e quimotripsina (SacCI-1B-like). Estes inibidores foram validados por PCR em tempo real e apresentaram os seguintes níveis relativos de expressão: SacMPI-like1 – $2,03 \pm 0,47$; SacMPI-like2 – $28,55 \pm 11,01$; SacMPI-like3 – $298,08 \pm 76,38$; SacMPI-like4 – $7,53 \pm 2,05$; SacMPI-like5 – $30,43 \pm 6,99$ e SacCI-1B-like – $4,01 \pm 1,28$ mais expressos nas plantas atacadas pela *D. saccharalis* em relação as plantas controle (Figura 3).

Estes transcritos também foram avaliados em resposta ao ferimento mecânico, e os níveis de expressão foram: SacMPI-like1 – $5,91 \pm 0,60$; SacMPI-like2 – $6,82 \pm 1,77$; SacMPI-like3 – $39,26 \pm 4,81$; SacMPI-like4 – $21,85 \pm 2,96$; SacMPI-like5 – $57,19 \pm 8,13$ e SacCI-1B-like – $8,78 \pm 1,51$ mais expressos nas plantas submetidas à injúria quando comparados as plantas não danificadas (Figura 3). O inibido SacMPI-like3 se destacou entre os inibidores de serina proteases, apresentando um nível muito alto de expressão em resposta à herbivoria.

Figura 3 - Níveis de expressão relativa por qPCR de inibidores de protease de cana-de-açúcar após 9 h de alimentação da *D. Saccharalis* (barras cinza escuro), dano mecânico (barras cinza claro) e controle (barras pretas). Os valores correspondem a média de 3 replicatas, normalizados pela expressão do gene GAPDH. A regulação da expressão foi calculada com o software REST 2008 (Pfaffl et al, 2002). Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao controle

Diversos estudos (GREEN; RYAN, 1972; FALCO et al., 2001; MELLO; TANAKA; SILVA-FILHO, 2003; HARTL et al., 2011; JONGSMA; BEEKWILDER, 2011) apontam os inibidores de protease como proteínas anti-digestivas fundamentais nas respostas de defesa das plantas contra o ataque de herbívoros, corroborando com os resultados obtidos neste estudo. Lagartas de *D. saccharalis* alimentadas com plantas transgênicas de cana-de-açúcar superexpressando inibidores do tipo BBI e Kunitz tiveram seu crescimento significativamente reduzido quando comparado as lagartas que se alimentaram de plantas não transformadas (FALCO; SILVA-FILHO, 2003), sugerindo um papel anti-nutritivo dos inibidores aos insetos. Dunse e colaboradores (2010) mostraram que a coexpressão de inibidores de serina protease do tipo I e II de batata conferem proteção em plantas de algodão contra ataques de insetos.

A introdução e expressão de genes que codificam inibidores de protease no genoma de cana-de-açúcar pode ser uma estratégia interessante para conferir resistência à diferentes pragas desta cultura, especialmente à broca-da-cana.

4.1.4 Serina proteases

As serina proteases induzidas no macroarranjo foram SacClp-like1, SacChy-like e SacCPD-like1 e estas tiveram a expressão monitorada por PCR em tempo real. A sequência SacChy-like, homóloga à serina protease da família S1 de arroz, e a sequência SacCPD-like1, homóloga à serina protease da família S10 de arroz, não mostraram diferenças significativas nos níveis de expressão gênica. A única protease que se destacou foi a sequência SacClp-like1, homóloga à serina protease da família S14, que foi 27,11 mais expressa nas plantas submetidas ao estresse biótico em relação as plantas controle (Figura 4).

A resposta das proteases ao ferimento mecânico também foi analisada por PCR em tempo real e estas apresentaram semelhante padrão de expressão relativa. A protease SacClp-like1 foi a mais induzida, sendo 7,12 vezes mais expressa nas plantas submetidas ao dano mecânico (Figura 4).

Figura 4 - Níveis de expressão relativa por qPCR de serina proteases de cana-de-açúcar após 9 h de alimentação da *D. Saccharalis* (barras cinza escuro), dano mecânico (barras cinza claro) e controle (barras pretas). Os valores correspondem a média de 3 replicatas, normalizados pela expressão do gene GAPDH. A regulação da expressão foi calculada com o software REST 2008 (Pfaffl et al, 2002). Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao controle

Embora a relação direta de inibidores de protease e defesa de plantas está bem estabelecida, o envolvimento de proteases de planta na resposta à herbivoria ainda precisa ser elucidado. Os resultados encontrados neste trabalho sugerem o papel da serina protease SacClp-like1 nas respostas de defesa das plantas. Tornero et al (1996) revelaram que proteases do tipo subtilisinas (P69) acumularam em plantas de tomate infectadas por vírus; e que a atividade da leucina aminopeptidase ácida (LapA) aumentou durante o ataque de insetos e o ferimento mecânico (PAUTOT et al., 2001).

Outras evidências do papel de proteases na defesa de plantas foram reportadas por Pechan e colaboradores (2000; 2002) que mostraram o acúmulo de uma cisteína protease, Mir1-CP, em plantas de milho em resposta ao ataque de herbívoros e lagartas alimentadas com plantas superexpressando o gene que codifica esta cisteína apresentaram crescimento reduzido; LOPEZ e colaboradores (2007) também identificaram o acúmulo de Mir1-CP nos tecidos vasculares de milho em resposta à herbivoria. Moura et al (2001) identificaram uma serina carboxipeptidase induzida por sistemina, ferimento e metil jasmonato, corroborando com os resultados de resposta ao ferimento mecânico descritos aqui.

Trabalhos envolvendo serina proteases nas respostas de defesa de plantas ao ataque de insetos são escassos na literatura. Associações entre a indução de proteases e defesa são mais encontradas para genes que codificam metalo, aspartato e cisteína protease (VAN DER HOORN; JONES; 2004). Desta forma, a serina protease SacClp-like1 da família S14, que apresentou a maior indução em cana-de-açúcar durante o ataque da *D. saccharalis* e o ferimento mecânico (Figura 4), foi selecionada para avaliar seu comportamento transcricional em outras espécies de planta em resposta à ambos os tratamentos (inseto e injúria) com o propósito de elucidarmos sua função em plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas.

A partir da sequência da protease SacClp-like1 (CA136349.1), foi feita uma busca por similaridade por todas as proteases da família S14 nas espécies de cana-de-açúcar, *Arabidopsis*, arroz e tomate. Através do resultado da árvore filogenética foi identificado que as proteases mais próximas a serina protease S14 de cana-de-açúcar são: AtClp (GI: 18423233) de *Arabidopsis thaliana* e ARALYDRAFT (GI: 297792419) de *Arabidopsis*

tratamentos, com expressão de $5,22 \pm 0,88$ e $7,47 \pm 1,61$ em resposta ao ataque de *S. frugiperda* e ao ferimento mecânico, respectivamente, enquanto a protease OsClp2 não apresentou variação significativa de expressão durante os estresses (Figura 6).

A protease AtClp (protease Clp dependente de ATP) de *Arabidopsis thaliana*, também conhecida por ERD1 (*Early Responsive to Dehydration Stress 1*) é uma proteína nuclear direcionada para o cloroplasto, encontrada predominantemente no estroma (TAIR, www.arabidopsis.org, acesso em 27/06/2013). Resultados deste estudo revelaram que esta protease foi induzida por herbivoria (nível de expressão relativa: $3,21 \pm 0,62$) e por ferimento mecânico (nível de expressão relativa: $1,63 \pm 0,29$) quando comparadas as plantas controle (Figura 6).

Figura 6 - Níveis de expressão relativa por qPCR de serina proteases de arroz e *Arabidopsis thaliana* após 9 h de alimentação da *S. frugiperda* (barras cinza escuro), dano mecânico (barras cinza claro) e controle (barras pretas). Os valores correspondem a média de 3 replicatas, normalizados pela expressão do gene UBQ-5 e GAPDH. A regulação da expressão foi calculada com o software REST 2008 (Pfaffl et al, 2002). Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao controle

Estes resultados corroboram com os trabalhos de Zheng et al (2002) e Shen et al (2003) que identificaram estas proteases sendo induzidas por estresses abióticos em *Arabidopsis* e arroz, respectivamente. A partir destas observações, podemos apontar a função

de serina proteases da família S14 nas respostas de defesa de plantas ao estresse biótico e abiótico em monocotiledôneas e dicotiledôneas.

4.2 Estresse abiótico

4.2.1 Parâmetros fisiológicos e monitoramento de transcritos por PCR quantitativo

Análises dos parâmetros fisiológicos em plantas jovens de cana-de-açúcar submetidas ao estresse hídrico indicaram que a terminação da irrigação resultou em diferenças mensuráveis na razão fotossintética, condutância estomatal e transpiração da folha entre os grupos irrigado e não irrigado.

A taxa de fotossíntese manteve-se constante durante os 5 primeiros dias, em torno de 10 a 15 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{sec}^{-1}$ nos grupos analisados, diminuindo bruscamente no sexto dia (P_N inferior a 5 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{sec}^{-1}$) no grupo não irrigado (Figura 7 A). A condutância estomática (g_s) e a transpiração da folha (Tr) mostraram a mesma tendência da razão fotossintética, apresentando uma queda nas plantas não irrigadas após seis dias de tratamento. A concentração de CO_2 intercelular manteve-se constante durante os 5 primeiros dias, apresentando um pequeno decréscimo no 6º dia, porém recuperou-se no 7º dia de tratamento no grupo não irrigado (Figura 7).

O fechamento dos estômatos sob a seca é uma estratégia adotada pelas plantas para economizar água e manter o turgor (HARB et al., 2010; KOMATSU; HOSSAIN, 2013). A redução na taxa de fotossíntese varia de acordo com a severidade do estresse (HARB et al., 2010; BECY et al., 2012). Pérez-Pérez et al (2007), Harb et al (2010) e Lopes et al (2011) mostraram redução da taxa fotossintética, condutância dos estômatos, concentração de CO_2 e transpiração em diferentes espécies de plantas sob déficit hídrico, corroborando com os resultados descritos na figura 7, exceto pela concentração de CO_2 intercelular (C_i). Em contraste com os outros índices avaliados (P_N , g_s e Tr), onde houve uma queda abrupta durante o estresse, os níveis de CO_2 intercelular também não apresentaram este decréscimo acentuado nos resultados apontados por Bicy e colaboradores (2012).

Figura 7 - (a) Taxa fotossintética [P_n ($\mu\text{mol m}^{-2} \text{sec}^{-1}$)]; (b) condutância estomatal [g_s ($\text{mol m}^{-2} \text{sec}^{-1}$)]; (c) concentração de CO_2 intercelular [C_i (ppm)] e (d) transpiração [Tr ($\text{mmol m}^{-2} \text{sec}^{-1}$)]; da folha +1 durante 7 dias de eprivação de água. Barras verticais indicam o erro padrão (SE) da média entre plantas individuais. Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao grupo irrigado. Cinza escuro: grupo irrigado; cinza claro: grupo não irrigado

Avaliações do teor de água na folha (RLWC) apresentaram um decréscimo não significativo no 3º dia nas plantas não irrigadas, caindo drasticamente no 7º dia de seca (Figura 8). Reduções no RLWC também foram relatadas por Pérez-Pérez et al (2007) e Lopes et al (2011).

Figura 8 - Mudanças no teor relativo de água na folha +1 (RLWC) durante o estresse hídrico. Barras verticais indicam o erro padrão (SE) da média entre plantas individuais. Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao grupo irrigado. Cinza escuro: grupo irrigado; cinza claro: grupo não irrigado

Para avaliar o perfil de expressão gênica em resposta ao estresse hídrico, genes que codificam proteínas relacionadas à defesa de plantas (deidrina e serina protease) e à fotossíntese (enzima málica dependente de NADP e fosfoenolpiruvato carboxilase 1, PEPC-1) foram selecionados. Como esperado, a deidrina foi a mais induzida em resposta à privação de água no 7º dia de tratamento, sendo 15,30 vezes mais expressa nas plantas não irrigadas comparadas as plantas irrigadas. A serina protease também foi induzida no 7º dia de

tratamento, com expressão relativa de 4,58 vezes mais expressa no grupo não irrigado (Figura 9 A e B).

A enzima málica e a PEPC-1 foram reprimidas no grupo não irrigado tanto na resposta precoce (3º dia) quanto na resposta tardia (7º dia) (Figura 9 C e D), revelando que as plantas já apresentavam sinais de respostas ao estresse, o que não era possível notar visivelmente e pela análise dos parâmetros fisiológicos, uma vez que as plantas no 3º dia de tratamento estavam aparentemente saudáveis e as taxas de fotossíntese estavam com valores normais.

Figura 9 - Quantificação da expressão gênica por qPCR em tempo real em plantas jovens de cana de açúcar (folha +1). (a) Deidrina (TC127699); (b) Serina protease (CA136349.1); (c) NADP (TC118557); (d) PEPC-1 (TC132292). Os valores correspondem a média de 3 replicatas, normalizados pela expressão do gene actina. Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao grupo irrigado. Cinza escuro: grupo irrigado; cinza claro: grupo não irrigado

A partir dos resultados obtidos pelo PCR em tempo real, no qual os genes relacionados à defesa foram induzidos e os genes relacionados à fotossíntese foram reprimidos nas plantas não irrigadas quando comparadas as plantas irrigadas, foi confirmada a eficácia do

tratamento. Desta forma, as amostras de RNA total coletadas no 0, 3º e 7º dia de estresse hídrico foram selecionadas para realização do RNA-Seq.

4.2.2 RNA-Seq

As amostras de RNA total extraídas da folha +1 de plantas jovens de cana-de-açúcar: controle 0 h, controle e tratamento – 3º dia e controle e tratamento – 7º dia foram enviadas ao Australian Genome Research Facility Ltd (AGRF) e posteriormente analisadas pelo equipamento Bioanalyser 2100 (Agilent) para a verificação da qualidade e integridade do RNA. Todas as amostras apresentaram ótimos valores de *RIN* (*RNA Integrity Number*) (valores $\geq 8,5$).

Após a confirmação da qualidade dos RNAs, foi realizada a confecção dos mRNAs e posteriormente realizada a construção das bibliotecas de cDNA. Os dados gerados pelo sequenciamento Illumina foram enviados no formato FastaQ. A qualidade foi codificada no formato ASCII da seguinte forma: char (índice de qualidade Phred +33). Os dados foram gerados com a versão mais recente CASAVA pipeline (Illumina), versão 1.8.2.

Por meio do sequenciamento de ambas as fitas dos fragmentos (*pair-end sequencing*) foram obtidos um total de 199.236.648 sequências, com tamanho médio de 100 pb, oriundos de quinze bibliotecas sob duas condições de tratamento: irrigado e não irrigado. A tabela 3 mostra o total de sequências geradas para cada biblioteca deste estudo.

Tabela 3 - Rendimento do sequenciamento Illumina (fragmentos de 100pb)

Amostra	<i>Paired Reads</i>	Rendimento (bp)
T0-C1	21.094.652	4.22 Gb
T0-C3	13.077.440	2.62 Gb
T0-C4	12.824.182	2.56 Gb
T3-C1	12.419.163	2.48 Gb
T3-C2	12.978.632	2.60 Gb
T3-C3	13.962.114	2.79 Gb
T3-T1	13.371.660	2.67 Gb
T3-T2	13.073.579	2.61 Gb
T3-T4	12.552.072	2.50 Gb
T7-C1	12.737.163	2.55 Gb
T7-C2	12.428.778	2.49 Gb
T7-C3	11.993.966	2.40 Gb
T7-T1	11.942.592	2.39 Gb
T7-T2	12.526.657	2.51 Gb
T7-T3	12.282.998	2.46 Gb
Total	199.236.648	39.85Gb

Para as análises da expressão dos transcritos por RNA-Seq as sequências brutas foram filtradas quanto a qualidade do sequenciamento e a contagem de *reads* normalizada utilizando-se o sistema CLC Genomics Workbench (CLC bio, Denmark) com as configurações padrão (Figura 10).

Figura 10 - Esquema de box plot para representar amostras com valores de expressão não normalizados (a), amostras com valores de expressão normalizados (b) obtidos através do software CLC Genomics Workbench, IR = grupo irrigado e NI = grupo não irrigado

Resultados do RNA-Seq obtidos pelo software CLC Genomics Workbench revelaram atividade transcricional total de 24.142 transcritos em plantas de cana-de-açúcar submetidas ao estresse hídrico e estes foram mapeados no genoma do Sorgo de acordo com a abordagem apresentada no material e métodos. Foram comparados os valores de expressão entre os diferentes tratamentos (irrigado e não irrigado) e entre os diferentes tempos de privação de água (0h, 3º dia e 7º dia).

No 3º dia de estresse foi observado expressão diferencial de 68 transcritos, destes 22 induzidos e 46 reprimidos (Anexo E). Os transcritos induzidos que apresentaram os maiores níveis de expressão foram: subunidade catalítica da celulose sintase (Expressão: ∞) que está relacionada ao processo biossintético da celulose e organização da parede celular; proteínas do fotossistema II (E: ∞), relacionadas à modificação do mRNA, montagem do fotossistema II e processo biossintético da cisteína e fosfossulfato lactato sintase (E: 88,16), que participam da modelagem de proteínas, resposta à alta intensidade de luz, aclimação ao calor e resposta ao peróxido de hidrogênio.

Por outro lado, os transcritos com maiores níveis de repressão na resposta precoce ao estresse hídrico foram: enzimas biossintéticas da tiamina (E: -142,07 e -179,16) que têm papel nos processos de oxirredução, resposta ao frio e resposta aos danos do DNA e proteína de resposta induzida por hipersensibilidade (E: -68,41), que está relacionada à fosforilação de proteínas, regulação do crescimento do meristema e processo biossintético da cisteína.

Vale salientar que neste dia do experimento (3º dia) as plantas estavam saudáveis, sem qualquer dano visível ou sintomas de estresse. Os parâmetros fisiológicos avaliados (taxa de fotossíntese, condutância estomatal, transpiração e concentração de CO₂ intercelular) também não apresentaram alterações significativas entre as plantas irrigadas e não irrigadas. A partir destes resultados, é possível notar que mesmo não apresentando sintomas visíveis ou fisiológicos de estresse, a expressão de genes responsáveis pela defesa já haviam sido ativados pela planta.

O programa MapMan foi empregado para análises global de GOs e dos processos metabólicos nos quais os genes detectados como diferencialmente expressos estão envolvidos. Uma visão geral das funções celulares dos genes detectados como diferencialmente expressos no 3º dia de tratamento pode ser observada na Figura 11.

Figura 11 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas aos processos celulares básicos, gerada pelo software MapMan para os genes diferencialmente expressos no 3º dia de coleta (resposta precoce). Em vermelho genes reprimidos e em azul, genes induzidos, tratamento em relação ao controle irrigado

No estágio inicial do estresse há poucos transcritos diferencialmente expressos e estes estão principalmente relacionados aos processos celulares básicos tais como, síntese de DNA, estresse biótico e abiótico, regulação da transcrição e transporte. Há também transcritos envolvidos na regulação e degradação de proteínas, mas estes estão em menores quantidades. Os transcritos reprimidos estão relacionados principalmente à divisão celular e ciclo celular, processamento do RNA, síntese de proteína, desenvolvimento, regulação, transporte e oxirredução (redox). Os resultados encontrados aqui corroboram com os resultados de transcriptômica mostrados por Lembke e colaboradores (2012).

No 7º dia de estresse foi observada expressão diferencial de 2.390 transcritos, destes 1.197 induzidos e 1.193 reprimidos (Anexo F). Neste período de tratamento, além da expressão diferencial de genes, os parâmetros fisiológicos (fotossíntese, condutância estomatal e transpiração) apresentaram menores valores, indicando que as plantas estavam

realocando seus recursos para ativar respostas de defesa e, assim, diminuindo suas funções metabólicas básicas tais como fotossíntese.

As análises de anotação por ontologia gênica (*gene ontology*) de processos biológicos e funções moleculares dos genes diferencialmente expressos foram realizadas utilizando-se o software Blast2Go (CONESA et al., 2005; <http://www.blast2go.com/b2ghome>). As categorias relacionadas aos processos biológicos com mais representantes dentre os genes anotados foram aquelas relacionadas aos: processos metabólicos (310 induzidos e 292 reprimidos), processos celulares (111 induzidos e 148 reprimidos), localização (94 induzidos e 92 reprimidos), regulação biológica (59 induzidos e 76 reprimidos), resposta a estímulos (43 induzidos e 54 reprimidos) e sinalização (15 induzidos e 35 reprimidos) (Figura 12).

Figura 12 - Categorias de GO (*gene ontology*) de processos biológicos geradas pelo software Blast2Go para os genes diferencialmente expressos no 7º dia de coleta para a análise por RNAseq

As categorias relacionadas as funções moleculares com mais representantes dentre os genes anotados foram aquelas relacionadas à: atividade catalítica (509 induzidos e 495 reprimidos), ligação (469 induzidos e 523 reprimidos), atividade de transportador (94 induzidos e 92 reprimidos), atividade de molécula estrutural (12 induzidos e 70 reprimidos), atividade de carreador de elétrons (35 induzidos e 32 reprimidos) e atividade de fator de transcrição (29 induzidos e 28 reprimidos) (Figura 13).

Figura 13 - Categorias de GO (*gene ontology*) de funções moleculares geradas pelo software Blast2Go para os genes diferencialmente expressos no sétimo dia de coleta para a análise por RNAseq

Do total de 1.197 transcritos induzidos no 7º dia de tratamento, os mais frequentes foram aqueles codificadores de proteínas LEA (*Late Embryogenesis Abundant protein*) que conhecidamente possuem um papel na resposta à seca ou estabelecimento da tolerância. Genes que codificam estas proteínas também foram induzidos em resposta à seca em diferentes culturas (OZTURK et al., 2002; ISKANDAR et al., 2011; DUAN; CAI, 2012). Alanina aminotransferase (que tem função na resposta à hipoxia); aspartato aminotransferase (importantes no processo biossintético do etileno e nas respostas de defesa ao estresse abiótico); inositol (que participa das respostas de defesa as bactérias, fungos e ao calor); asparagine sintetase (que participa de processos metabólicos da asparagina, glutamina e na regulação da transcrição); proteínas de choque térmico (*heat shock proteins*) e proteínas de aclimação ao frio (*cold acclimation proteins*) também estavam frequentes entre os transcritos com altos níveis de indução. Estudos de transcriptômica também identificaram a indução destes transcritos durante o estresse abiótico (OZTURK et al., 2002; GUPTA et al., 2010; DUGAS et al., 2011, ISKANDAR et al., 2011).

Vários fatores de transcrição também foram diferencialmente expressos, destacando-se bZIP, MYB e NAC, corroborando com os resultados encontrados por Jakoby et al. (2002), Gupta et al. (2010), Lembke et al. (2012), Zhang et al. (2012) e Wang et al. (2013), sugerindo um papel destes FTs na tolerância ao estresse hídrico.

Foi observado também a indução de genes regulatórios importantes: codificadores de quinases (*leucine-rich repeat transmembrane protein kinase*, *protein kinase pti1*, *serine*

threonine protein kinase, phosphoenolpyruvate carboxylase kinase, phosphoglycerate kinase, galactose kinase, choline ethanolamine kinase, salt-inducible protein kinase, MAP kinase); transportadores (*abc transporter family member, anion transporter chloroplast-like, vacuolar iron transporter-like protein, potassium transporter, nitrite transporter, polyol transporter, cationic amino acid transporter, tonoplast dicarboxylate transporter, sugar transporter, membrane magnesium transporter*) e genes que codificam proteínas relacionadas à hormônios como por exemplo ABA (*abscisic stress ripening-like protein*), etileno (*ethylene-responsive protein*) e auxina (*auxin response factor-like protein*). Vários estudos apontam esses hormônios na regulação das respostas das plantas ao estresse hídrico (YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2006; ROCHA et al., 2007; CRAMER et al., 2010; GUPTA et al., 2010). Transcritos envolvidos na via de biossíntese do JA (*allene oxide synthase e lipoxygenases*) também foram identificados entre os induzidos durante o déficit hídrico, corroborando com os resultados revelados por Ozturk et al (2002), Dugas et al (2011) e Kido et al (2012).

Enzimas antioxidantes e enzimas que participam de processos metabólicos de compostos antioxidantes (*phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase, catalase, acid phosphatase vanadium-dependent haloperoxidase related, superoxide dismutase, glutathione transferase*) também foram induzidas na resposta tardia ao estresse. Harb et al. (2010) e Miller et al. (2010) mostraram que as enzimas antioxidantes são induzidas sob severo estresse. Vários transcritos relacionados as respostas aos estresses hídrico, oxidativo e osmótico foram induzidos neste estudo, corroborando com resultados mostrados por Kido e colaboradores (2012).

Inibidores de protease (*bowman-birk type wound-induced proteinase inhibitor wip1 precursor, cysteine protease component of protease-inhibitor complex, wound-induced serine protease inhibitor*) e proteases (*serine protease-like protein, atp-dependent clp protease proteolytic subunit, atp-dependent clp protease proteolytic subunit, subtilisin-like protease-like*) foram observados entre os transcritos induzidos de resposta à seca. Alguns destes IPs e proteases também foram indentificados neste trabalho como induzidos nas respostas das plantas à herbivoria, incluindo a serino protease da família S14, SacClp-like1 (CA134369.1), indicando um papel da maioria destes inibidores e proteases na resposta ao estresse biótico e abiótico.

Vários genes codificadores de proteínas bem estabelecidos na literatura com papel nas respostas de defesa das plantas ao estresse hídrico (DUGAS et al., 2010, ISKANDAR et al.,

2011) também foram observados, tais como, deidrinhas, aquaporinas, proteínas de resposta inicial à desidratação.

Simova-stoilova et al. (2010) destacaram que as plantas respondem ao estresse hídrico geralmente pela síntese de ABA, acúmulo de compostos osmoticamente ativos, síntese de proteínas de defesa como IPs, deidrinhas e chaperonas, corroborando com os resultados obtidos nas análises de RNA-Seq.

Com relação aos transcritos reprimidos, os que apresentaram os maiores níveis de repressão no 7º dia de tratamento foram: o inibidor de protease do milho (MPI) (E: -2030,77), que tem papel na resposta ao fermento e proteólise, uma proteína hipotética que não está completamente anotada mas tem papel no desenvolvimento e beta-oxidação de ácidos graxos (E: -1210,25) e uma proteína que contém um motivo de reconhecimento de RNA (E: -1181,15), reponsável pela ligação ao ácido nucleico.

Diversos genes relacionados à fotossíntese tiveram sua expressão reduzida sob seca, como por exemplo, os genes codificadores das proteínas de ligação a clorofila (*chlorophyll a-b binding protein type 1, 2, 3, 4 and 6a, chlorophyll a-b binding protein cp24, chlorophyll a-b-binding apoprotein cp26 precursor*); proteínas dos fotossistemas I e II (*photosystem II 47 kda protein and 10 kda polypeptide, photosystem I reaction center subunit II, III, IVa, V and XI, photosystem II reaction center family protein, photosystem I psah protein*) além de genes codificadores de proteínas relacionados a fixação e transporte de carbono (*carbonic anhydrase; phosphoenolpyruvate carboxylase; NADP-dependent malic enzyme, ribulose-bisfosfato carboxilase oxigenase*). Análises de transcriptômica também identificaram várias transcritos relacionados à fotossíntese reprimidos em resposta ao estresse abiótico (OZTURK et al., 2002; HARB et al., 2010; DUGAS et al., 2011).

O fechamento dos estômatos em resposta ao estresse hídrico resulta na redução da taxa de fotossíntese. Várias condições de seca severa limitam a fotossíntese devido ao declínio da atividade da RuBisCO, juntamente com o declínio da atividade da cadeia transportadora de elétrons e atividades do fotossistema II (KOMATSU; HOSSAIN, 2013), de acordo com os resultados encontrados aqui.

A maioria dos transcritos reprimidos neste trabalho estão relacionados as funções biossintéticas básicas, incluindo fotossíntese e fotorespiração, e metabolismo de aminoácidos e carboidratos. Também foram reprimidos alguns fatores de transcrição e quinases. Ozturk e colaboradores (2002) também identificaram estes transcritos sendo reprimidos durante o estresse hídrico. Estudos com arroz, beterraba, melância, *Populus euramer-icana*, girassol, trigo, soja identificaram numerosas proteínas responsivas à seca, destacando-se

principalmente as envolvidas na regulação de redox, resposta de estresse oxidativo, transdução de sinal, processamento de proteínas, metabolismo secundário e fotossíntese (KOMATSU; HOSSAIN, 2013). Os transcritos destas proteínas também foram diferencialmente expressos neste trabalho.

As análises de GOs e dos processos metabólicos foram realizadas utilizando o software MapMan nos quais os genes detectados como diferencialmente expressos estão envolvidos. Uma visão geral das funções celulares e metabólicas dos genes detectados como diferencialmente expressos no 7º dia de tratamento pode ser observado nas figuras 14 e 15, respectivamente.

A figura 16 mostra os genes diferencialmente expressos relacionados apenas aos processos fotossintéticos. A maioria dos genes está reprimida neste processo metabólico, especialmente nas reações de luz.

Figura 14 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas aos processos celulares básicos, gerada pelo software MapMan para os genes diferencialmente expressos no 7º dia de coleta (resposta tardia). Em vermelho genes reprimidos; em azul, genes induzidos, tratamento em relação ao controle irrigado

Figura 15 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas ao metabolismo, gerada pelo software MapMan para os genes diferencialmente expressos no 7º dia de coleta (resposta tardia). Em vermelho genes reprimidos; em azul, genes induzidos, tratamento em relação ao controle irrigado

Figura 16 - Visão geral do perfil de expressão dos genes de diversas categorias de GO (*gene ontology*) associadas aos processos metabólicos relacionados à fotossíntese, gerada pelo software MapMan para os genes diferencialmente expressos no 7º dia de coleta. Em vermelho genes reprimidos; em azul, genes induzidos, tratamento em relação ao controle irrigado

Os resultados acima abrem oportunidades de novos estudos para análise de proteômica e metabolômica de vias metabólicas específicas que participam na ativação de respostas de defesa das plantas ao estresse hídrico.

4.2.3 Validação do RNA-Seq por PCR em tempo real

Para verificar a eficácia dos resultados obtidos pelo RNA-Seq, os transcritos pertencentes às categorias relacionadas aos processos biológicos com mais representantes identificados no 7º dia de estresse foram selecionados para validação por PCR quantitativo em tempo real.

Os genes de cana-de-açúcar homólogos aos genes: Sb01g044290 (*inositol-3-phosphate synthase*), Sb02g011210 (*undecaprenyl pyrophosphate synthetase*), Sb03g039820

(*delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase*), Sb03g043420 (sem anotação), Sb04g000620 (*soluble acid invertase*), Sb04g021410 (*serine protease*), Sb04g027590 (*annexin p35*), Sb04g032250 (*dehydrin*), Sb04g032430 (*aquaporin*), Sb04g034190 (*bzip transcription factor abi5*), Sb05g017940 (*hva22e*) e Sb09g026860 (*protein phosphatase 2c*) de sorgo foram escolhidos para validação.

Nas figuras 17 e 18 estão representados os genes validados que foram induzidos pela privação de água. A partir dos resultados obtidos pelo PCR em tempo real, foi possível confirmar o sucesso do RNA-Seq. Todos os genes analisados pelo qPCR apresentaram mesmo padrão de expressão que foi observado nos resultados de RNA-Seq.

Figura 17 - Quantificação da expressão gênica por qPCR em tempo real (lado esquerdo) e RNA-Seq (lado direito) em plantas jovens de cana de açúcar (folha +1). (a) Sb01g044290; (b) Sb02g011210; (c) Sb03g039820; (d) Sb03g043420; (e) Sb04g000620; (f) Sb04g021410. Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao grupo irrigado. Verde: grupo irrigado; roxo: grupo não irrigado (qPCR); azul: grupo irrigado, rosa: grupo não irrigado (RNA-Seq); T0 = tempo 0; T3 = 3º dia e T7 = 7º dia

Figura 18 - Quantificação da expressão gênica por qPCR em tempo real (lado esquerdo) e RNA-Seq (lado direito) em plantas jovens de cana de açúcar (folha +1). (a) Sb04g027590; (b) Sb04g032250; (c) Sb04g032430; (d) Sb04g034190; (e) Sb05g017540; (f) Sb09g026860. Os asteriscos representam as diferenças significativas ($p < 0,05$) em relação ao grupo irrigado. Verde: grupo irrigado; roxo: grupo não irrigado (qPCR); azul: grupo irrigado, rosa: grupo não irrigado (RNA-Seq); T0 = tempo 0; T3 = 3º dia e T7 = 7º dia

5 CONCLUSÕES

- Análises do macroarranjo revelaram sequências homólogas à inibidores de serina protease e serina proteases diferencialmente expressas em resposta à herbivoria em cana-de-açúcar. Embora a função dos inibidores de protease na defesa está bem estabelecida, o envolvimento de proteases de planta na resposta à herbivoria ainda precisa ser elucidado. Neste trabalho mostramos que proteases da família S14 foram induzidas em resposta ao ataque da lagarta e ao ferimento mecânico em cana-de-açúcar, arroz e *Arabidopsis thaliana*, sugerindo um papel conservado de proteases da família S14 nas respostas de defesa em diferentes espécies de plantas. Assim, podemos propor novos genes alvos para utilização em estratégias biotecnológicas para melhorar a resistência da cana-de-açúcar à insetos;

- O estudo dos parâmetros fisiológicos e perfis transcricionais de genes responsivos ao estresse hídrico em cana-de-açúcar indicaram que a interrupção da irrigação resultou em efeitos fisiológicos mensuráveis e os dados do RNA-Seq revelaram atividade transcricional de 24.142 transcritos. Análises de expressão gênica em resposta à seca revelaram 68 (resposta precoce) e 2.390 (resposta tardia) transcritos diferencialmente expressos no 3º e 7º dia de tratamento, respectivamente. Reduções na taxa de fotossíntese, condutância estomática e transpiração foliar ocorreram antes que fossem observadas alterações físicas visíveis, mas estas foram precedidas por mudanças significativas na expressão de genes com papel na fotossíntese. RNA-Seq identificou novos transcritos com papéis na defesa precoce e tardia à seca que poderão ser utilizados em programas biotecnológicos para obter variedades de cana-de-açúcar com maior resistência ou tolerância ao estresse hídrico, podendo facilitar a implementação desta cultura em áreas com escassez de água.

REFERÊNCIAS

- ALEXANDROV, N.N.; BROVER, V.V.; FREIDIN, S.; TROUKHAN, M.E.; TATARINOVA, T.V.; ZHANG, H.Y.; SWALLER, T.J.; LU, Y.P.; BOUCK, J.; FLAVELL, R.B.; FELDMANN, K.A. Insights into corn genes derived from large-scale cDNA sequencing. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 69, n. 1/2, p. 179-194, 2009
- ALTSCHUL, S.F.; GISH, W.; MILLER, W.; MYERS, E.W.; LIPMAN, D.J. Basic local alignment search tool. **Journal of Molecular Biology**, London, v. 215, n. 3, p. 403-410, 1990.
- ALVES, M.S.; DADALTO, S.P.; GONÇALVES, A.B.; SOUZA, G.B. de; BARROS, V.A.; FIETTO, L.G. Plant bZIP transcription factors responsive to pathogens: a review. **International Journal of Molecular Sciences**, Basel, v. 14, n. 4, p. 7815-7828, 2013.
- ARVINTH, S.; ARUN, S.; SELVAKESAVAN, R.K.; SRIKANTH, J.; MUKUNTHAN, N.; ANANDA KUMAR, P.; PREMACHANDRAN, M.N.; SUBRAMONIAN, N. Genetic transformation and pyramiding of aprotinin-expressing sugarcane with cry1Ab for shoot borer (*Chilo infuscatellus*) resistance. **Plant Cell Reports**, Berlin, v. 29, n. 4, p. 383-395, 2010.
- BAENA-GONZÁLEZ, E. Energy signaling in the regulation of gene expression during stress. **Molecular Plant**, Oxford, v. 3, n. 2, p. 300-313, 2010.
- BARRS, H.D.; WEATHERLEY, P.E. A re-examination of relative turgidity technique for estimating water deficits in leaves. **Australian Journal of Biological Sciences**, Melbourne, v. 15, n. 3, p. 413-428, 1962.
- BEGCY, K.; MARIANO, E.D.; GENTILE, A.; LEMBKE, C.G.; ZINGARETTI, S.M.; SOUZA, G.M.; MENOSSI, M.A novel stress-induced sugarcane gene confers tolerance to drought, salt and oxidative stress in transgenic tobacco plants. **PLoS One**, San Francisco, v. 7, p. e44697, 2012.
- BIDART-BOUZAT, M.G.; IMEH-NATHANIEL, A. Global change effects on plant chemical defenses against insect herbivores. **Journal of Integrative Plant Biology**, Carlton South, v. 50, n. 11, p. 1339-1354, 2008.
- BIRK, Y.; GERTLER, A.; KHALEF, S. A pure trypsin inhibitor from soya beans. **The Biochemical Journal**, London, v. 87, p. 281-284, 1963.
- BODE, R.F.; HALITSCHKE, R.; KESSLER, A. Herbivore damage-induced production and specific anti-digestive function of serine and cysteine protease inhibitors in tall goldenrod, *Solidago altissima* L. (Asteraceae). **Planta**, Berlin, v. 237, n. 5, p. 1287-1296, 2013.
- BOWMAN, D.E. Differentiation of soy bean antitryptic factors. **Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine**, New York, v. 63, n. 3, p. 547-550, 1946.
- BUSTIN, S.A. Absolute quantification of mRNA using real-time reverse transcription polymerase chain reaction assays. **Journal of Molecular Endocrinology**, Bristol, v. 25, n. 2, p. 169-193, 2000.

- CHAVES, M.; DAVIES, B. Drought effects and water use efficiency: improving crop production in dry environments Foreword. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v. 37, n. 2, p. III-VI, 2010.
- CONESA, A.; GÖTZ, S.; GARCÍA-GÓMEZ, J.M.; TEROL, J.; TALÓN, M.; ROBLES, M. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, Edam, v. 21, n. 18, p. 3674-3676, 2005.
- CRAMER, G.R.; URANO, K.; DELROT, S.; PEZZOTTI, M.; SHINOZAKI K. Effects of abiotic stress on plants: a systems biology perspective. **BMC Plant Biology**, London, v. 11, p. 163, 2011.
- CUTLER, S.R.; RODRIGUEZ, P.L.; FINKELSTEIN, R.R.; ABRAMS, S.R. Absciscic acid: emergence of a core signaling network. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 61, p. 651-679, 2010.
- CZECHOWSKI, T.; STITT, M.; ALTMANN, T.; UDVARDI, M.K.; SCHEIBLE, W.R. Genome-wide identification and testing of superior reference genes for transcript normalization in Arabidopsis. **Plant Physiology**, Rockville, v. 139, n. 1, p. 5-17, 2005.
- DEYHOLOS, M.K. Making the most of drought and salinity transcriptomics. **Plant Cell Environment**, Oxford, v. 33, n. 4, p. 648-654, 2010.
- DICKE, M. Induced responses to herbivory by R. Karban and I.T. Baldwin. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 13, n. 2, p. 83, 1998.
- DICKE, M.; BALDWIN, I.T. The evolutionary context for herbivore-induced plant volatiles: beyond the 'cry for help'. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 15, n. 3, p. 167-175, 2010.
- DOUBNEROVÁ, V.; RYŠLAVÁ, H. What can enzymes of C₄ photosynthesis do for C₃ plants under stress? **Plant Science**, Shannon, v. 180, n. 4, p. 575-583, 2011.
- DUAN, J.L.; CAI, W.M. OsLEA3-2, an abiotic stress induced gene of rice plays a key role in salt and drought tolerance. **PLoS One**, San Francisco, v. 7, n. 9, p. e45117, 2012
- DUGAS, D.V.; MONACO, M.K.; OLSEN, A.; KLEIN, R.R.; KUMARI, S.; WARE, D.; KLEIN, P.E. Functional annotation of the transcriptome of *Sorghum bicolor* in response to osmotic stress and abscisic acid. **BMC Genomics**, London, v. 12, p. 21, 2011.
- DUNSE, K.M.; STEVENS, J.A.; LAY, F.T.; GASPAR, Y.M.; HEATH, R.L.; ANDERSON, M.A. Coexpression of potato type I and II proteinase inhibitors gives cotton plants protection against insect damage in the field. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 107, n. 34, p. 15011-15015, 2010.
- EKBLOM, R.; GALINDO, J. Applications of next generation sequencing in molecular ecology of non-model organisms. **Heredity**, London, v. 107, n. 1, p. 1-15, 2011.
- FALCO, M.C.; SILVA-FILHO, M.C. Expression of soybean proteinase inhibitors in transgenic sugarcane plants: effects on natural defense against *Diatraea saccharalis*. **Plant Physiology and Biochemistry**, Amsterdam, v. 41, n. 8, p. 761-766, 2003.

FALCO, M.C.; MARBACH, P.A.S.; POMPERMAYER, P.; LOPES, F.C.C.; SILVA-FILHO, M.C. Mechanisms of sugarcane response to herbivory. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 24, n. 1/4, p. 113-122, 2001.

FAN, S.; WU, G. Characteristics of plant proteinase inhibitors and their applications in combating phytophagous insects. **Botanical Bulletin of Academia Sinica**, Taipei, v. 46, n. 4, p. 273-292, 2005.

FELSENSTEIN, J. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. **Journal of Molecular Evolution**, Berlin, v. 17, p. 368-376, 1981.

FELTON, G.W.; TUMLINSON, J.H. Plant-insect dialogs: complex interactions at the plant-insect interface. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 11, n. 4, p. 457-463, 2008.

FENG, Q.; ZHANG, Y.; HAO, P.; WANG, S.; FU, G.; HUANG, Y.; LI, Y.; ZHU, J.; LIU, Y.; HU, X.; JIA, P.; ZHANG, Y.; ZHAO, Q.; YING, K.; YU, S.; TANG, Y.; WENG, Q.; ZHANG, L.; LU, Y.; MU, J.; LU, Y.; ZHANG, L.S.; YU, Z.; FAN, D.; LIU, X.; LU, T.; LI, C.; WU, Y.; SUN, T.; LEI, H.; LI, T.; HU, H.; GUAN, J.; WU, M.; ZHANG, R.; ZHOU, B.; CHEN, Z.; CHEN, L.; JIN, Z.; WANG, R.; YIN, H.; CAI, Z.; REN, S.; LV, G.; GU, W.; ZHU, G.; TU, Y.; JIA, J.; ZHANG, Y.; CHEN, J.; KANG, H.; CHEN, X.; SHAO, C.; SUN, Y.; HU, Q.; ZHANG, X.; ZHANG, W.; WANG, L.; DING, C.; SHENG, H.; GU, J.; CHEN, S.; NI, L.; ZHU, F.; CHEN, W.; LAN, L.; LAI, Y.; CHENG, Z.; GU, M.; JIANG, J.; LI, J.; HONG, G.; XUE, Y.; HAN, B. Sequence and analysis of rice chromosome 4. **Nature**, London, v. 420 n. 6913, p. 316-320, 2002.

FERREIRA, T.H.; GENTILE, A.; VILELA, R.D.; COSTA, G.G.; DIAS, L.I.; ENDRES, L.; MENOSSI, M. microRNAs associated with drought response in the bioenergy crop sugarcane (*Saccharum spp.*). **PLoS One**, San Francisco, v. 7, n. 10, p. e46703, 2012.

FNPCONSULTORIA & COMÉRCIO. **AGRIANUAL ano 2013**: anuário da agricultura brasileira. Disponível em: <<http://www.agrianual.com.br/>>. Acesso em: 16 abr. 2013.

FU, X.; FU, N.; GUO, S.; YAN, Z.; XU, Y.; HU, H.; MENZEL, C.; CHEN, W.; LI, Y.; ZENG, R.; KHAITOVICH, P. Estimating accuracy of RNA-Seq and microarrays with proteomics. **BMC Genomics**, London, v. 10, p. 161, 2009.

GÁLIS, I.; GAQUEREL, E.; PANDEY, S.P.; BALDWIN, I.T. Molecular mechanisms underlying plant memory in JA-mediated defence responses. **Plant Cell Environment**, Oxford, v. 32, n. 6, p. 617-627, 2009.

GALLO, D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R.P.L.; BAPTISTA, G.C.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J.R.P.; ZUCCHI, R.A.; ALVES, S.B.; VENDRAMIM, J.D.; MARCHINI, L.C.; LOPES, J.R.S.; OMOTO, C. **Entomologia agrícola**. 3. ed. Piracicaba: FEALQ, 2002. 680 p.

GATEHOUSE, J.A. Prospects for using proteinase inhibitors to protect transgenic plants against attack by herbivorous insects. **Current Protein & Peptide Science**, Hilversum, v. 12, n. 5, p. 409-416, 2011.

GENTILE, A.; FERREIRA, T.H.; MATTOS, R.S.; DIAS, L.I.; HOSHINO, A.A.; CARNEIRO, M.S.; SOUZA, G.M.; CALSA, T.; NOGUEIRA, R.M.; ENDRES, L.; MENOSSI, M. Effects of drought on the microtranscriptome of field-grown sugarcane plants. **Planta**, Berlin, v. 237, n. 3, p. 783-798, 2013.

GIMENEZ-IBANEZ, S.; SOLANO, R. Nuclear jasmonate and salicylate signaling and crosstalk in defense against pathogens. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne v. 4, p. 72, 2013.

GREEN, T.R.; RYAN, C.A. Wound-induced proteinase inhibitor in plant leaves: a possible defense mechanism against insects. **Science**, Washington, v. 175, n. 4023, p. 776-777, 1972.

GRIVET, L.; ARRUDA, P. Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an important tropical crop. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 5, n. 2, p. 122-127, 2002.

GUINDON, S.; GASCUEL, O. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. **Systematic biology**, Washington, v. 52, p. 696-704, 2006.

GUPTA, V.; RAGHUVANSHI, S.; GUPTA, A.; SAINI, N.; GAUR, A.; KHAN, M.S.; GUPTA, R.S.; SINGH, J.; DUTTAMAJUMDER, S.K.; SRIVASTAVA, S.; SUMAN, A.; KHURANA, J.P.; KAPUR, R.; TYAGI, A.K. The water-deficit stress- and red-rot-related genes in sugarcane. **Functional & Integrative Genomics**, Berlin, v. 10, n. 2, p. 207-214, 2010.

HARB, A.; KRISHNAN, A.; AMBAVARAM, M.M.; PEREIRA, A. Molecular and physiological analysis of drought stress in Arabidopsis reveals early responses leading to acclimation in plant growth. **Plant Physiology**, Rockville, v. 154, n. 3, p. 1254-1271, 2010.

HARTL, M.; GIRI, A.P.; KAUR, H.; BALDWIN, I.T. The multiple functions of plant serine protease inhibitors: defense against herbivores and beyond. **Plant Signaling & Behavior**, Georgetown, v. 6, n. 7, p. 1009-1011, 2011.

HEIL, M.; KOST, C. Priming of indirect defences. **Ecology Letters**, London, v. 9, n. 7, p. 813-817, 2006.

HOWE, G.A.; JANDER, G. Plant immunity to insect herbivores. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 59, p. 41-66, 2008.

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

ISKANDAR, H.M.; CASU, R.E.; FLETCHER, A.T.; SCHMIDT, S.; XU, J.; MACLEAN, D.J.; MANNERS, J.M.; BONNETT, G.D. Identification of drought-response genes and a study of their expression during sucrose accumulation and water deficit in sugarcane culms. **BMC Plant Biology**, London, v. 11, p. 12, 2011.

JAIN, M.; NIJHAWAN, A.; TYAGI, A.K.; KHURANA, J.P. Validation of housekeeping genes as internal control for studying gene expression in rice by quantitative real-time PCR. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, New York, v. 345, n. 2, p. 646-51, 2006.

JAKOBY, M.; WEISSHAAR, B.; DRÖGE-LASER, W.; VICENTE-CARBAJOSA, J.; TIEDEMANN, J.; KROJ, T.; PARCY, F.; GROUP, B.R. bZIP transcription factors in Arabidopsis. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 7, n. 3, p. 106-111, 2002.

JIA, J.; ZHAO, S.; KONG, X.; LI, Y.; ZHAO, G.; HE, W.; APPELS, R.; PFEIFER, M.; TAO, Y.; ZHANG, X.; JING, R.; ZHANG, C.; MA, Y.; GAO, L.; GAO, C.; SPANNAGL, M.; MAYER, K. F. X.; LI, D.; PAN, S.; ZHENG, F.; HU, Q.; XIA, X.; LI, J.; LIANG, Q.; CHEN, J.; WICKER, T.; GOU, C.; KUANG, H.; HE, G.; LUO, Y.; KELLER, B.; XIA, Q.; LU, P.; WANG, J.; ZOU, H.; ZHANG, R.; GAO, J.; MIDDLETON, C.; QUAN, Z.; LIU, G.; WANG, J.; YANG, H.; LIU, X.; HE, Z.; MAO, L.; WANG, J. The Aegilops tauschii draft genome sequence reveals gene repertoire for wheat adaptation. **Nature**, London, v. 486, n. 7443, p. 91-95, 2013.

JONGSMA, M.A.; BEEKWILDER, J. Co-evolution of insect proteases and plant protease inhibitors. **Current Protein & Peptide Science**, Hilversum, v. 12, n. 5, p. 437-447, 2011.

JORNALCANA. Disponível em: <<http://www.jornalcana.com.br/>>. Acesso em: 16 abr. 2013.

KANT, M.R.; SABELIS, M.W.; HARING, M.A.; SCHUURINK, R.C. Intraspecific variation in a generalist herbivore accounts for differential induction and impact of host plant defences. **Proceedings. Biological Sciences**, London, v. 275, n. 1633, p. 443-452, 2008.

KIDO E. A.; JOSÉ, R. C.; NETO, J. R. C. F.; SILVA, R. L. O.; PANDOLFI, V.; GUIMARÃES, A. C. R.; VEIGA, D. T.; CHABREGAS, S. M.; CROVELLA, S.; BENKO-ISEPPON, A. M. **New Insights in the Sugarcane Transcriptome Responding to Drought Stress as Revealed by Supersage**. The ScientificWorld Journal, Boynton Beach, v. 2012, p. 821-835, 2012

KILIAN, J.; PESCHKE, F.; BERENDZEN, K.W.; HARTER, K.; WANKE, D. Prerequisites, performance and profits of transcriptional profiling the abiotic stress response. **Biochimica et Biophysica Acta**, Amsterdam, v. 1819, n. 2, p. 166-175, 2012.

KING, E.G.; HARTLEY, G G. *Diatraea saccharalis*. In: SINGH, P.; MOORE, R.F. (Ed.). **Handbook of insect rearing**. New York: Elsevier, 1985. p. 265-270.

KOMATSU, S.; HOSSAIN, Z. Organ-specific proteome analysis for identification of abiotic stress response mechanism in crop. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 4, p. 71, 2013.

KRISHNAN, A.; PEREIRA, A. Integrative approaches for mining transcriptional regulatory programs in Arabidopsis. **Briefings in Functional Genomics & Proteomics**, Oxford, v. 7, n. 4, p. 264-274, 2008.

KUNITZ, M. Crystalline soybean trypsin inhibitor. **The Journal of General Physiology**, New York, v. 29, n. 3, p. 149-154, 1946.

- LALUK, K.; MENGISTE, T. The Arabidopsis extracellular unusual serine protease inhibitor functions in resistance to necrotrophic fungi and insect herbivory. **Plant Journal**, Oxford, v. 68, n. 3, p. 480-494, 2011.
- LEMBKE, C. G.; NISHIYAMA JR, M. Y.; SATO, P. M.; ANDRADE, R. F.; SOUZA, G. M. Identification of sense and antisense transcripts regulated by drought in sugarcane. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 79, p. 461-477, 2012.
- LEON, J.; ROJO, E.; SANCHEZ-SERRANO, J.J. Wound signalling in plants. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 52, n. 354, p. 1-9, 2001.
- LOPES, M. S.; ARAUS, J. L.; VAN HEERDEN, P. D. R.; FOYER, C. H. Enhancing drought tolerance in C4 crops. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 62, n. 9, p. 3135-3153, 2011.
- LOPEZ, L.; CAMAS, A.; SHIVAJI, R.; ANKALA, A.; WILLIAMS, P.; LUTHE, D. Mir1-CP, a novel defense cysteine protease accumulates in maize vascular tissues in response to herbivory. **Planta**, Berlin, v. 226, n. 2, p. 517-27, 2007.
- LU, T.; LU, G.; FAN, D.; ZHU, C.; LI, W.; ZHAO, Q.; FENG, Q.; ZHAO, Y.; GUO, Y.; HUANG, X.; HAN, B. Function annotation of the rice transcriptome at single-nucleotide resolution by RNA-seq. **Genome Research**, New York, v. 20, n. 9, p. 1238-1249, 2010.
- LYONS, R.; MANNERS, J.M.; KAZAN, K. Jasmonate biosynthesis and signaling in monocots: a comparative overview. **Plant Cell Reports**, Berlin, v. 32, n. 6, p. 815-827, 2013.
- MAFFEI, M.E.; MITHÖFER, A.; BOLAND, W. Before gene expression: early events in plant-insect interaction. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 12, n. 7, p. 310-316, 2007a.
- _____. Insects feeding on plants: rapid signals and responses preceding the induction of phytochemical release. **Phytochemistry**, London, v. 68, n. 22/24, p. 2946-2959, 2007b.
- MARTIN, J.A.; WANG, Z. Next-generation transcriptome assembly. **Nature Reviews. Genetics**, London, v. 12, n. 10, p. 671-682, 2011.
- MATTIACCI, L.; DICKE, M.; POSTHUMUS, M.A. Beta-glucosidase: an elicitor of herbivore-induced plant odor that attracts host-searching parasitic wasps. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 92, n. 6, p. 2036-2040, 1995.
- MELLO, M.O.; TANAKA, A.S.; SILVA-FILHO, M.C. Molecular evolution of Bowman-Birk type proteinase inhibitors in flowering plants. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, San Diego, v. 27, n. 1, p. 103-112, 2003.
- MILLER, G.; SUZUKI, N.; CIFTCI-YILMAZ, S.; MITTLER, R. Reactive oxygen species homeostasis and signalling during drought and salinity stresses. **Plant Cell Environment**, Oxford, v. 33, p. 453-467, 2010.
- MITHOFER, A.; BOLAND, W. Recognition of herbivory-associated molecular patterns. **Plant Physiology**, Rockville, v. 146, n. 3, p. 825-831, 2008.

MITHÖFER, A.; SCHULZE, B.; BOLAND, W. Biotic and heavy metal stress response in plants: evidence for common signals. **FEBS Letters**, Amsterdam, v. 566, n. 1/3, p. 1-5, 2004.

MOELLER, D.A.; TIFFIN, P. Geographic variation in adaptation at the molecular level: a case study of plant immunity genes. **Evolution**, Henderson, v. 62, n. 12, p. 3069-3081, 2008

MOURA, D.S.; RYAN, C.A. Wound-inducible proteinase inhibitors in pepper. Differential regulation upon wounding, systemin, and methyl jasmonate. **Plant Physiology**, Rockville, v. 126, p. 289-298, 2001.

MOURA, D.S.; BERGEY, D.R.; RYAN, C.A. Characterization and localization of a wound-inducible type I serine-carboxypeptidase from leaves of tomato plants (*Lycopersicon esculentum* Mill.). **Planta**, Berlin, v. 212, n. 2, p. 222-230, 2001.

NOGUEIRA, F.T.S.; DE ROSA, V.E.; MENOSSE, M.; ULIAN, E.C.; ARRUDA, P. RNA expression profiles and data mining of sugarcane response to low temperature. **Plant Physiology**, Rockville, v. 132, n. 4, p. 1811-1824, 2003.

NOURI, M.Z.; KOMATSU, S. Subcellular protein overexpression to develop abiotic stress tolerant plants. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 4, p. 2, 2013.

OZTURK, Z.N.; TALAME, V.; DEYHOLOS, M.; MICHALOWSKI, C.B.; GALBRAITH, D.W.; GOZUKIRMIZI, N.; TUBEROSA, R.; BOHNERT, H.J. Monitoring large-scale changes in transcript abundance in drought- and salt-stressed barley. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 48, n. 5/6, p. 551-573, 2002.

PATERSON, A.H.; BOWERS, J.E.; BRUGGMANN, R.; DUBCHAK, I.; GRIMWOOD, J.; GUNDLACH, H.; HABERER, G.; HELLSTEN, U.; MITROS, T.; POLIAKOV, A.; SCHMUTZ, J.; SPANNAGL, M.; TANG, H.B.; WANG, X.Y.; WICKER, T.; BHARTI, A.K.; CHAPMAN, J.; FELTUS, F.A.; GOWIK, U.; GRIGORIEV, I.V.; LYONS, E.; MAHER, C.A.; MARTIS, M.; NARECHANIA, A.; OTILLAR, R.P.; PENNING, B.W.; SALAMOV, A.A.; WANG, Y.; ZHANG, L.F.; CARPITA, N.C.; FREELING, M.; GINGLE, A.R.; HASH, C.T.; KELLER, B.; KLEIN, P.; KRESOVICH, S.; MCCANN, M.C.; MING, R.; PETERSON, D.G.; MEHBOOB UR, R.; WARE, D.; WESTHOFF, P.; MAYER, K.F.X.; MESSING, J.; ROKHSAR, D.S. The *Sorghum bicolor* genome and the diversification of grasses. **Nature**, London, v. 457, n. 7229, p. 551-556, 2009.

PAUTOT, V.; HOLZER, F.M.; CHAUF AUX, J.; WALLING, L.L. The induction of tomato leucine aminopeptidase genes (LapA) after *Pseudomonas syringae* pv. tomato infection is primarily a wound response triggered by coronatine. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, St. Paul, v. 14, n. 2, p. 214-224, 2001.

PECHAN, T.; COHEN, A.; WILLIAMS, W.P.; LUTHE, D.S. Insect feeding mobilizes a unique plant defense protease that disrupts the peritrophic matrix of caterpillars. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 99, n. 20, p. 13319-13323, 2002.

PECHAN, T.; YE, L.; CHANG, Y.; MITRA, A.; LIN, L.; DAVIS, F.M.; WILLIAMS, W.P.; LUTHE, D.S. A unique 33-kD cysteine proteinase accumulates in response to larval feeding in maize genotypes resistant to fall armyworm and other Lepidoptera. **The Plant Cell**, Rockville, v. 12, n. 7, p. 1031-1040, July 2000

PÉREZ-PÉREZ, J. G.; SYVERTSEN, J. P.; BOTÍA, P.; GARCÍA-SÁNCHEZ, F. Leaf Water Relations and Net Gas Exchange Responses of Salinized Carrizo Citrange Seedlings during Drought Stress and Recovery. **Annals of Botany**, Oxford, v. 100, p. 335–345, 2007.

PFAFFL, M.W. A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 29, n. 9, p. e45, 2001.

POSADA, D. Selection of models of DNA evolution with jModelTest. **Methods in Molecular Biology**, New York, v. 537, p. 93-112, 2009.

RANNALA, B.; YANG, Z. Probability distribution of molecular evolutionary trees: A new method of phylogenetic inference. **Journal of Molecular Evolution**, Berlin, v. 43, p. 304-311, 1996

ROCHA, F.R.; PAPINI-TERZI, F.S.; NISHIYAMA-JUNIOR, M.Y.; VENCIO, R.Z.N.; VICENTINI, R.; DUARTE, R.; VINAGRE, F.; MEDEIROS, A.; DI MAURO, S.M.Z.; ULIAN, E.C.; DE ROSA JUNIOR, V.E.; HEMERLY, A.S.; FIGUEIRA, A.; SILVA-FILHO, M.C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G.M. Signal transduction-related responses to phytohormones and environmental challenges in sugarcane. **BMC Genomics**, London, v. 13, n. 8, p. 71-93, 2007.

RODRIGUES, F.; DE LAIA, M.; ZINGARETTI, S. Analysis of gene expression profiles under water stress in tolerant and sensitive sugarcane plants. **Plant Science**, Shannon, v. 176, n. 2, p. 286-302, 2009.

SCHMELZ, E.A.; CARROLL, M.J.; LECLERE, S.; PHIPPS, S.M.; MEREDITH, J.; CHOUREY, P.S.; ALBORN, H.T.; TEAL, P.E.A. Fragments of ATP synthase mediate plant perception of insect attack. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 103, n. 23, p. 8894-8899, 2006.

SCHNABLE, P.S.; WARE, D.; FULTON, R.S.; STEIN, J.C.; WEI, F.S.; PASTERNAK, S.; LIANG, C.Z.; ZHANG, J.W.; FULTON, L.; GRAVES, T.A.; MINX, P.; REILY, A.D.; COURTNEY, L.; KRUCHOWSKI, S.S.; TOMLINSON, C.; STRONG, C.; DELEHAUNTY, K.; FRONICK, C.; COURTNEY, B.; ROCK, S.M.; BELTER, E.; DU, F.Y.; KIM, K.; ABBOTT, R.M.; COTTON, M.; LEVY, A.; MARCHETTO, P.; OCHOA, K.; JACKSON, S.M.; GILLAM, B.; CHEN, W.Z.; YAN, L.; HIGGINBOTHAM, J.; CARDENAS, M.; WALIGORSKI, J.; APPLEBAUM, E.; PHELPS, L.; FALCONE, J.; KANCHI, K.; THANE, T.; SCIMONE, A.; THANE, N.; HENKE, J.; WANG, T.; RUPPERT, J.; SHAH, N.; ROTTER, K.; HODGES, J.; INGENTHORN, E.; CORDES, M.; KOHLBERG, S.; SGRO, J.; DELGADO, B.; MEAD, K.; CHINWALLA, A.; LEONARD, S.; CROUSE, K.; COLLURA, K.; KUDRNA, D.; CURRIE, J.; HE, R.F.; ANGELOVA, A.; RAJASEKAR, S.; MUELLER, T.; LOMELI, R.; SCARA, G.; KO, A.; DELANEY, K.; WISSOTSKI, M.; LOPEZ, G.; CAMPOS, D.; BRAIDOTTI, M.; ASHLEY, E.; GOLSER, W.; KIM, H.; LEE, S.; LIN, J. K.; DUJMIC, Z.; KIM, W.; TALAG, J.; ZUCCOLO, A.; FAN, C.; SEBASTIAN, A.; KRAMER, M.; SPIEGEL, L.; NASCIMENTO, L.; ZUTAVERN, T.; MILLER, B.; AMBROISE, C.; MULLER, S.; SPOONER, W.; NARECHANIA, A.; REN, L.Y.; WEI, S.; KUMARI, S.; FAGA, B.; LEVY, M.J.; MCMAHAN, L.; VAN BUREN, P.; VAUGHN, M.W.; YING, K.; YEH, C.T.; EMRICH, S.J.; JIA, Y.; KALYANARAMAN, A.; HSIA, A.P.; BARBAZUK, W.B.; BAUCOM, R.S.; BRUTNELL, T.P.; CARPITA, N.C.; CHAPARRO, C.; CHIA, J.M.; DERAGON, J.M.; ESTILL, J.C.; FU, Y.; JEDDELOH, J.A.; HAN, Y.J.; LEE, H.; LI, P.H.; LISCH, D.R.; LIU, S.Z.; LIU, Z.J.; NAGEL, D.H.; MCCANN, M.C.; SANMIGUEL, P.; MYERS, A.M.; NETTLETON, D.; NGUYEN, J.; PENNING, B.W.; PONNALA, L.; SCHNEIDER, K.L.; SCHWARTZ, D.C.; SHARMA, A.; SODERLUND, C.; SPRINGER, N.M.; SUN, Q.; WANG, H.; WATERMAN, M.; WESTERMAN, R.; WOLFGRUBER, T.K.; YANG, L.X.; YU, Y.; ZHANG, L.F.; ZHOU, S.G.; ZHU, Q.; BENNETZEN, J.L.; DAWE, R.K.; JIANG, J.M.; JIANG, N.; PRESTING, G.G.; WESSLER, S.R.; ALURU, S.; MARTIENSSEN, R.A.; CLIFTON, S.W.; MCCOMBIE, W.R.; WING, R.A.; WILSON, R.K. The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. **Science**, Washington, v. 326, n. 5956, p. 1112-1115, 2009.

SHEN, G.A.; PANG, Y.Z.; LIN, C.F.; WEI, C.; QIAN, X.Y.; JIANG, L.Z.; DU, X.L.; LI, K.G.; ATTIA, K.; YANG, J.S. Cloning and characterization of a novel Hsp100/Clp gene (osClpD) from *Oryza sativa*. **DNA Sequence**, London, v. 14, n. 4, p. 285-293, 2003.

SIMOVA-STOILOVA, L.; VASEVA, I.; GRIGOROVA, B.; DEMIREVSKA, K.; FELLER, U. Proteolytic activity and cysteine protease expression in wheat leaves under severe soil drought and recovery. **Plant Physiology and Biochemistry**, Amsterdam, v. 48, n. 2/3, p. 200-206, 2010.

STRICKLER, S.R.; BOMBARELY, A.; MUELLER, L.A. Designing a transcriptome next-generation sequencing project for a nonmodel plant species. **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 99, n. 2, p. 257-266, 2012.

TANAKA, T.; ANTONIO, B.A.; KIKUCHI, S.; MATSUMOTO, T.; NAGAMURA, Y.; NUMA, H.; SAKAI, H.; WU, J.; ITOH, T.; SASAKI, T.; AONO, R.; FUJII, Y.; HABARA, T.; HARADA, E.; KANNO, M.; KAWAHARA, Y.; KAWASHIMA, H.; KUBOOKA, H.; MATSUYA, A.; NAKAOKA, H.; SAICHI, N.; SANBONMATSU, R.; SATO, Y.; SHINSO, Y.; SUZUKI, M.; TAKEDA, J.I.; TANINO, M.; TODOKORO, F.; YAMAGUCHI, K.; YAMAMOTO, N.; YAMASAKI, C.; IMANISHI, T.; OKIDO, T.; TADA, M.; IKEO, K.; TATENO, Y.; GOJOBORI, T.; LIN, Y.C.; WEI, F. J.; HSING, Y.I.; ZHAO, Q.; HAN, B.; KRAMER, M.R.; MCCOMBIE, R.W.; LONSDALE, D.; O'DONOVAN, C.C.; WHITFIELD, E.J.; APWEILER, R.; KOYANAGI, K.O.; KHURANA, J.P.; RAGHUVANSHI, S.; SINGH, N.K.; TYAGI, A.K.; HABERER, G.; FUJISAWA, M.; HOSOKAWA, S.; ITO, Y.; IKAWA, H.; SHIBATA, M.; YAMAMOTO, M.; BRUSKIEWICH, R.M.; HOEN, D.R.; BUREAU, T.E.; NAMIKI, N.; OHYANAGI, H.; SAKAI, Y.; NOBUSHIMA, S.; SAKATA, K.; BARRERO, R.A.; SOUVOROV, A.; SMITH-WHITE, B.; TATUSOVA, T.; AN, S.; AN, G.; OOTA, S.; FUKS, G.; MESSING, J.; CHRISTIE, K.R.; LIEBERHERR, D.; KIM, H.; ZUCCOLO, A.; WING, R.A.; NOBUTA, K.; GREEN, P.J.; LU, C.; MEYERS, B.C.; CHAPARRO, C.; PIEGU, B.; PANAUD, O.; ECHEVERRIA, M. The rice annotation project database (RAP-DB): 2008 update. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 36, p. D1028-D1033, 2008.

TORNERO, P.; CONEJERO, V.; VERA, P. Primary structure and expression of a pathogen-induced protease (PR-P69) in tomato plants: Similarity of functional domains to subtilisin-like endoproteases. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 93, n. 13, p. 6332-6337, 1996.

UMEZAWA, T.; FUJITA, M.; FUJITA, Y.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. Engineering drought tolerance in plants: discovering and tailoring genes to unlock the future. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v. 17, n. 2, p. 113-122, 2006.

UNIÃO DA AGROINDÚSTRIA DE CANA-DE-AÇÚCAR. Disponível em: <<http://www.unica.com.br/>>. Acesso em: 16 abr. 2013..

USADEL, B.; POREE, F.; NAGEL, A.; LOHSE, M.; CZEDIK-EYSENBERG, A.; STITT, M. A guide to using MapMan to visualize and compare Omics data in plants: a case study in the crop species, maize. **Plant Cell Environment**, Oxford, v. 32, n. 9, p. 1211-1229, 2009.

VAN DER HOORN, R.A. Plant proteases: from phenotypes to molecular mechanisms. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 59, p. 191-223, 2008.

VAN DER HOORN, R.A.; JONES, J.D. The plant proteolytic machinery and its role in defence. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v. 7, n. 4, p. 400-407, 2004.

VENDRAMIM, J.D.; SILVA, F.C.; CAMARGO, A.P. Avaliação das dimensões da região danificada pelo complexo broca-podridões em seis cultivares de cana-de-açúcar. **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, Londrina, v. 18, p. 105-119, 1989.

WANG, R.K.; CAO, Z.H.; HAO, Y.J. Overexpression of a R2R3 MYB gene MdSIMYB1 increases tolerance to multiple stresses in transgenic tobacco and apples. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, 2013. In press.

WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. **Nature Reviews. Genetics**, London, v. 10, n. 1, p. 57-63, 2009.

WAR, A.R.; PAULRAJ, M.G.; WAR, M.Y.; IGNACIMUTHU, S. Role of salicylic acid in induction of plant defense system in chickpea (*Cicer arietinum* L.) **Plant Signaling & Behavior**, Georgetown, v. 6, p. 1787-1792, 2011.

XIAO, M.; ZHANG, Y.; CHEN, X.; LEE, E.J.; BARBER, C.; CHAKRABARTY, R.; DESGAGNÉ-PENIX, I.; HASLAM, T.M.; KIM, Y.B.; LIU, E.; MACNEVIN, G.; MASADA-ATSUMI, S.; REED, D.; STOUT, J.M.; ZERBE, P.; BOHLMANN, J.; COVELLO, P.S.; DE LUCA, V.; PAGE, J.E.; RO, D.K.; MARTIN, V.J.; FACCHINI, P.J.; SENSEN, C.W. Transcriptome analysis based on next-generation sequencing of non-model plants producing specialized metabolites of biotechnological interest. **Journal of Biotechnology**, Amsterdam, v. 166, n. 3, p. 122-134, 2013.

YAMAGUCHI, Y.; HUFFAKER, A. Endogenous peptide elicitors in higher plants. **Current Opinion in Plant Biology**, London,, v. 14, n. 4, p. 351-357, 2011.

YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. Transcriptional regulatory networks in cellular responses and tolerance to dehydration and cold stresses. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 57, p. 781-803, 2006.

ZHANG, Z.; LIU, X.; WANG, X.; ZHOU, M.; ZHOU, X.; YE, X.; WEI, X. An R2R3 MYB transcription factor in wheat, TaPIMP1, mediates host resistance to *Bipolaris sorokiniana* and drought stresses through regulation of defense- and stress-related genes. **The New Phytologist**, Oxford, v. 196, n. 4, p. 1155-1170, 2012.

ZHENG, B.; HALPERIN, T.; HRUSKOVA-HEIDINGSFELDOVA, O.; ADAM, Z.; CLARKE, A.K. Characterization of chloroplast Clp proteins in Arabidopsis: localization, tissue specificity and stress responses. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 114, n. 1, p. 92-101, 2002.

ANEXOS

Anexo A – Sequência dos iniciadores de cana-de-açúcar utilizados nos experimentos de PCR quantitativo em tempo real

Número de acesso	Forward primer (5'-3')	Reverse Primer (5'-3')
Sequências dos iniciadores de IPs e proteases induzidas		
SacBBI1	GAGGTCGTCGCAGGTGTAGA	TGACAAACTCGAAGCCTCCT
SacBBI2	TGCACCAACTGCAACTTCTC	GTGTCGGTGCACCTGAACAT
SacBBI3	TGATCAGCTCTACTGAATCGTTG	GGTCAGCGGCATACATATAGAAG
SacBBI4	AACCCACAAGCACAAATGACA	ACTCGGGCAAGATGTTCAAG
SacMPI-like1	GCTAGCTTCGGTTCCTTCCT	CAAACAACCTGATCCCCTTTCA
SacMPI-like2	TGCATCGTCATCGATCAACT	ACCTTCTTGGCTTCCTCCAC
SacMPI-like3	GCCAAGAAGGTGATCCTCAA	CTGATCGATGAGCACGAAAG
SacMPI-like4	GGGTGACCGATGATTTTCTG	AACACACATCCGGAACCATT
SacMPI-like5	TGTAACCACCGATTTTGTGC	CACATCCATTATTTCGGCAGAT
SacCI-1B-like	GATAAGCTAGCCGCTGATGC	GACCCATTATTTCGGCAGATG
SacClp-like1	CCGCTTCCAGCCAGTATTAG	CATTGATGGCTTCCAATGTG
SacChy-like	CTCCAGGAGGTGATTTCTCG	TTGAGTGTTGTGGAGCTTGAA
SacCPD-like1	TTGTATGGACGCTCTGCTTG	TATGCCTGGCCTAGCAATTC
Sequência dos iniciadores de proteases reprimidas		
SacClp-like2	TGTTGGCAAGCATGCTGTAT	CACCAGCCGCAAGAATAAAT
SacClp-like3	CTTGCTCCGCAGAAGAACT	CACAGGAGACTGGACACGAC
SacClp-like4	TAGTGCATTGGTGCCACAAC	GTGCAGCAGCAATTAAAGCA
SacClp-like5	CCTGCTCCAATCAGTGTGTG	CCTAATTGGAGAGCCTGGTG
SacCPD-like2	AGCTCTTCGAGCACTTCCTG	CGGTTGGCCAAAGTTGATT
SacCPD-like3	GGCGCTTATCTTGTCTCCT	TCTCTCCCCTGGTCTCCTCT
SacSub-like1	TTCTGCCCATGACAGGGTAT	CTAGGCGACTCGAATCTTGG
SacSub-like2	CAAGACGAGGAAGGAATGGA	GGTCCGCAAGGTTTTAGCTT
SacSub-like3	GCTACATCAACTCCAGCTCCA	GTCCCCGACATGATGTTGTA
Sequência dos iniciadores de inibidores BBIs		
SacBBI5	CCTGGGTGGTGTCTTCTGAT	GCATCATGCATGGCTCTTTA
SacBBI6	AGAAGTGCGTCAAGCAAGGT	ACGAAGCTCGAGAGAAGCAT
SacBBI7	TTGACGCACTTCTTGCACTC	CAACAACTTGGCATTGTGG
SacBBI8	TGCTTCTCTCGAGCTTGTC	AAAGCACAAACGCGAACTACA
SacBBI9	CTGACGCACTTCTTGCACTC	CATCGTCACTCTGGCTGTTT
SacBBI10	CATGCAAGCCATGTTGAGTT	TAGCATCTGCAAGGGGACAA
SacBBI11	AGCTTCGTGCGGAGAAGGAAT	TAGCATCTGCAGAGGGAACA
SacBBI12	GACCGCGTTTCCAACCTTCT	GGTTGCTCGCTCATCAGATT
SacBBI13	GCAGGGACTGCGTCAAGT	CTGGGTGGGTAAAGGTTGG
SacBBI14	CGGACATCCTCGTCAAATTC	GGCCTAGCCAAAGCTTATATTG
Sequência dos iniciadores de genes de referência		
GAPDH	TTTGAATGGCAAGCTCACTG	GGTGGAACCAAATCCTCCT
β -actin	TCTACGGCAACATTGTGCTC	TTGATCTTCATGCTGCTTGG

Anexo B – Sequência dos iniciadores de arroz e *Arabidopsis* utilizados nos experimentos de PCR quantitativo em tempo real

Gene ID	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
OsClp1	TCGTCAAAGAGAATGGCAGTG	CACGCTTTCTGAGTTCACCA
OsClp2	GTGGGTCACTCTTTGCTGGT	TCCTGGAGGAGAGCCTATCA
GAPDH	AAGCCAGCATCCTATGATCAGATT	CGTAACCCAGAATACCCTTGAGTTT
UBQ-5	ACCACTTCGACCGCCACTACT	ACGCCTAAGCCTGCTGGTT
eEF-1 α	TTTCACTCTTGGTGTGAAGCAGAT	GACTTCCTTCACGATTTTCATCGTAA
AtClp	TGATGATATTGCAGCCGTTG	TGTTGGTCCACAGAAAGCA
GAPDH	TTGGTGACAACAG^GTCAAGCA	AAACTTGTCGCTCAATGCAATC
SAND	AACTCTATGCAGCATTTGATCCACT	TGATTGCATATCTTTATCGCCATC
UBC	CTGCGACTCAG^GGAATCTTCTAA	TTGTGCCATTGAATTGAACCC

^ posição de uma junção de exon-exon

Anexo C – Sequência dos iniciadores utilizados na verificação da eficiência do experimento de estresse hídrico e na validação do RNA-Seq

Identidade	SoGI 3.0 ID	Sorgo ID	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
<i>ADF</i>	TC143142	Sb01g003250	CTACTACTGTGGATTTGTACGCCATTATAG	GGACCTTTTTTACACAGCAACAAAC
<i>DEHYDRIN</i>	TC127699	Sb04g032250	TGGTACGGGCTTTAGTTTGG	GGTAGCCCAGCCGAATTAC
<i>PEPC-I</i>	TC132292	Sb10g021330	TTGGATGGAAATGCTGAAAAC	AATATAAAGAGGCCAAAGCCG
<i>NADP-ME</i>	TC118557	Sb03G003230	ACGCAGATGATACTGCATTGTT	AAGTGTTTGCCACCAGCAC
<i>SERINE PROTEASE</i>	TC118667	Sb04g021410	CATGCATGAACCATCTGGAC	ACAACTTCAGAAAGTCCGGC

Anexo D – Sequência dos iniciadores utilizados na validação do experimento de RNA Seq

Identidade	SoGI 3.0 ID	Sorgo ID	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
<i>inositol-3-phosphate synthase</i>	TC127101	Sb01g044290	GGCTGCTGGAAGGGAAGTAG	GCGTAACAGCAATGACCAGG
<i>undecaprenyl pyrophosphate synthetase</i>	TC127257	Sb02g011210	TGAGTACCTGGAAGCGTTGC	CTTTTGTGGCTTGCGTGGAG
<i>delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>	TC112729	Sb03g039820	GCTCGTAACGAATGGCTGAAC	ACCGCCGAGAAAGTATCAGG
<i>no identity</i>	TC146880	Sb03g043420	GATCTGAACCTGGACTGGACC	TCGCGAGAGTGAGTACACAC
<i>soluble acid invertase</i>	TC112686	Sb04g000620	CCCATCTTTCCTTGCTTGCC	TGGACGAGCGATAAATAGCCAG
<i>annexin p35</i>	TC121974	Sb04g027590	ATTCTCCTTGCCCTCCTAGG	ACCACGTGTATACCACATCG
<i>Aquaporin</i>	TC144210	Sb04g032430	ATGCCAGTCCGAAGAACGAG	CAGAACAGTGCAGCAGTGAG
<i>bzip transcription factor abi5</i>	TC143713	Sb04g034190	ACCTGTGGGGCTGTACCTAG	GCTGTGTCAACAAGGGCAAC
<i>hva22e</i>	TC113173	Sb05g017940	GATCCCATCCCTGGACCATG	AGGATGGCCATACACACATCG
<i>protein phosphatase 2c</i>	TC142475	Sb09g026860	ACATTGAGCTGGATCCATCAGAG	TGTGGGTCAAGTCTCATGCG

Anexo E – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 3º dia de estresse hídrico

(continua)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da sequência
Sb01g005010.1	-3,86	<i>histone h1</i>
Sb01g007050.1	-4,37	<i>plastoquinol-plastocyanin reductase</i>
Sb01g007820.1	-27,74	<i>cysteine protease 1 precursor</i>
Sb01g007880.1	-22,41	<i>oligopeptide transporter opt family</i>
Sb01g010050.1	3,87	<i>at1g48450 t1n15_5</i>
Sb01g010050.2	3,81	<i>at1g48450 t1n15_5</i>
Sb01g010450.1	-2,9	<i>Protein</i>
Sb01g015580.1	-13,2	<i>post-illumination chlorophyll fluorescence increase protein</i>
Sb01g029800.1	-4,04	<i>u-box domain-containing protein 33-like</i>
Sb01g031850.1	-5,19	<i>Protein</i>
Sb01g035820.1	13,01	
Sb01g039120.1	-6,68	<i>photosystem ii reaction center family protein</i>
Sb01g039120.2	∞	<i>photosystem ii reaction center family protein</i>
Sb01g039680.1	21,7	
Sb01g041920.1	-2,04	
Sb01g043470.1	-10,95	<i>root phototropism protein</i>
Sb01g043630.1	-2,76	
Sb01g044600.1	∞	
Sb01g046840.1	-2,11	<i>cell division cycle protein 48 homolog</i>
Sb02g005070.1	1,84	<i>p-loop containing nucleoside triphosphate hydrolase family protein</i>
Sb02g005913.1	- ∞	<i>udp-glucuronosyl and udp-glucosyl transferase</i>
Sb02g010110.1	∞	<i>probable cellulose synthase a catalytic subunit 5</i>
Sb02g010110.3	∞	<i>probable cellulose synthase a catalytic subunit 5</i>
Sb02g025920.1	-6,82	<i>cysteine protease</i>
Sb02g036310.1	-2,48	<i>sugar carrier protein c-like</i>
Sb02g040060.1	-142,07	<i>thiamine biosynthetic enzyme</i>
Sb03g001630.1	- ∞	<i>at3g25550 mwl2_17</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da sequência
Sb03g003650.1	-3,49	<i>Gigantea</i>
Sb03g003650.2	-3,39	<i>Gigantea</i>
Sb03g009080.1	∞	<i>Protein</i>
Sb03g010280.1	4,26	<i>dof zinc finger</i>
Sb03g011420.1	-2,8	<i>f-box protein at2g32560-like</i>
Sb03g025520.1	-179,16	<i>thiamine biosynthetic enzyme</i>
Sb03g026210.3	-2,59	<i>uncharacterized protein LOC100276623 [Zea mays]</i>
Sb03g034200.1	-3,56	<i>elongation factor 2-like</i>
Sb03g035520.1	-9,19	<i>formamidase isoform 2</i>
Sb03g038630.1	-7,4	<i>cinnamoyl- reductase</i>
Sb03g039740.1	5,89	<i>gdp-mannose pyrophosphorylase</i>
Sb03g040140.1	-4,21	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g040140 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g042870.1	-5,93	<i>cysteine proteinases-like protein</i>
Sb03g047250.1	-1,56	
Sb04g001130.1	-11,02	<i>Catalase</i>
Sb05g001300.1	-4,59	<i>root phototropism protein 2-like</i>
Sb05g027870.1	-5,63	<i>isco activase small isoform precursor</i>
Sb06g018880.4	-5,39	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb06g024830.1	2,73	<i>glycerol 3-phosphate permease</i>
Sb06g031310.1	-3,87	<i>phosphoribosylformylglycinamide synthase</i>
Sb07g000600.1	-3,26	<i>ferredoxin- chloroplastic precursor</i>
Sb07g003870.1	9,26	<i>coc1</i>
Sb08g000600.1	-15,4	<i>aminotransferase family protein</i>
Sb09g004640.1	2,87	<i>gtp pyrophosphokinase</i>
Sb09g020680.1	-8,8	<i>Protein</i>
Sb09g024960.1	-3,48	<i>thioredoxin h-type</i>
Sb09g027620.1	-6,75	<i>zinc finger</i>
Sb09g027890.1	3,89	<i>electron carrier electron transporter iron ion binding protein</i>

Anexo E – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 3º dia de estresse hídrico

(conclusão)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da sequência
Sb09g029040.1	-6,97	
Sb09g030010.1	12,21	<i>at3g29240 mxo21_9</i>
Sb09g030530.1	-68,41	<i>hypersensitive-induced response protein</i>
Sb10g000240.1	-5,56	<i>btb poz domain-containing protein</i>
Sb10g002040.1	1,87	<i>histone h3</i>
Sb10g004682.1	-2,74	<i>pre-mrna-processing-splicing factor</i>
Sb10g007180.1	-10,16	<i>calvin cycle protein cp12-like</i>
Sb10g023850.1	5,51	<i>fructose-bisphosphate aldolase</i>
Sb10g026830.1	4,02	<i>atp-dependent zinc metalloprotease ftsH chloroplastic-like</i>
Sb10g026830.2	4,12	<i>atp-dependent zinc metalloprotease ftsH chloroplastic-like</i>
Sb10g027540.1	88,16	<i>phosphosulfolactate synthase-related protein</i>
Sb10g028150.1	-14,36	<i>Protein</i>
Sb3247s002010.1	-4,27	<i>cytochrome b561</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb0012s006000.1	3,39	<i>protein binding protein</i>
Sb0073s002030.1	-3,69	
Sb0139s002020.1	28,42	<i>ethylene-responsive protein</i>
Sb01g000240.1	-1,86	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g000240 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g000380.1	1,75	<i>rubisco subunit binding-protein alpha subunit</i>
Sb01g000590.1	-8,77	<i>30s ribosomal protein</i>
Sb01g001100.1	-2,85	<i>nac domain containing expressed</i>
Sb01g001260.1	7,54	<i>regulatory protein</i>
Sb01g001650.1	3,07	<i>plastid ribosomal protein</i>
Sb01g001660.1	9,09	<i>salt tolerance expressed</i>
Sb01g001660.2	7,12	<i>salt tolerance expressed</i>
Sb01g001660.3	4,85	<i>salt tolerance expressed</i>
Sb01g001680.1	-3,97	<i>rna-binding protein containing a pin domain</i>
Sb01g001750.1	-2,44	<i>prolycopene chloroplastic-like</i>
Sb01g001850.1	-2,94	<i>40s ribosomal protein s4</i>
Sb01g001940.1	-1,9	<i>Protein</i>
Sb01g001970.1	-6,7	<i>ammonium transporter amt2</i>
Sb01g001990.1	-3,4	<i>streptomyces cyclase dehydrase family expressed</i>
Sb01g002180.1	3,5	<i>ferredoxin- chloroplastic-like</i>
Sb01g002210.1	24,55	<i>electron transfer flavoprotein subunit alpha</i>
Sb01g002220.1	1,86	
Sb01g002250.1	-2,64	<i>integral membrane hrf1-like protein</i>
Sb01g002480.1	7,24	<i>galactose kinase</i>
Sb01g002630.1	11,22	<i>beta-mannan expressed</i>
Sb01g002860.1	11,46	<i>cytokinin-n-glucosyltransferase 1</i>
Sb01g003100.1	7,21	<i>nad-dependent epimerase dehydratase</i>
Sb01g003250.1	1,65	<i>actin-depolymerizing factor 3</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g003260.1	∞	<i>actin depolymerizing factor 3</i>
Sb01g003340.1	-4,01	<i>chloroplast-targeted copper chaperone protein</i>
Sb01g003470.1	-2,53	<i>cinnamoyl- reductase</i>
Sb01g003640.3	-1,72	<i>serine threonine-protein kinase ht1-like</i>
Sb01g003700.1	-1,89	<i>methylenetetrahydrofolate reductase</i>
Sb01g003740.1	1,67	<i>ring finger protein</i>
Sb01g003770.1	1,88	<i>adp-ribosylation factor</i>
Sb01g003870.1	2,53	<i>triacylglycerol lipase sdpl-like</i>
Sb01g003880.1	2,79	<i>xanthoxin dehydrogenase-like</i>
Sb01g004100.1	4,5	<i>Protein</i>
Sb01g004130.1	14,14	<i>seed imbibition protein</i>
Sb01g004200.1	5,95	
Sb01g004210.1	-1,59	<i>cellulose synthase catalytic subunit</i>
Sb01g004240.1	6,19	<i>chaperonin-like protein</i>
Sb01g004330.1	-3,36	<i>photosystem i reaction center subunit ii</i>
Sb01g004330.2	-3,67	<i>photosystem i reaction center subunit ii</i>
Sb01g004360.1	-3,58	<i>carboxyl-terminal peptidase</i>
Sb01g004410.1	5,06	
Sb01g004420.1	1,94	<i>aprl5 - zea mays adenosine 5 -phosphosulfate reductase-like</i>
Sb01g004440.1	-1,96	<i>iron-sulfur cluster-binding protein</i>
Sb01g004490.1	6,55	<i>39 kda ef-hand containing expressed</i>
Sb01g004940.1	-3,67	<i>nodule-specific protein</i>
Sb01g004990.1	-2,74	
Sb01g005130.1	-5,4	<i>transcription factor une12</i>
Sb01g005190.1	3,15	
Sb01g005240.1	826,79	<i>stem-specific protein expressed</i>
Sb01g005250.1	2,09	<i>hsf-type dna-binding domain containing expressed</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g005570.1	-1,82	<i>ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda</i>
Sb01g005650.1	-6,63	<i>aldehyde oxidase</i>
Sb01g005670.1	-5,95	<i>aldehyde oxidase</i>
Sb01g005760.1	-3,73	<i>e3 ubiquitin-protein ligase rhf2a-like</i>
Sb01g005770.1	-3,43	<i>fasciclin-like arabinogalactan protein 16-like</i>
Sb01g005890.1	5,74	<i>expp1 protein precursor</i>
Sb01g005900.1	6,08	<i>syntaxin 121</i>
Sb01g006050.1	-2,93	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g006050 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g006190.1	-7,9	<i>helix-loop-helix dna-binding domain containing expressed</i>
Sb01g006220.1	-4,08	<i>seed maturation protein</i>
Sb01g006240.1	-4,7	<i>ribose-5-phosphate isomerase a</i>
Sb01g006320.1	6,26	<i>inosine monophosphate dehydrogenase</i>
Sb01g006330.1	-2,09	<i>actin-depolymerizing factor 6</i>
Sb01g006370.1	-4,07	<i>photosystem i reaction center subunit iii</i>
Sb01g006470.1	-4,53	<i>protein kinase</i>
Sb01g006530.1	-1,85	
Sb01g006540.1	-1,58	
Sb01g006630.1	7,05	<i>cytosolic purine 5 -nucleotidase-like</i>
Sb01g006650.1	-3,47	<i>tubulin alpha-6 chain</i>
Sb01g006960.1	15,22	<i>cold acclimation protein cor413-pm1</i>
Sb01g006990.1	2,11	<i>protein disulfide-isomerase</i>
Sb01g007050.1	-4,37	<i>plastoquinol-plastocyanin reductase</i>
Sb01g007060.1	-1,84	<i>molybdopterin cofactor</i>
Sb01g007070.1	-3,78	<i>maternal effect embryo arrest 14 protein</i>
Sb01g007130.1	-9,1	<i>myb-related protein</i>
Sb01g007130.2	-5,04	
Sb01g007350.1	4,11	<i>swib mdm2 domain-containing protein</i>
Sb01g007520.1	-1,87	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g007520 [Sorghum bicolor]</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g007550.1	5,45	<i>cyclic nucleotide gated channel 2</i>
Sb01g007690.1	-3,81	<i>60s ribosomal protein l13a</i>
Sb01g007710.1	-1,97	<i>abc transporter family protein</i>
Sb01g007760.1	-4,89	<i>phytochelatin synthetase</i>
Sb01g007820.1	-27,74	<i>cysteine protease 1 precursor</i>
Sb01g007870.1	187,54	<i>pi21 protein</i>
Sb01g007880.1	-22,41	<i>oligopeptide transporter opt family</i>
Sb01g007890.1	2,37	<i>nucleotide-binding oligomerization domain-containing protein</i>
Sb01g008030.1	14,89	<i>lysosomal beta glucosidase-like</i>
Sb01g008030.2	33,35	<i>lysosomal beta glucosidase-like</i>
Sb01g008030.3	11,64	<i>lysosomal beta glucosidase-like</i>
Sb01g008170.1	5,48	<i>yt521-b-like family expressed</i>
Sb01g008290.1	-3,46	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g008290 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g008300.1	-2,1	<i>nucleotide binding protein</i>
Sb01g008400.1	-4,7	<i>protein</i>
Sb01g008400.2	-4,08	<i>protein</i>
Sb01g008400.3	-4,58	<i>protein</i>
Sb01g008465.1	-5,83	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>
Sb01g008480.1	-5,95	<i>iaa13 - auxin-responsive aux iaa family member</i>
Sb01g008690.1	-3,09	<i>serine hydroxymethyltransferase</i>
Sb01g008690.2	-3,47	<i>serine hydroxymethyltransferase</i>
Sb01g008800.1	-2,57	<i>cbs domain protein</i>
Sb01g008800.2	-2,16	<i>cbs domain protein</i>
Sb01g008810.1	-24,58	<i>sorghum bicolor protein targeted either to mitochondria or chloroplast proteins t50848</i>
Sb01g008820.1	-1,79	<i>aba-responsive protein</i>
Sb01g008860.1	-3,7	<i>endo- -beta-glucanase</i>
Sb01g008940.1	-2,52	<i>plastid adp-glucose pyrophosphorylase large subunit</i>
Sb01g009130.1	-6,56	<i>bell-type homeodomain protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g009180.1	-5,57	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g009180 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g009300.1	216,16	<i>amino acid binding</i>
Sb01g009370.1	10,54	<i>sterol regulatory element-binding protein site 2</i>
Sb01g009520.1	2,76	<i>sulfite exporter family protein</i>
Sb01g009530.1	1,84	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g009530 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g009570.1	-2,51	<i>alpha tubulin 1</i>
Sb01g009730.1	∞	<i>late embryogenesis abundant protein</i>
Sb01g009900.1	2,08	<i>peptide transporter ptr2-like</i>
Sb01g009990.1	15,39	<i>cortical cell-delineating protein precursor</i>
Sb01g010050.1	3,87	<i>at1g48450 t1n15_5</i>
Sb01g010050.2	3,81	<i>at1g48450 t1n15_5</i>
Sb01g010080.1	∞	
Sb01g010110.1	5,38	<i>receptor protein</i>
Sb01g010250.1	-2,51	<i>threonine dehydratase chloroplastic-like</i>
Sb01g010290.1	19,19	<i>atypical receptor-like kinase mark</i>
Sb01g010450.1	-2,9	<i>protein</i>
Sb01g010490.1	-2,55	<i>duf292 domain-containing protein</i>
Sb01g010500.1	∞	<i>chemocyanin precursor</i>
Sb01g010630.1	3,31	<i>phytanoyl- dioxygenase domain-containing protein 1-like</i>
Sb01g010700.1	-57,39	
Sb01g010800.1	-2,17	<i>mitogen-activated protein kinase kinase kinase 1-like</i>
Sb01g010810.1	-2,73	<i>protein</i>
Sb01g011040.1	-3,15	<i>lipxygenase</i>
Sb01g011050.1	5,62	<i>lipxygenase 1</i>
Sb01g011260.1	1,63	<i>proteasome subunit beta type</i>
Sb01g011280.1	-3,09	<i>20s proteasome subunit beta-4</i>
Sb01g011610.1	27,73	<i>h(+)-transporting atpase plant fungi plasma membrane</i>
Sb01g011620.1	-11,16	<i>phosphoglycerate mutase-like protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g011650.1	-1,98	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g011650 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g012050.1	-11,14	<i>thiamine biosynthesis protein</i>
Sb01g012070.1	-1,54	<i>ring finger protein 5</i>
Sb01g012300.1	-6,58	<i>glycine-rich rna-binding protein 2</i>
Sb01g012300.2	-5,88	<i>glycine-rich rna-binding protein 2</i>
Sb01g012380.1	9,43	<i>glucan endo- -beta-glucosidase</i>
Sb01g012570.1	-3,05	
Sb01g012650.1	-1,85	<i>poly polymerase</i>
Sb01g012740.1	-3,48	<i>tubulin beta-3 chain</i>
Sb01g012960.2	2,82	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>
Sb01g012960.3	2,84	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>
Sb01g013000.1	7,9	
Sb01g013080.1	11,47	<i>chlorophyll b reductase chloroplastic-like</i>
Sb01g013100.1	32,98	<i>cationic amino acid transporter</i>
Sb01g013320.1	1,78	<i>brain acid soluble protein 1</i>
Sb01g013390.1	-1,35	<i>dnaj protein homolog</i>
Sb01g013520.1	11,75	<i>9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase</i>
Sb01g013550.1	979,35	<i>beta-expansin 4 precursor</i>
Sb01g013580.1	∞	
Sb01g013600.1	7,3	<i>ornithine aminotransferase</i>
Sb01g013843.1	-6,32	<i>helix-loop-helix dna-binding domain containing expressed</i>
Sb01g013890.1	-3,01	<i>protein kinase</i>
Sb01g013890.2	-3,19	<i>protein kinase</i>
Sb01g013910.1	4,29	<i>major facilitator superfamily expressed</i>
Sb01g013930.1	-3,85	
Sb01g014090.1	-19,91	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 7</i>
Sb01g014090.2	-14,63	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 7</i>
Sb01g014190.1	-11,69	<i>nucleoside nucleotide kinase-like protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g014280.1	3,84	<i>ibr domain containing expressed</i>
Sb01g014670.1	-3,5	<i>protein osb1</i>
Sb01g014730.1	5,93	<i>protein z</i>
Sb01g014760.1	-5,72	<i>transposon mutator sub- expressed</i>
Sb01g015160.1	5,39	<i>act domain containing expressed</i>
Sb01g015400.1	-13,66	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>
Sb01g015470.1	-2,48	<i>60s ribosomal protein l10-3</i>
Sb01g015650.1	-8,66	<i>beta-amyrin synthase</i>
Sb01g015680.1	-4,98	<i>peroxisomal membrane 22 kda (mpv17 pmp22) family protein</i>
Sb01g015890.1	24,62	<i>zinc finger</i>
Sb01g016120.1	-7,33	<i>transparent testa 12 protein</i>
Sb01g016180.1	-4,88	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein at1g09900-like</i>
Sb01g016730.1	7,17	<i>sugar carrier protein c</i>
Sb01g016810.2	-6,48	
Sb01g016840.1	1,51	<i>probable serine incorporator-like</i>
Sb01g017020.1	1,92	<i>cytochrome b5</i>
Sb01g017050.1	2,58	<i>heat shock 70 kda mitochondrial-like</i>
Sb01g017110.1	8,09	<i>beta- -n-acetylglucosaminyltransferase radical</i>
Sb01g017120.1	6,06	<i>trihelix dna-binding protein</i>
Sb01g017290.1	2,9	<i>zinc finger ccch domain-containing protein 44-like</i>
Sb01g017330.1	-6,22	<i>pinus taeda anonymous locus 0_8672_01 genomic sequence</i>
Sb01g017460.1	-2,21	
Sb01g017695.1	∞	
Sb01g017720.1	-5,77	<i>myosin heavy chain-related protein</i>
Sb01g017800.1	-81,78	<i>10-deacetylbaecatin iii 10-o-acetyltransferase</i>
Sb01g018010.1	2,93	<i>glutaredoxin s17</i>
Sb01g018010.2	2,55	<i>glutaredoxin s17</i>
Sb01g018070.1	3,62	<i>pentatricopeptide repeat-containing</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g018190.1	4,7	<i>lanc-like protein 2</i>
Sb01g018210.1	2,69	<i>1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase chloroplastic-like</i>
Sb01g018230.1	-8,06	<i>protochlorophyllide reductase b</i>
Sb01g018380.1	-2,08	
Sb01g018410.1	8,05	<i>alpha-galactosidase 1</i>
Sb01g018450.1	1,54	<i>attic110 tic110</i>
Sb01g019076.1	-2,35	<i>ring u-box domain-containing protein</i>
Sb01g019130.1	-2,06	<i>auxin response</i>
Sb01g019150.1	5,56	<i>uncharacterized membrane protein at1g06890-like</i>
Sb01g019170.1	-5,51	<i>cytokinin riboside 5 -monophosphate phosphoribohydrolase log3</i>
Sb01g019200.1	-7,71	
Sb01g019440.1	1,96	
Sb01g019590.1	9,82	<i>protein wax2-like</i>
Sb01g019730.1	2,24	<i>eukaryotic initiation factor 4e</i>
Sb01g019780.1	∞	
Sb01g019840.1	-2,93	<i>60s ribosomal protein l21</i>
Sb01g019850.1	102,7	<i>beta-amylase</i>
Sb01g019940.1	1,96	<i>protein</i>
Sb01g020430.1	3,71	
Sb01g020450.1	-3,47	<i>transmembrane expressed</i>
Sb01g020810.1	-22,05	<i>cytochrome p450</i>
Sb01g020950.1	3,26	<i>l-type lectin-domain containing receptor kinase -like</i>
Sb01g020970.1	-5,16	<i>metal ion binding protein</i>
Sb01g021190.1	4,51	<i>soluble starch synthase ii-1</i>
Sb01g021450.1	-21,41	<i>thaumatin family expressed</i>
Sb01g021680.1	2,27	
Sb01g021780.1	- ∞	<i>btb poz and math domain-containing protein 2-like</i>
Sb01g021880.1	-3,1	<i>plant-specific domain tigr01615 family protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g022150.1	2,77	<i>prolyl 4-hydroxylase</i>
Sb01g022250.1	4,38	<i>exonuclease family protein</i>
Sb01g023740.1	8,6	<i>alanine aminotransferase</i>
Sb01g023750.1	9,09	<i>alanine aminotransferase</i>
Sb01g023750.2	49,37	<i>alanine aminotransferase</i>
Sb01g023750.3	∞	<i>alanine aminotransferase</i>
Sb01g023750.4	57,61	<i>alanine aminotransferase</i>
Sb01g023750.5	50,96	<i>alanine aminotransferase</i>
Sb01g025570.1	3,95	<i>alcohol dehydrogenase</i>
Sb01g026330.1	4,25	<i>zinc c3hc4 type family expressed</i>
Sb01g026660.1	27,15	
Sb01g026820.1	150,45	<i>hat dimerisation domain-containing</i>
Sb01g026920.1	-1,84	<i>u1 snrnp</i>
Sb01g026960.1	-4,87	<i>deoxymugineic acid synthase1</i>
Sb01g027040.1	3,25	<i>peptide transporter ptr2-like</i>
Sb01g027550.1	2,46	<i>protein kinase domain-containing protein</i>
Sb01g027740.1	-2,08	<i>peptide transporter ptr2-like</i>
Sb01g027800.1	2,62	<i>d-xylose-proton symporter-like 2</i>
Sb01g027830.1	3,42	<i>ctp:phosphorylcholine cytidyltransferase</i>
Sb01g027850.1	2,37	<i>lrgb-like family protein</i>
Sb01g027850.2	2,3	<i>lrgb-like family protein</i>
Sb01g027860.2	1,56	<i>26s proteasome non-atpase regulatory subunit 13</i>
Sb01g027920.2	1,35	<i>poly polymerase catalytic domain containing expressed</i>
Sb01g028010.1	-4,34	<i>atp binding</i>
Sb01g028330.1	-3,97	<i>cyclase dehydrase family protein</i>
Sb01g028520.1	-2,58	<i>eukaryotic translation initiation factor 3 subunit b-like</i>
Sb01g028540.1	5,14	<i>protein</i>
Sb01g028580.1	-4,48	

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g028690.1	2,37	<i>pleckstrin homology domain-containing protein</i>
Sb01g028760.1	33,46	<i>serine threonine-protein kinase</i>
Sb01g028760.2	10,71	<i>serine threonine-protein kinase</i>
Sb01g028870.1	-3,39	
Sb01g028980.1	-1,6	
Sb01g029020.1	2,65	<i>myb transcription factor</i>
Sb01g029150.1	-10,57	<i>metalloendoprotease 1</i>
Sb01g029330.1	-62,8	<i>beta-expansin 1a precursor</i>
Sb01g029660.1	-5,39	
Sb01g029740.1	3,44	
Sb01g029900.1	∞	<i>red chlorophyll catabolite reductase-like</i>
Sb01g030430.1	-1,54	
Sb01g031190.1	4,55	
Sb01g031230.1	3,83	<i>e3 ubiquitin-protein ligase xbat33-like</i>
Sb01g031240.1	2,69	
Sb01g031270.1	14,1	<i>actin-depolymerizing factor</i>
Sb01g031300.1	1,97	<i>protein</i>
Sb01g031370.1	- ∞	<i>rna binding</i>
Sb01g031660.1	-7,16	<i>pyruvate orthophosphate dikinase</i>
Sb01g031700.1	5,34	<i>protein</i>
Sb01g031710.1	4,4	<i>mcs-like 2 protein</i>
Sb01g031850.1	-5,19	<i>protein</i>
Sb01g031950.1	3,06	<i>progesterone 5-beta-reductase</i>
Sb01g032040.1	-4,84	
Sb01g032370.1	4,31	
Sb01g032380.1	-2,66	
Sb01g032460.1	13,83	<i>phytochelatase synthetase</i>
Sb01g032480.1	-4,57	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g032575.1	-5,17	
Sb01g032600.1	3,23	<i>cytochrome p450 99a2-like</i>
Sb01g032740.1	-5,94	<i>rossmann-fold nad -binding domain-containing protein</i>
Sb01g032910.1	2,32	
Sb01g033060.1	4,38	<i>sucrose synthase</i>
Sb01g033120.1	-4,41	<i>l-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase-like</i>
Sb01g033190.1	-18,28	<i>strubbelig-receptor family 6</i>
Sb01g033310.1	-1,68	<i>ac079853_1 myosin heavy chain-like</i>
Sb01g033470.1	-2,13	<i>transcription factor bhlh145-like</i>
Sb01g033490.1	1,93	
Sb01g033550.1	-1,41	
Sb01g033800.1	61,09	
Sb01g033820.1	132,43	
Sb01g034130.1	-2,51	<i>cystathionine gamma-synthase</i>
Sb01g034190.1	∞	
Sb01g034300.1	3,8	
Sb01g034310.1	∞	<i>cytochrome p450 family expressed</i>
Sb01g034390.1	8,97	
Sb01g034490.1	11,83	<i>cst complex subunit stn1</i>
Sb01g034540.1	-4,79	
Sb01g034570.1	-11,6	
Sb01g034680.1	-4,07	
Sb01g034690.1	4,75	
Sb01g034890.1	-11,43	<i>2og-fe oxygenase family expressed</i>
Sb01g035170.1	-31,65	<i>cytochrome p450</i>
Sb01g035290.1	-9,33	<i>nucleolar protein 56-like</i>
Sb01g035310.1	-2,68	<i>thioredoxin-related protein</i>
Sb01g035370.1	16,26	

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g035380.1	6,69	
Sb01g035400.1	4,34	
Sb01g035540.1	-1,81	
Sb01g035560.2	-2,02	<i>heavy metal-associated domain containing expressed</i>
Sb01g035580.1	-3,55	
Sb01g035620.1	-2,06	<i>katanin p60 atpase-containing subunit a-like protein</i>
Sb01g035730.1	106,47	<i>udp-glucuronic acid decarboxylase</i>
Sb01g035740.1	-2,66	<i>60s ribosomal protein l22-2</i>
Sb01g035810.1	7,42	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g035810 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g035820.1	13,01	
Sb01g035890.1	10,92	<i>sucrose synthase 1</i>
Sb01g036170.1	1,43	
Sb01g036190.1	4,53	<i>transmembrane protein 87a</i>
Sb01g036240.1	-5,37	
Sb01g036290.1	- ∞	<i>probable inactive receptor kinase at5g58300-like</i>
Sb01g036360.1	-11,66	<i>cytochrome p450</i>
Sb01g036410.1	-2,67	
Sb01g036420.1	∞	
Sb01g036440.3	-2,29	<i>two-component response regulator arr</i>
Sb01g036470.1	-11,21	
Sb01g036560.1	11,76	<i>nac domain-containing protein 29-like</i>
Sb01g036580.1	30,02	
Sb01g036620.1	5,59	<i>thioredoxin-like 1- chloroplastic-like</i>
Sb01g036620.2	5,68	<i>thioredoxin-like 1- chloroplastic-like</i>
Sb01g036680.1	-1,43	
Sb01g037010.1	1,94	
Sb01g037090.1	6,15	
Sb01g037130.1	-2,73	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g037260.1	1,74	
Sb01g037310.1	2,45	
Sb01g037340.1	-4,09	
Sb01g037430.1	4,21	<i>atp-dependent clp protease proteolytic subunit</i>
Sb01g037490.1	3,97	
Sb01g037510.1	9,67	
Sb01g037600.1	7,01	<i>amp-binding protein</i>
Sb01g037610.1	-2,85	<i>amp dependent</i>
Sb01g037780.1	5,04	
Sb01g038150.1	-11,23	<i>abscisic acid receptor pyl5-like</i>
Sb01g038170.1	-2,89	<i>40s ribosomal protein s7</i>
Sb01g038230.1	1,95	
Sb01g038245.1	∞	
Sb01g038310.2	2,92	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase mrh1-like</i>
Sb01g038380.1	9,79	
Sb01g038395.1	-19,15	
Sb01g038460.1	∞	<i>asparagine synthetase</i>
Sb01g038460.2	∞	<i>asparagine synthetase</i>
Sb01g038460.3	∞	<i>asparagine synthetase</i>
Sb01g038500.1	-17,32	<i>fatty acid desaturase</i>
Sb01g038530.1	-10,88	
Sb01g038670.1	∞	<i>stress-induced hydrophobic peptide</i>
Sb01g038730.1	5,44	
Sb01g038810.1	-3,18	<i>50s ribosomal protein l10</i>
Sb01g038970.1	35,24	
Sb01g039000.1	-7,14	
Sb01g039040.1	-2,02	
Sb01g039070.1	-7,4	

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g039120.1	-6,68	<i>photosystem ii reaction center family protein</i>
Sb01g039260.1	-1,77	
Sb01g039270.1	-2,45	<i>atp synthase b chain</i>
Sb01g039390.1	184,72	<i>heat shock protein 70</i>
Sb01g039630.1	-1,85	<i>protein kinase apk1a</i>
Sb01g039680.1	21,7	
Sb01g039710.1	- ∞	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g039710 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g039980.1	-7,21	<i>fructose- -bisphosphatase</i>
Sb01g039980.2	-6,81	<i>fructose- -bisphosphatase</i>
Sb01g040100.2	5,36	<i>protein</i>
Sb01g040100.3	5,64	<i>protein</i>
Sb01g040120.1	-2,5	
Sb01g040150.1	-1,82	
Sb01g040210.1	-2,38	
Sb01g040410.1	∞	
Sb01g040580.1	7,26	
Sb01g040760.1	-1,81	
Sb01g040820.1	-9,98	
Sb01g040860.1	-3,21	<i>ubiquitin-fold modifier-conjugating enzyme</i>
Sb01g040980.1	-14,52	<i>nuclear transcription factor y subunit c-1</i>
Sb01g040980.2	-23,14	<i>nuclear transcription factor y subunit c-1</i>
Sb01g041020.1	4,66	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g041020 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g041040.1	-1,89	
Sb01g041180.1	∞	
Sb01g041290.1	- ∞	<i>thaumatin-like protein 1 precursor</i>
Sb01g041340.1	3,15	<i>actin depolymerizing factor 5</i>
Sb01g041550.1	4,59	
Sb01g041610.1	2,55	<i>microtubule-associated protein 65-7</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g041650.1	2,04	
Sb01g041700.1	40,74	
Sb01g041880.1	-5,07	
Sb01g041900.1	3,53	<i>cytochrome p450 90b1-like</i>
Sb01g041920.1	-2,04	
Sb01g042040.2	363,54	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase</i>
Sb01g042150.1	-3,57	
Sb01g042200.1	2,7	
Sb01g042450.1	-7,48	<i>glutamine synthetase</i>
Sb01g042550.1	-5,38	
Sb01g042600.1	2,59	<i>3-ketoacyl- synthase</i>
Sb01g042680.1	8,81	<i>heat-shock protein 70t-2</i>
Sb01g042710.1	-1,56	
Sb01g042860.2	2,6	<i>integral membrane protein</i>
Sb01g043100.1	2,1	
Sb01g043180.1	4,18	
Sb01g043400.1	2,41	<i>metal transporter nramp3-like</i>
Sb01g043470.1	-10,95	<i>root phototropism protein</i>
Sb01g043940.1	-2,06	
Sb01g043960.1	-4,31	
Sb01g044010.1	-5,84	
Sb01g044100.1	-3,06	<i>low affinity sulfate transporter 3-like</i>
Sb01g044110.1	-7,91	<i>sulfate bicarbonate oxalate exchanger and transporter sat-1</i>
Sb01g044230.1	-18,51	<i>polyamine oxidase</i>
Sb01g044230.2	-20,32	<i>polyamine oxidase</i>
Sb01g044290.1	126,41	<i>inositol-3-phosphate synthase</i>
Sb01g044290.2	137,48	<i>inositol-3-phosphate synthase</i>
Sb01g044290.3	162,48	<i>inositol-3-phosphate synthase</i>

Anexo F– Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g044340.1	-3,69	<i>protein phosphatase 2c containing expressed</i>
Sb01g044340.2	-3,78	<i>protein phosphatase 2c containing expressed</i>
Sb01g044490.1	6,42	<i>transmembrane protein</i>
Sb01g044820.1	-2,76	
Sb01g044900.1	30,39	
Sb01g044960.1	∞	
Sb01g045110.1	4,79	
Sb01g045130.1	2,57	
Sb01g045210.1	1,91	<i>multicatalytic endopeptidase complex alpha subunit-like</i>
Sb01g045220.1	-2,14	
Sb01g045230.1	-4,61	<i>protein</i>
Sb01g045340.1	-1,75	<i>p-type atpase</i>
Sb01g045410.1	2,37	<i>protein</i>
Sb01g045460.1	-2,48	<i>dag protein</i>
Sb01g045700.1	2,49	<i>kelch motif family protein</i>
Sb01g045700.2	2,67	<i>kelch motif family protein</i>
Sb01g045700.3	2,67	<i>kelch motif family protein</i>
Sb01g045780.1	-1,61	<i>serine threonine-protein kinase expressed</i>
Sb01g045920.2	-3,33	<i>ribulose-phosphate 3- chloroplastic-like</i>
Sb01g045920.3	- ∞	<i>ribulose-phosphate 3-epimerase</i>
Sb01g045940.1	-20,22	
Sb01g045980.1	26,86	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g045980 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g045990.1	9,16	
Sb01g046000.1	∞	<i>embryonic protein dc-8 precursor</i>
Sb01g046150.1	-9,54	<i>abc-type co2+ transport permease component</i>
Sb01g046370.1	24,31	
Sb01g046410.1	8,25	<i>sulfate bicarbonate oxalate exchanger and transporter sat-1</i>
Sb01g046520.1	-2,17	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g046550.1	1,76	<i>yt521-b-like family expressed</i>
Sb01g046550.2	2,06	<i>yt521-b-like family expressed</i>
Sb01g046550.3	1,9	<i>yt521-b-like family expressed</i>
Sb01g046560.1	-13,53	<i>ndh-dependent cyclic electron flow 1</i>
Sb01g046580.2	2,58	<i>phosphoserine aminotransferase</i>
Sb01g046620.1	2,27	<i>abc transporter g family member 22-like</i>
Sb01g046670.1	5,25	<i>thioredoxin-like 1- chloroplastic-like</i>
Sb01g046790.1	3,84	<i>4-coumarate-coa ligase</i>
Sb01g046790.2	3,51	<i>4-coumarate-coa ligase</i>
Sb01g046860.1	27,83	<i>tyramine n-feruloyltransferase 4 11-like</i>
Sb01g046870.1	4,19	
Sb01g047090.1	2,38	
Sb01g047120.1	4,55	
Sb01g047200.1	4,01	<i>denn (aex-3) domain-containing protein</i>
Sb01g047245.1	∞	
Sb01g047500.1	12,58	
Sb01g047510.1	-3,3	
Sb01g047540.1	1,85	<i>carotenoid cleavage dioxygenase 1</i>
Sb01g047680.1	-3,57	
Sb01g047850.1	3,33	<i>aconitate cytoplasmic-like</i>
Sb01g048095.1	∞	
Sb01g048110.1	25,24	
Sb01g048160.1	2,84	
Sb01g048280.2	-1,33	<i>catalase</i>
Sb01g048390.1	-92,68	
Sb01g048430.1	3,68	
Sb01g048470.1	-3,03	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb01g048470.2	-3,08	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb01g048520.1	-1,9	<i>dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1-like</i>
Sb01g048600.1	-8,04	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_01g048600 [Sorghum bicolor]</i>
Sb01g048860.1	18,82	<i>carotenoid hydroxylase</i>
Sb01g048910.1	2,34	
Sb01g049010.1	-2,39	
Sb01g049040.1	-4,53	<i>family expressed</i>
Sb01g049520.1	∞	
Sb01g049570.1	1,81	
Sb01g049850.1	-6,38	
Sb01g049860.1	-2,56	
Sb01g050390.1	-9,58	
Sb01g050580.1	-10,02	<i>hexose carrier protein hex6</i>
Sb01g050580.2	-15,88	<i>hexose carrier protein hex6</i>
Sb01g050670.1	∞	
Sb02g000340.1	-5,39	<i>potassium transporter</i>
Sb02g000550.1	-11,97	<i>oxygen-evolving enhancer protein 3-1</i>
Sb02g000620.1	- ∞	<i>calcineurin-like phosphoesterase domain-containing protein</i>
Sb02g000650.1	- ∞	<i>monosaccharide transporter 3</i>
Sb02g000720.1	-6,34	<i>pyridoxine biosynthesis protein</i>
Sb02g001600.1	-4,83	<i>myb-like dna-binding shaqkyf class family protein</i>
Sb02g001690.1	15,93	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g001690 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g002690.1	-1,61	<i>oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic-like</i>
Sb02g002703.1	-3,34	<i>protein far1-related sequence 6-like</i>
Sb02g002706.2	2,09	<i>seed maturation protein</i>
Sb02g002760.1	-2,28	<i>helix-loop-helix dna-binding domain containing expressed</i>
Sb02g002780.1	-5,16	<i>cadmium-induced protein</i>
Sb02g002830.1	∞	<i>photosystem ii 10 kda chloroplast</i>
Sb02g003010.1	18,74	<i>uncharacterized membrane</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g003050.1	4,36	<i>probable inositol transporter 2-like</i>
Sb02g003120.1	-2,95	<i>glycolate oxidase</i>
Sb02g003120.2	-3,24	<i>glycolate oxidase</i>
Sb02g003120.3	-2,83	<i>glycolate oxidase</i>
Sb02g003420.1	5,13	<i>enhanced downy mildew 2</i>
Sb02g003580.1	-10,41	<i>pepper esterase</i>
Sb02g003870.1	1,58	<i>ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda</i>
Sb02g003915.2	3,63	<i>zinc finger protein</i>
Sb02g004000.1	2,87	<i>shoot1 protein</i>
Sb02g004020.1	-3,42	<i>60s ribosomal protein l15</i>
Sb02g004140.1	-2,57	<i>nuclease harbi1-like</i>
Sb02g004150.1	-3,79	<i>senescence-associated protein</i>
Sb02g004205.1	5,54	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g004205 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g004280.1	-1,6	<i>ribose-5-phosphate isomerase</i>
Sb02g004310.1	- ∞	<i>probable flavin-containing monooxygenase 1-like</i>
Sb02g004360.1	-1,93	<i>eto1-like protein 1-like</i>
Sb02g004390.1	18,5	<i>early light-induced protein</i>
Sb02g004510.1	-4,42	<i>60s ribosomal protein l4</i>
Sb02g004510.2	-7,3	<i>60s ribosomal protein l4</i>
Sb02g004630.1	6,43	
Sb02g004650.1	12,32	<i>xylanase inhibitor protein 1-like</i>
Sb02g004660.1	∞	<i>class iii chitinase homologue (hib3h-a)</i>
Sb02g004720.1	-3,06	<i>40s ribosomal protein s15</i>
Sb02g004800.1	1,78	<i>seed specific protein bn15d14a</i>
Sb02g005170.1	-6,66	<i>protein chloroplastic-like</i>
Sb02g005180.1	55,73	<i>probable glycosyltransferase at5g03795-like</i>
Sb02g005380.1	-12,21	<i>1-deoxy-d-xylulose 5-phosphate synthase</i>
Sb02g005600.1	22,55	<i>atpase expressed</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g005600.2	6,36	<i>atpase expressed</i>
Sb02g006070.1	3,17	
Sb02g006130.1	-7,32	<i>carboxyl-terminal peptidase</i>
Sb02g006290.1	-5,02	<i>cellulose synthase</i>
Sb02g006320.1	21,28	<i>stachyose synthase precursor</i>
Sb02g006420.1	2,4	<i>bzip protein</i>
Sb02g006440.1	-2,34	<i>nudix hydrolase mitochondrial-like</i>
Sb02g006640.1	- ∞	<i>flavonoid 7-o-methyltransferase</i>
Sb02g006930.1	8,28	<i>proton-coupled amino acid transporter 3-like</i>
Sb02g006940.1	-5,86	<i>heavy metal transporter 3</i>
Sb02g006980.1	2,86	<i>phd finger protein</i>
Sb02g007060.1	10,19	<i>chloroplast lumen common protein family-like protein</i>
Sb02g007080.1	-8,06	<i>udp-glycosyltransferase 76f1-like</i>
Sb02g007100.1	20,68	<i>udp-glycosyltransferase 76c2-like</i>
Sb02g007140.1	9,54	<i>udp-glycosyltransferase 76c2-like</i>
Sb02g007280.1	-1,91	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g007280 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g007810.1	-6,84	<i>cellulose synthase</i>
Sb02g007840.1	-1,66	<i>nucleotide binding protein</i>
Sb02g008060.1	-6,21	
Sb02g008070.1	-11,79	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g008070 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g008100.1	-4,12	<i>prli-interacting factor g</i>
Sb02g008890.1	-2,18	<i>truncated nbs-lrr resistance protein</i>
Sb02g009170.1	∞	<i>receptor-type protein kinase lrk1</i>
Sb02g009400.1	3,58	<i>cytochrome p450</i>
Sb02g009810.1	-3,31	<i>60s ribosomal protein l2</i>
Sb02g009870.1	-12,37	<i>granule-bound starch synthase ii</i>
Sb02g009980.1	-2,15	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g009980 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g010020.1	-1,79	<i>at3g24740 k7p8_3</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g010190.1	-7,22	<i>photosystem i reaction center subunit iv a</i>
Sb02g010190.2	-11,75	<i>photosystem i reaction center subunit iv a</i>
Sb02g010210.1	-2,08	<i>histone-lysine n- h3 lysine-9 specific suvh9</i>
Sb02g010220.1	-1,97	<i>protein binding</i>
Sb02g010520.2	-2,15	<i>two-component response regulator arr</i>
Sb02g010780.1	-16,32	<i>plasma membrane integral protein</i>
Sb02g010790.1	-28,95	<i>plasma membrane integral protein</i>
Sb02g010830.1	-6,29	<i>plasma membrane integral protein</i>
Sb02g010990.1	4,37	<i>endo- -beta-xylanase a-like</i>
Sb02g011030.2	-1,97	<i>regulator of chromosome condensation repeat-containing protein</i>
Sb02g011110.1	-3,74	<i>fiber protein fb34</i>
Sb02g011210.1	54,91	<i>undecaprenyl pyrophosphate synthetase</i>
Sb02g011270.1	3,98	
Sb02g011360.2	4,17	<i>serine threonine-protein kinase afc2-like</i>
Sb02g011890.1	4,56	<i>monodehydroascorbate reductase</i>
Sb02g011890.2	∞	<i>monodehydroascorbate reductase</i>
Sb02g011890.3	5,18	<i>monodehydroascorbate reductase</i>
Sb02g011900.1	3,46	<i>aryl-alcohol dehydrogenase -like</i>
Sb02g012310.1	1,99	<i>protein</i>
Sb02g012920.1	- ∞	<i>blue copper protein precursor</i>
Sb02g013010.1	4,8	<i>r2r3-myb transcription factor</i>
Sb02g013190.1	∞	
Sb02g015550.1	2,36	<i>gpi inositol-deacylase</i>
Sb02g016600.1	-3,37	<i>polyphosphoinositide binding protein ssh1p</i>
Sb02g017220.1	6,82	
Sb02g017220.2	10,54	
Sb02g017910.1	-1,87	<i>poly -binding protein</i>
Sb02g017910.2	-1,97	<i>poly -binding protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g019590.1	5,11	<i>chaperone type 2</i>
Sb02g020340.1	-1,54	<i>ubiquitin-conjugating enzyme family protein</i>
Sb02g020760.1	10,5	<i>ocs element-binding factor 1</i>
Sb02g021040.1	-2,07	<i>integral membrane protein</i>
Sb02g021150.1	-3,2	
Sb02g021200.1	- ∞	<i>pdr-like abc transporter</i>
Sb02g022090.1	19,69	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb02g022250.1	17,05	
Sb02g022260.1	-7,95	<i>arbutin synthase-like</i>
Sb02g022290.1	-21,66	<i>wrky74 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains</i>
Sb02g022360.1	2,43	<i>cysteine desulfurase</i>
Sb02g022420.1	4,76	<i>desaturase cytochrome b5 protein</i>
Sb02g022510.1	3,32	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g022510 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g022520.1	- ∞	<i>ring u-box domain-containing protein</i>
Sb02g022910.1	-2,03	<i>voltage-dependent anion channel</i>
Sb02g022970.1	-2,16	
Sb02g023230.1	4,78	<i>dre binding factor 2</i>
Sb02g023340.1	2,65	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>
Sb02g023440.1	-2,52	
Sb02g023440.2	-2,9	
Sb02g023610.1	6,85	<i>probable -trehalose-phosphate synthase</i>
Sb02g023630.1	∞	<i>u-box domain-containing protein 19-like</i>
Sb02g023720.1	3,57	<i>nucleobase-ascorbate transporter 6-like</i>
Sb02g023770.1	-3,68	<i>cytochrome p450</i>
Sb02g024000.1	1,63	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g024000 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g024140.1	5,6	
Sb02g024220.1	-14,17	<i>cinnamyl alcohol dehydrogenase</i>
Sb02g024300.1	-13,09	<i>fyve finger-containing phosphoinositide</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g024470.1	-2,43	<i>nadh dehydrogenase subunit</i>
Sb02g024510.1	-4,15	<i>ribulose- biphosphate carboxylase oxygenase large subunit n- chloroplast</i>
Sb02g024610.1	-2,34	<i>60s ribosomal protein l34</i>
Sb02g024620.1	- ∞	<i>60s ribosomal protein</i>
Sb02g024670.1	12,54	<i>probable methyltransferase pmt2-like</i>
Sb02g024690.1	-2,19	<i>hexose transporter</i>
Sb02g024760.1	- ∞	<i>protein</i>
Sb02g024770.1	16,22	<i>cipk-like protein 1</i>
Sb02g024780.1	17,11	<i>protein</i>
Sb02g024880.1	-1,78	<i>polyubiquitin 2</i>
Sb02g025010.1	3,57	<i>anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>
Sb02g025040.1	-7,97	<i>leucine-rich repeat receptor-like serine threonine-protein kinase at2g24130-like</i>
Sb02g025077.1	-4,39	<i>tsi1-interacting protein tsip1</i>
Sb02g025110.1	8,44	<i>s-adenosylmethionine decarboxylase</i>
Sb02g025230.1	15,86	<i>glossy1 protein</i>
Sb02g025470.1	-3,37	
Sb02g025640.1	3,83	
Sb02g025680.1	3,85	<i>choline ethanolamine kinase</i>
Sb02g025740.2	-3,88	<i>chlorophyll a b-binding protein type ii</i>
Sb02g025790.1	19,59	<i>aldehyde dehydrogenase family 7 member a1</i>
Sb02g025810.1	∞	<i>subtilisin-like protease</i>
Sb02g025840.1	-174,19	<i>elicitor-inducible cytochrome p450</i>
Sb02g025850.1	-16,13	<i>elicitor-inducible cytochrome p450</i>
Sb02g025910.1	4,23	<i>avr9 cf-9 rapidly elicited protein</i>
Sb02g025920.1	-6,82	<i>cysteine protease</i>
Sb02g026260.1	-3,53	<i>microtubule-associated protein 65-7</i>
Sb02g026360.1	∞	<i>avr9 elicitor response protein</i>
Sb02g026450.1	-2,63	<i>rhomboid-like protein 10</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g026600.1	1,92	<i>cytochrome p450</i>
Sb02g026610.1	6,25	<i>alpha-amylase isozyme 3e precursor</i>
Sb02g026790.2	-6,25	<i>gibberellin receptor gid1l2</i>
Sb02g026930.1	7,43	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb02g026930.2	6,81	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb02g026930.3	8,31	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb02g027050.1	-2,46	
Sb02g027080.1	6,71	<i>glutathione s-transferase</i>
Sb02g027290.1	-4,14	<i>plastidic general dicarboxylate transporter</i>
Sb02g027470.1	6,46	<i>duf246 domain-containing protein at1g04910-like</i>
Sb02g027570.1	-2,89	<i>cellulose synthase-like protein e6-like</i>
Sb02g027900.1	-3,95	<i>photosystem i reaction center subunit v</i>
Sb02g027950.1	2,25	<i>probable wrky transcription factor 2-like</i>
Sb02g027970.1	-2,25	
Sb02g028210.1	5,2	<i>tonoplast dicarboxylate transporter</i>
Sb02g028310.1	-2,71	<i>eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c-like</i>
Sb02g028400.1	-17,8	<i>beta-glucosidase isozyme 2 precursor</i>
Sb02g028460.1	3,79	<i>myb-related protein</i>
Sb02g028500.1	12,51	<i>at-hook protein 1</i>
Sb02g028570.1	2,29	<i>heat shock 70 kda mitochondrial-like</i>
Sb02g028580.1	∞	<i>protein</i>
Sb02g029040.1	-3,93	<i>bhlh transcription factor</i>
Sb02g029240.1	-2,09	<i>uridine kinase-like protein chloroplastic-like</i>
Sb02g029400.1	-3,17	<i>60s ribosomal protein l7a</i>
Sb02g029500.1	∞	<i>acyltransferase-like protein chloroplastic-like</i>
Sb02g029660.1	3,46	<i>snrk1-interacting protein 1</i>
Sb02g029710.1	12,42	<i>phosphatidylcholine-sterol o-</i>
Sb02g029725.1	-7,52	<i>flowering locus t</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g029730.3	15,31	<i>protein kinase pti1</i>
Sb02g029940.1	-19,17	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g029940 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g030030.1	- ∞	<i>udp-glucose:salicylic acid glucosyltransferase</i>
Sb02g030060.1	14,31	<i>udp-glucose:salicylic acid glucosyltransferase</i>
Sb02g030180.1	5,32	
Sb02g030550.1	-15,5	<i>senescence-associated protein din1</i>
Sb02g030620.1	-2,51	<i>6-phosphogluconolactonase</i>
Sb02g030640.1	-84,78	<i>cytochrome p450</i>
Sb02g030660.1	5,29	<i>homeobox-leucine zipper protein athb-7</i>
Sb02g030690.1	2,94	<i>protein</i>
Sb02g030720.1	-29,51	<i>cytochrome p450</i>
Sb02g030830.1	13,03	<i>senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1</i>
Sb02g030890.1	-3,41	<i>protein</i>
Sb02g031030.1	-2,65	<i>triosephosphate isomerase</i>
Sb02g031040.1	-3,71	<i>rrna-processing protein utp23 homolog</i>
Sb02g031160.1	-39,8	<i>rnase s-like protein precursor</i>
Sb02g031170.1	-6,13	<i>rnase s-like protein precursor</i>
Sb02g031220.1	2,64	<i>calcium lipid binding</i>
Sb02g031440.1	6,41	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g031440 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g031460.1	12,31	<i>aspartic proteinase-like protein 1-like</i>
Sb02g031500.1	∞	<i>ring-h2 finger protein atl2b</i>
Sb02g031970.1	-1,91	
Sb02g032300.1	-4,09	<i>plastid movement impaired1</i>
Sb02g032370.1	14,28	<i>phytoene synthase</i>
Sb02g032530.1	2,06	<i>transmembrane 9 superfamily member 4-like</i>
Sb02g032790.2	-4,39	<i>molybdenum cofactor sulfurase</i>
Sb02g032815.1	-20,38	<i>thylakoid membrane phosphoprotein</i>
Sb02g032870.1	20,64	<i>kinesin like protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g033170.1	2,02	<i>carboxypeptidase c cbp31</i>
Sb02g033370.1	-2,58	
Sb02g033400.1	4,43	<i>diphosphonucleotide phosphatase expressed</i>
Sb02g033430.1	3,08	<i>beta-ureidopropionase</i>
Sb02g033540.1	2,08	<i>uncharacterized rho gtpase-activating protein</i>
Sb02g033710.1	-1,42	<i>nucleoside diphosphate kinase</i>
Sb02g033780.1	6,69	<i>protein binding protein</i>
Sb02g034060.1	10,83	
Sb02g034070.1	- ∞	<i>protein</i>
Sb02g034140.1	-2,64	<i>anthocyanidin 3-o-glucosyltransferase</i>
Sb02g034200.1	2,02	<i>protein</i>
Sb02g034490.1	-2,94	<i>protein</i>
Sb02g034490.2	-3,47	<i>protein</i>
Sb02g034490.3	-3,07	<i>cathepsin b</i>
Sb02g034570.1	-3,45	<i>atp synthase gamma chain</i>
Sb02g034570.2	-2,87	<i>atp synthase gamma chain</i>
Sb02g034590.1	4,32	<i>aconitate hydratase 2</i>
Sb02g034650.3	-2,16	<i>rnp-1 like rna-binding protein</i>
Sb02g034900.1	-3,2	
Sb02g034980.1	-28,51	<i>glucose-6-phosphate translocator</i>
Sb02g035150.1	∞	<i>isocitrate lyase</i>
Sb02g035190.1	-1,43	<i>pyruvate orthophosphate dikinase regulatory protein</i>
Sb02g035200.2	-4,94	<i>pyruvate orthophosphate dikinase regulatory protein</i>
Sb02g035590.1	-7,76	<i>beta-amylase</i>
Sb02g035600.3	-7,41	<i>beta-amylase</i>
Sb02g035610.1	-9,85	<i>oxygen-evolving enhancer protein 3-1</i>
Sb02g035880.1	1,87	<i>vacuolar atpase subunit h protein</i>
Sb02g036030.1	-10,41	<i>probable mixed-linked glucan synthase 3-like</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g036080.1	2,1	<i>plac8 family protein</i>
Sb02g036260.1	-6,97	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>
Sb02g036270.1	4,36	<i>protein thylakoid chloroplastic-like</i>
Sb02g036310.1	-2,48	<i>sugar carrier protein c-like</i>
Sb02g036340.1	∞	<i>protein</i>
Sb02g036360.1	∞	<i>f-box domain containing protein</i>
Sb02g036380.1	-2,41	<i>chlorophyll a-b binding protein of lhci type iii</i>
Sb02g036420.1	-2,75	<i>elongation factor 1-</i>
Sb02g036560.1	-4,1	<i>peptidyl-prolycis-trans isomerase protein</i>
Sb02g036610.1	-3,72	<i>probable protein phosphatase 2c 52-like</i>
Sb02g036750.1	∞	<i>floral organ regulator partial</i>
Sb02g037160.1	3,18	<i>root border cell-specific protein</i>
Sb02g037260.1	-1,72	<i>alpha-tubulin</i>
Sb02g037370.1	-4,61	<i>homogentisate solanesyltransferase</i>
Sb02g037410.1	-4,82	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>
Sb02g037410.2	-4,9	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>
Sb02g037410.3	-5,76	<i>chlorophyll a-b binding protein</i>
Sb02g037580.1	73,01	<i>polyol transporter 5-like</i>
Sb02g037680.1	11,46	<i>btb poz domain-containing protein at5g48130-like</i>
Sb02g037690.1	-1,99	<i>heterogeneous nuclear ribonucleoprotein</i>
Sb02g037900.1	-1,95	<i>protein</i>
Sb02g038250.1	-2,3	<i>ribosome-inactivating protein</i>
Sb02g038330.1	-2,6	
Sb02g038410.1	-2,22	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>
Sb02g038420.2	12,4	<i>rna-binding protein 42-like</i>
Sb02g038580.1	10,6	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_02g038580 [Sorghum bicolor]</i>
Sb02g038620.1	3,26	<i>ninja-family protein afp3</i>
Sb02g038710.1	3,7	<i>probable 6-phosphogluconolactonase 2-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g038740.1	15,24	<i>cobra-like protein 4</i>
Sb02g038800.1	- ∞	
Sb02g038810.1	-24,09	
Sb02g038870.1	2,09	<i>nuclear transcription factor y subunit b-3</i>
Sb02g038930.1	1,75	
Sb02g038940.1	-4,57	<i>protein</i>
Sb02g039090.1	-3,86	<i>60s ribosomal protein l27a-3</i>
Sb02g039230.1	-3,66	<i>beta-ketoacyl-acy synthase</i>
Sb02g039240.1	-4,43	<i>aldolase-type tim barrel family protein</i>
Sb02g039300.1	-2,8	<i>ereb-like protein</i>
Sb02g039370.1	16,61	<i>leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 2</i>
Sb02g040140.1	5,1	<i>amelogenin precursor like protein</i>
Sb02g040290.1	2,09	<i>transmembrane emp24 domain-containing protein 10 precursor</i>
Sb02g040300.1	-3,58	<i>dual specificity protein kinase pyk1-like</i>
Sb02g040350.1	10,38	<i>splicing arginine serine-rich 4</i>
Sb02g040390.1	-2,46	<i>calcium ion binding protein</i>
Sb02g040580.1	2,4	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 1</i>
Sb02g040610.1	-1,89	<i>pyruvate dehydrogenase</i>
Sb02g040920.1	-3,12	<i>disease resistance protein rpp13-like</i>
Sb02g041120.1	2,02	<i>cytochrome p450</i>
Sb02g041150.1	-4,01	<i>gpi-anchored glycoprotein membrane precursor</i>
Sb02g041400.1	∞	
Sb02g041590.1	3,51	<i>structural constituent of ribosome</i>
Sb02g041600.1	-1,92	<i>methyltransferase-like protein 13-like</i>
Sb02g041610.1	10,07	<i>serine carboxypeptidase 1 precursor</i>
Sb02g041920.1	-2,02	<i>protein brittle- chloroplastic amyloplastic-like</i>
Sb02g041940.1	1,79	<i>protein</i>
Sb02g042010.1	2,84	<i>rna-binding protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb02g042070.1	2,49	<i>tyrosine-specific transport</i>
Sb02g042100.1	-2,52	<i>4-alpha-glucanotransferase</i>
Sb02g042120.1	∞	<i>sex determination protein tasselseed 2</i>
Sb02g042310.1	3,42	<i>lipase precursor</i>
Sb02g042320.1	5,26	<i>serine threonine-protein kinase pbs1-like</i>
Sb02g042440.1	-1,63	<i>morc family cw-type zinc finger protein</i>
Sb02g042680.1	-7,06	<i>ultraviolet-b-repressible protein</i>
Sb02g042730.1	-6,25	<i>pollen ole e 1 allergen and extensin family protein</i>
Sb02g042920.1	7,55	<i>serine-threonine kinase</i>
Sb02g043000.1	-2,51	<i>b3 domain-containing protein os07g0679700-like</i>
Sb02g043210.1	1663,82	<i>nac domain transcription expressed</i>
Sb02g043220.1	17,54	
Sb02g043230.1	-2,61	
Sb02g043270.1	39,17	<i>nac transcription factor</i>
Sb02g043280.2	4,74	<i>thioredoxin-like 1- chloroplastic-like</i>
Sb02g043320.1	6,87	<i>two-component response regulator arr18</i>
Sb02g043895.1	-4,69	<i>protein</i>
Sb02g043980.1	9,29	<i>omega-3 fatty acid desaturase</i>
Sb02g044010.1	2,56	<i>phosphoinositide-specific phospholipase c</i>
Sb0343s002010.1	4,56	<i>probable receptor protein kinase tmk1-like</i>
Sb03g000350.1	-4,55	<i>leucine-rich repeat receptor-like protein kinase</i>
Sb03g000370.1	-2,82	<i>triose phosphate phosphate translocator</i>
Sb03g000490.1	-3,29	<i>protein nlp6-like</i>
Sb03g000530.1	-3,21	<i>auxin response factor 9-like</i>
Sb03g000670.2	5,84	<i>probable ubiquitin-conjugating enzyme e2 25-like</i>
Sb03g000700.1	4,41	<i>drepp4 protein</i>
Sb03g000700.2	3,68	<i>drepp4 protein</i>
Sb03g001070.1	∞	<i>cytochrome p450 71a1</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g001100.1	7,27	<i>chlorophyll b reductase</i>
Sb03g001130.1	21,63	<i>p-loop containing nucleoside triphosphate hydrolase-like protein</i>
Sb03g001160.1	1,59	
Sb03g001170.1	∞	<i>late embryogenesis abundant protein lea14-a</i>
Sb03g001210.1	-2,81	<i>tic22-like family protein</i>
Sb03g001250.1	46,8	<i>mitochondrial carnitine acylcarnitine carrier protein cacl-like</i>
Sb03g001290.1	4,57	<i>40s ribosomal protein s15a</i>
Sb03g001440.1	-1,59	<i>ethylene-insensitive protein 2-like</i>
Sb03g001890.1	41,12	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g001890 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g001940.1	15,8	<i>transcription factor pcf5</i>
Sb03g002020.1	5,21	<i>sodium calcium exchanger family protein</i>
Sb03g002020.2	4,84	<i>sodium calcium exchanger family protein</i>
Sb03g002220.1	-4,51	<i>protein scar3-like</i>
Sb03g002580.1	-3,34	<i>protein kinase</i>
Sb03g002660.1	16,12	<i>class iii hd-zip protein 8</i>
Sb03g003100.1	5,68	<i>mcb2 protein</i>
Sb03g003210.1	10,91	<i>clavaminase synthase-like protein</i>
Sb03g003220.1	2,55	<i>nadp-dependent malic enzyme</i>
Sb03g003230.1	-2,56	<i>nadp-dependent malic enzyme</i>
Sb03g003530.1	∞	<i>heat-shock protein</i>
Sb03g003550.1	8,46	<i>desacetoxyvindoline 4-</i>
Sb03g003630.1	∞	<i>choline ethanolamine kinase</i>
Sb03g003760.1	-25,54	<i>udp-glycosyltransferase 75d1-like</i>
Sb03g003810.1	2,79	<i>bri1-kd interacting protein 128</i>
Sb03g003880.1	8,24	<i>integral membrane single c2 domain protein</i>
Sb03g004150.1	-3,35	<i>protein</i>
Sb03g004180.1	4,68	<i>boron transporter</i>
Sb03g004320.1	-1,88	<i>cellulose synthase</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g004390.1	3,84	<i>phospholipase d</i>
Sb03g004390.2	3,7	<i>phospholipase d</i>
Sb03g004430.1	3,93	<i>phosphoenolpyruvate phosphate translocator chloroplastic-like</i>
Sb03g004540.1	3,05	<i>stachyose synthase</i>
Sb03g004560.1	-3,66	<i>photosystem i reaction center subunit xi</i>
Sb03g004726.1	-6,64	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g004726 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g004730.1	-2,68	<i>ultraviolet-b-repressible protein</i>
Sb03g004800.1	2,06	<i>uncharacterized kda</i>
Sb03g004970.1	7,7	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g004970 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g005090.1	3,73	<i>verticillium wilt disease resistance protein</i>
Sb03g005240.1	11,82	<i>pyruvate decarboxylase</i>
Sb03g005840.1	-7,9	<i>anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>
Sb03g005890.1	-2,45	<i>regulator of ribonuclease activity a</i>
Sb03g005990.1	5,87	<i>protein</i>
Sb03g006070.1	-1,66	<i>synaptic glycoprotein sc2</i>
Sb03g006290.1	3,86	<i>acyltransferase (kd)</i>
Sb03g006340.1	-3,98	<i>mitochondrial glycoprotein</i>
Sb03g006610.1	-3,85	<i>60s ribosomal protein l26-1</i>
Sb03g006850.1	2,84	<i>wak1 - receptor-like cytoplasmic kinase (-rlck) precursor</i>
Sb03g006870.1	263,95	<i>kda class i heat shock protein 1</i>
Sb03g006880.1	28,28	<i>kda class i heat shock protein 1</i>
Sb03g006890.1	∞	<i>heat shock protein 17</i>
Sb03g006915.1	- ∞	<i>protein</i>
Sb03g007010.1	-3,07	<i>delta-7-sterol-c5</i>
Sb03g007080.1	2,95	<i>hexose transporter</i>
Sb03g007080.3	2,85	<i>hexose transporter</i>
Sb03g007080.4	3,1	<i>hexose transporter</i>
Sb03g007170.1	∞	<i>wound-induced serine protease inhibitor</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g007200.1	-2,59	<i>protein</i>
Sb03g007230.1	-10,96	<i>alpha-xylosidase precursor</i>
Sb03g007300.1	-2,01	
Sb03g007310.1	2,42	<i>protein</i>
Sb03g007330.1	25,47	<i>nuclease pa3</i>
Sb03g007330.2	13,92	<i>nuclease pa3</i>
Sb03g007330.3	25,41	<i>nuclease s1-like</i>
Sb03g007420.1	∞	<i>bowman-birk type wound-induced proteinase inhibitor wip1 precursor</i>
Sb03g007700.1	-3,04	<i>histone h2b</i>
Sb03g007870.1	-2,23	<i>pap fibrillin domain containing</i>
Sb03g008020.1	-6,76	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g008020 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g008050.1	3,39	<i>fructose-bisphosphate aldolase</i>
Sb03g008110.1	-5,09	<i>probable receptor-like protein kinase at1g67000-like</i>
Sb03g008200.1	2,99	<i>u-box domain-containing protein 4-like</i>
Sb03g008760.1	-2,5	<i>isoflavone reductase irl</i>
Sb03g008950.1	-12,17	
Sb03g009170.1	3,5	<i>sphingosine-1-phosphate lyase</i>
Sb03g009210.1	-3,36	<i>40s ribosomal protein s5</i>
Sb03g009210.2	-3,55	<i>40s ribosomal protein s5</i>
Sb03g009270.1	-2,64	<i>2-alkenal reductase</i>
Sb03g009290.1	-2,65	<i>pyrimidine-specific ribonucleoside hydrolase riha</i>
Sb03g009490.1	-2,48	<i>t-complex protein 1 subunit beta</i>
Sb03g009580.1	-1,55	<i>glycogen synthase kinase-3 -3</i>
Sb03g010090.1	1,68	<i>transcription factor pur-alpha 1</i>
Sb03g010120.1	1,95	<i>c3h2c3 ring-finger protein</i>
Sb03g010680.1	3,21	<i>ubiquitin-associated ts-n domain-containing protein</i>
Sb03g010820.1	-8,32	<i>protein</i>
Sb03g011030.1	-7,64	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g011270.1	-1,93	<i>magnesium-protoporphyrin ix monomethyl ester</i>
Sb03g011310.1	-2,68	<i>50s ribosomal protein l40</i>
Sb03g011370.1	-1,87	<i>probable anion transporter chloroplastic-like</i>
Sb03g011420.1	-2,8	<i>f-box protein at2g32560-like</i>
Sb03g011670.1	-9,1	<i>protoporphyrinogen oxidase</i>
Sb03g011860.1	-4,7	<i>multidrug pheromone mdr abc transporter family</i>
Sb03g011900.1	-6,29	<i>plant if-like protein</i>
Sb03g011930.1	-2,59	<i>s-adenosylmethionine synthetase</i>
Sb03g012500.1	∞	<i>stress-inducible membrane pore protein</i>
Sb03g012500.2	∞	<i>stress-inducible membrane pore protein</i>
Sb03g012510.1	25,6	<i>zinc finger</i>
Sb03g012780.1	-2,81	<i>cytomatrix protein</i>
Sb03g012910.1	8,79	<i>lipamide acyltransferase component of branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase mitochondrial-like</i>
Sb03g012950.1	14,16	<i>late embryogenesis abundant protein</i>
Sb03g013030.1	-3,03	
Sb03g013260.1	-3,9	<i>40s ribosomal protein s27a</i>
Sb03g013290.1	2,42	<i>dihydrolipoamide dehydrogenase precursor</i>
Sb03g013510.1	-4,26	<i>disease resistance protein rpm1-like</i>
Sb03g013700.2	-11,51	<i>gata transcription factor 16-like</i>
Sb03g013750.1	6,38	
Sb03g013780.1	6,17	<i>protein</i>
Sb03g014130.1	-1,52	<i>abc transporter c family member 4-like</i>
Sb03g014370.1	-2,03	<i>tetratricopeptide repeat -containing protein</i>
Sb03g014690.1	2,68	<i>acyltransferase-like protein chloroplastic-like</i>
Sb03g015670.1	1,81	
Sb03g020160.1	-30,72	<i>photosystem ii 47 kda protein</i>
Sb03g020182.1	1,95	<i>ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit</i>
Sb03g020200.1	-3,28	<i>nadh-plastoquinone oxidoreductase subunit k</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g020210.1	-1,86	<i>nadh-plastoquinone oxidoreductase subunit 3</i>
Sb03g021040.1	151,89	<i>methylsterol monooxygenase ddb_g0269788-like</i>
Sb03g023131.1	-8,01	<i>very-long-chain fatty acid condensing enzyme cut1</i>
Sb03g024820.1	5,03	<i>ca2+ antiporter cation exchanger</i>
Sb03g024850.1	6,33	<i>nitrate transporter</i>
Sb03g024890.1	9,66	<i>racemase and acting on amino acids and</i>
Sb03g025100.1	-2,37	<i>protein phosphatase 2c 57</i>
Sb03g025190.1	2,09	<i>probable anion transporter chloroplastic-like</i>
Sb03g025210.1	-2,94	<i>glutathione s-transferase gstu6</i>
Sb03g025240.1	-1,93	<i>dead-box atp-dependent rna helicase 14</i>
Sb03g025333.1	3,2	
Sb03g025570.1	- ∞	<i>bhlh transcription-like</i>
Sb03g025930.2	10,02	<i>calcineurin b-like protein 10</i>
Sb03g026020.1	-5,96	<i>lycopene epsilon-cyclase</i>
Sb03g026070.1	6,02	<i>protein phosphatase 2c abi2</i>
Sb03g026110.1	-2,21	<i>myosin xi-k</i>
Sb03g026270.1	5,41	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>
Sb03g027030.1	- ∞	<i>protein</i>
Sb03g027040.1	-8,39	<i>chlorophyll a-b binding protein 2</i>
Sb03g027100.1	-2,91	<i>dual-specific kinase dsk1-like</i>
Sb03g027120.1	-22,58	<i>mcb2 protein</i>
Sb03g027170.1	- ∞	<i>calcium-binding protein cml15</i>
Sb03g027770.1	2,29	<i>alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>
Sb03g028060.1	-2,25	<i>auxin-induced protein pcnt115</i>
Sb03g028080.1	-4,22	<i>phosphoglucomutase</i>
Sb03g028120.1	-1,85	<i>atp-dependent zinc metalloprotease ftsl chloroplastic mitochondrial-like</i>
Sb03g028240.1	-2,57	<i>gh3 family protein</i>
Sb03g028290.1	1,8	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g028340.1	-4,41	<i>calcium-dependent protein kinase</i>
Sb03g028460.1	-4,75	<i>kinesin-like protein kif2a-like</i>
Sb03g028550.1	17,51	<i>transcription factor bhlh144</i>
Sb03g028690.1	-3,7	<i>cytochrome p450</i>
Sb03g028870.1	37,18	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>
Sb03g029170.1	-3,71	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb03g029170.2	-4,2	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb03g029170.3	-4,36	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb03g029180.1	2,4	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb03g029180.2	2,3	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb03g029180.3	2,58	<i>carbonic anhydrase</i>
Sb03g029260.1	-2,19	<i>rna polymerase sigma factor-like</i>
Sb03g029270.1	2,69	<i>probable mitochondrial chaperone bcs1-b-like</i>
Sb03g029280.1	19,83	<i>probable isoprenylcysteine alpha-carbonyl methylesterase icme-like</i>
Sb03g029290.1	-1,52	
Sb03g029370.1	5,53	
Sb03g029390.1	∞	
Sb03g029490.1	-4,61	<i>plastidic atp adp transporter</i>
Sb03g029740.1	2,65	<i>leaf senescence</i>
Sb03g029830.1	∞	<i>seed maturation protein pm41</i>
Sb03g029840.1	4,56	<i>nadp-specific isocitrate dehydrogenase</i>
Sb03g029840.2	5,02	<i>nadp-specific isocitrate dehydrogenase</i>
Sb03g029880.1	2,79	<i>long chain acyl- synthetase 4-like</i>
Sb03g029930.1	-4,89	<i>kinesin k39</i>
Sb03g030010.1	3,57	<i>ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda 9</i>
Sb03g030050.1	98,23	<i>g-box binding factor 3</i>
Sb03g030050.2	160,2	<i>g-box binding factor 1</i>
Sb03g030060.1	2,59	<i>vacuolar atp synthase subunit</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g030100.1	-3,13	<i>acidic endochitinase</i>
Sb03g030290.1	- ∞	<i>plastid-specific ribosomal protein 6</i>
Sb03g030430.1	2,91	<i>translation initiation factor eif-3 subunit 7</i>
Sb03g030570.1	2,23	<i>protein</i>
Sb03g030600.1	-3,67	<i>60s ribosomal protein l18a</i>
Sb03g030860.1	-6,2	<i>atp synthase protein i</i>
Sb03g030910.1	-1,44	
Sb03g031190.1	-1,78	
Sb03g031310.1	-4,65	<i>glutamate synthase 1</i>
Sb03g031390.1	∞	<i>protein</i>
Sb03g031630.1	-2,72	<i>abhydrolase domain-containing protein fam108c1-like</i>
Sb03g031940.1	-9,99	<i>phosphoethanolamine n-methyltransferase</i>
Sb03g031950.1	13,15	<i>phosphoethanolamine n-methyltransferase</i>
Sb03g031990.1	-3,78	<i>abc transporter b family member 11-like</i>
Sb03g032000.1	-4,6	<i>abc transporter b family member 11-like</i>
Sb03g032020.1	-5,74	<i>outward rectifying potassium channel</i>
Sb03g032570.1	7,03	<i>lysine decarboxylase-like protein</i>
Sb03g032700.1	5,22	<i>green ripe-like 1</i>
Sb03g032720.1	3,53	<i>cytidine deaminase</i>
Sb03g032990.1	-3,11	<i>brassinosteroid-insensitive 1</i>
Sb03g033090.1	1,99	<i>nadh dehydrogenase</i>
Sb03g033100.1	-12,12	<i>phosphatase phospho1</i>
Sb03g033120.1	∞	<i>serine acetyltransferase</i>
Sb03g033290.1	-3,3	<i>abc transporter b family member 8-like</i>
Sb03g033330.1	4,41	<i>e3 ubiquitin-protein ligase herc2-like</i>
Sb03g033600.1	-7,25	<i>chaperone protein dnaj</i>
Sb03g033650.1	-5,1	<i>peroxisomal membrane protein 2</i>
Sb03g033680.1	10,71	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g033750.1	- ∞	<i>heat shock factor protein hsf30</i>
Sb03g033760.1	3,3	<i>burp domain-containing protein</i>
Sb03g033810.1	2,69	<i>anthocyanidin -o-glucosyltransferase-like</i>
Sb03g033880.1	51,38	<i>protein</i>
Sb03g034050.1	17,65	<i>clathrin interactor epsin 1-like isoform 1</i>
Sb03g034100.1	- ∞	<i>glucan endo- -beta-glucosidase</i>
Sb03g034110.1	∞	<i>profilin a</i>
Sb03g034170.1	5,77	<i>auxin-responsive aux iaa family protein</i>
Sb03g034170.2	8,55	<i>auxin-responsive aux iaa family protein</i>
Sb03g034170.3	7,74	<i>auxin-responsive aux iaa family protein</i>
Sb03g034280.1	∞	<i>nadp-malic enzyme</i>
Sb03g034420.1	4,86	<i>(1-4)-beta-mannan endohydrolase</i>
Sb03g034490.1	-2,73	<i>dna-binding wrky</i>
Sb03g034930.1	-2,77	<i>ring-h2 finger protein atl2k</i>
Sb03g035000.1	∞	<i>gibberellin 2-oxidase</i>
Sb03g035020.1	5,58	<i>calcyclin-binding protein</i>
Sb03g035235.1	2,12	<i>protein</i>
Sb03g035280.1	2,23	<i>triacylglycerol lipase sdpl-like</i>
Sb03g035670.1	-2,81	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase 5</i>
Sb03g035670.2	-2,83	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase 5</i>
Sb03g035690.1	3,66	<i>protein</i>
Sb03g035720.1	-1,96	<i>npr1-like protein</i>
Sb03g035780.1	4,74	<i>plastid transcriptionally active 12</i>
Sb03g035790.1	7,89	<i>o-acyltransferase wsd1-like</i>
Sb03g035880.1	5,82	<i>mal d 1-associated protein</i>
Sb03g036090.1	-3,54	<i>photosystem ii reaction center w protein</i>
Sb03g036120.2	-2,85	<i>zinc knuckle (cchc-type) family protein</i>
Sb03g036160.1	∞	<i>cytokinin oxidase</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g036170.1	6,46	<i>myrosinase-binding protein</i>
Sb03g036470.1	-1,58	<i>probable 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase 5-like</i>
Sb03g036550.1	-2,42	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein at1g09900-like</i>
Sb03g036650.1	-6,52	<i>receptor-like protein kinase ark1</i>
Sb03g036750.1	-1,56	<i>protein</i>
Sb03g036840.1	-5,48	<i>partner of nob1</i>
Sb03g036980.1	574,37	<i>probable nucleoredoxin 2-like</i>
Sb03g037040.1	2,83	<i>3-hydroxybutyryl- dehydrogenase</i>
Sb03g037380.1	9,32	<i>cytochrome p450</i>
Sb03g037400.1	-2,57	<i>50s ribosomal protein l34</i>
Sb03g037450.1	-8,23	<i>indole-3-acetate beta-glucosyltransferase</i>
Sb03g037680.1	-2,09	<i>transcription factor</i>
Sb03g037780.1	-1,59	<i>beta-glucosidase 5-like isoform 1</i>
Sb03g037980.1	-7,6	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g037980 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g038020.1	-5,71	<i>#NOME?</i>
Sb03g038420.1	-4,6	<i>nodulin-like protein</i>
Sb03g038470.1	8,68	<i>amino acid</i>
Sb03g038490.1	-2,04	<i>retrotransposon expressed</i>
Sb03g038530.1	-2,95	<i>chloroplast lumen common protein family</i>
Sb03g038550.1	33,4	<i>l-ascorbate oxidase precursor</i>
Sb03g038570.1	-3,69	<i>exocyst complex component 7-like</i>
Sb03g038580.1	-2,85	<i>leucine zipper</i>
Sb03g038740.1	2,1	<i>upf0051 protein chloroplastic-like</i>
Sb03g039010.1	-3,63	<i>40s ribosomal protein s23</i>
Sb03g039050.1	-7,02	<i>respiratory burst oxidase homolog protein h-like</i>
Sb03g039070.1	-3,16	<i>kinase interacting family protein</i>
Sb03g039370.1	5,74	<i>slt1 protein</i>
Sb03g039430.1	14,66	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g039530.1	∞	<i>l-ascorbate oxidase precursor</i>
Sb03g039570.1	∞	<i>protein</i>
Sb03g039630.1	5,59	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb03g039710.1	25,63	<i>probable e3 ubiquitin-protein ligase herc1-like</i>
Sb03g039740.1	5,89	<i>gdp-mannose pyrophosphorylase</i>
Sb03g039820.2	130,4	<i>delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase</i>
Sb03g039880.1	26,84	<i>bifunctional inhibitor lipid-transfer protein seed storage 2s albumin-like protein</i>
Sb03g039900.1	8,48	<i>protein</i>
Sb03g039920.1	5,73	
Sb03g040010.1	-5,14	<i>fructokinase-like protein 1</i>
Sb03g040020.1	2,2	<i>duf246 domain-containing protein at1g04910-like</i>
Sb03g040100.1	-2,53	<i>sedoheptulose- -bisphosphatase</i>
Sb03g040150.1	2,77	<i>coronatine-insensitive protein 1</i>
Sb03g040270.1	-18,98	<i>protein</i>
Sb03g040480.1	-2,77	<i>sialyltransferase-like protein</i>
Sb03g040500.1	∞	<i>catalytic hydrolase</i>
Sb03g040550.1	-6,7	<i>60s ribosomal protein l10a-1-like</i>
Sb03g040550.2	-3,79	<i>60s ribosomal protein l10a-1-like</i>
Sb03g040690.1	-3,9	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g040690 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g040810.1	6,26	<i>urate oxidase</i>
Sb03g040810.2	- ∞	<i>urate oxidase</i>
Sb03g040880.1	1,46	<i>act7_orysi ame: full=actin-7</i>
Sb03g040900.1	-5,76	<i>fructose- -bisphosphatase</i>
Sb03g040970.1	28,21	<i>g-box-binding factor 4</i>
Sb03g040990.1	1,74	<i>protein yipf6-like</i>
Sb03g041100.1	4,36	<i>photosystem ii 22 kda protein</i>
Sb03g041110.1	13,49	<i>serine threonine protein kinase sapk4</i>
Sb03g041110.2	- ∞	<i>serine threonine protein kinase sapk4</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g041190.1	-40,46	<i>oligopeptide transporter</i>
Sb03g041310.1	2,5	<i>magnesium transporter nipa2</i>
Sb03g041340.1	-3,97	<i>protein</i>
Sb03g041350.1	-1,75	<i>atp binding protein</i>
Sb03g041360.1	5,69	<i>r2r3-myb protein</i>
Sb03g041740.1	5,52	<i>seven-transmembrane-domain protein 1</i>
Sb03g041740.2	12,83	<i>seven-transmembrane-domain protein 1</i>
Sb03g041770.1	11,79	<i>f-box protein fbl2</i>
Sb03g041820.1	-8,91	<i>nad h-quinone oxidoreductase subunit n</i>
Sb03g041840.1	-12,96	<i>amino acid permease</i>
Sb03g042030.1	3,68	<i>alpha beta fold family protein</i>
Sb03g042090.1	-2,43	<i>elongation factor</i>
Sb03g042320.1	2,33	<i>s-receptor kinase</i>
Sb03g042420.1	-3,87	<i>btb poz and taz domain-containing protein 4-like</i>
Sb03g042480.1	-3,17	<i>zinc finger protein</i>
Sb03g042500.1	-2,72	<i>calreticulin-3 precursor</i>
Sb03g042600.1	-2,41	<i>protein</i>
Sb03g042604.1	-3,5	<i>60s ribosomal protein l5</i>
Sb03g042680.1	-5,01	<i>os01g67210-like protein</i>
Sb03g042700.1	-7,34	<i>formin-like protein 1-like</i>
Sb03g042790.1	-2,39	
Sb03g042820.2	4,26	<i>glycosyltransferase</i>
Sb03g042870.1	-5,93	<i>cysteine proteinases-like protein</i>
Sb03g042880.1	-2,19	<i>u-box domain-containing protein 6-like</i>
Sb03g042950.1	-7,1	<i>constans interacting protein 5-like protein</i>
Sb03g043190.1	-2,32	<i>gpi transamidase component pig-s-like</i>
Sb03g043280.1	-20,72	<i>proline transporter 1</i>
Sb03g043420.1	92,65	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g043540.1	1,73	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g043540 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g043560.1	2,56	<i>at3g07470 f21o3_18</i>
Sb03g043690.1	-2,46	<i>bhlh transcription factor</i>
Sb03g043750.1	-2,43	<i>selenium binding protein</i>
Sb03g043790.1	-7,67	
Sb03g043900.1	-2,96	<i>sucrose phosphate synthase</i>
Sb03g043950.1	-5,25	<i>hydrolase-like protein</i>
Sb03g043950.2	-4,18	<i>hydrolase-like protein</i>
Sb03g043950.3	-3,67	<i>hydrolase-like protein</i>
Sb03g043970.1	-2,27	<i>stearoyl-acyl-carrier protein desaturase</i>
Sb03g043990.1	3,43	
Sb03g044280.1	-1,92	<i>ribosomal protein l27 precursor</i>
Sb03g044290.1	-3,43	<i>60s ribosomal protein l13-2</i>
Sb03g044300.1	∞	
Sb03g044630.1	3,36	<i>auxin response factor-like protein</i>
Sb03g044660.1	3,95	<i>transcription factor ice1</i>
Sb03g044740.1	105,07	<i>nodulation receptor kinase</i>
Sb03g044980.1	-4,26	<i>glutathione transferase iii</i>
Sb03g044980.2	-3,13	<i>glutathione transferase iii</i>
Sb03g045180.1	-1,8	<i>potassium transporter</i>
Sb03g045190.1	4,01	<i>spermatogenesis-associated protein 20-like</i>
Sb03g045240.1	-2,73	<i>vesicle-associated protein 2-2</i>
Sb03g045410.1	12,78	<i>cytokinin dehydrogenase</i>
Sb03g045470.1	7,85	<i>probable inactive purple acid phosphatase 16-like</i>
Sb03g045890.1	-10,48	<i>proline synthetase associated</i>
Sb03g045970.1	-1,64	<i>villin- expressed</i>
Sb03g046160.1	-1,8	<i>ring u-box domain-containing protein</i>
Sb03g046170.1	12,55	<i>short internode related sequence</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb03g046340.1	-2,42	<i>ferredoxin--nadp leaf isozyme</i>
Sb03g046345.1	-25,32	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_03g046345 [Sorghum bicolor]</i>
Sb03g046660.1	-1,7	<i>chlorophyllide a chloroplastic-like</i>
Sb03g046790.1	-21,38	<i>sulfotransferase 17-like</i>
Sb03g047270.1	4,06	
Sb03g047300.1	1,72	<i>cytochrome b5</i>
Sb03g047380.1	16,08	<i>catalytic hydrolase</i>
Sb0498s002010.1	-3,45	<i>dna-binding protein phosphatase 2c</i>
Sb04g000220.1	-4,67	<i>zinc finger (c3hc4-type ring finger)-like</i>
Sb04g000290.1	8,59	<i>vacuolar amino acid transporter 1-like</i>
Sb04g000320.1	-3,44	<i>hydroxypyruvate reductase</i>
Sb04g000320.2	-3,61	<i>hydroxypyruvate reductase</i>
Sb04g000320.3	-3,35	<i>hydroxypyruvate reductase</i>
Sb04g000620.1	333,69	<i>soluble acid invertase</i>
Sb04g001460.1	5,05	<i>amp dependent</i>
Sb04g001480.1	-5,58	<i>receptor-like serine threonine-protein kinase sd1-8-like</i>
Sb04g001780.1	- ∞	<i>s-(+)-linalool synthase</i>
Sb04g001790.1	-7,63	<i>dna-directed rna polymerase i subunit rpa2</i>
Sb04g001810.2	- ∞	<i>s-(+)-linalool synthase</i>
Sb04g002070.1	-2,48	<i>protein</i>
Sb04g002640.1	-3,34	
Sb04g002643.1	-4,2	
Sb04g002655.1	14,35	
Sb04g002930.2	-4,04	<i>protein</i>
Sb04g002980.1	2,61	<i>50s ribosomal protein l3</i>
Sb04g002990.1	4,44	<i>alpha beta fold family protein</i>
Sb04g003080.1	-4,12	<i>plastidic general dicarboxylate transporter</i>
Sb04g003110.1	347,82	<i>benzoate carboxyl methyltransferase</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g003130.1	2,43	<i>rna recognition motif-containing protein</i>
Sb04g003140.1	62,37	<i>myb-like hth transcriptional regulator family protein</i>
Sb04g003150.1	11,64	<i>chaperone binding atpase activator</i>
Sb04g003175.1	-2,37	<i>squamosa promoter-binding-like protein 11</i>
Sb04g003210.1	129,44	<i>beta-amyrin synthase</i>
Sb04g003300.1	∞	<i>beta-amyrin synthase</i>
Sb04g003550.1	-1,86	<i>eukaryotic translation initiation factor 5</i>
Sb04g003700.1	-2,88	<i>vernalization5 vin3-like protein</i>
Sb04g003750.1	-2,43	<i>dna-directed rna polymerase e subunit 1-like</i>
Sb04g003780.1	-14	<i>ternary complex factor mip1-like</i>
Sb04g004100.1	∞	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-like pv42a-like</i>
Sb04g004110.1	3,47	
Sb04g004560.1	7,5	<i>4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase</i>
Sb04g004630.1	1,75	<i>porphobilinogen deaminase</i>
Sb04g004680.1	-5,02	<i>60s ribosomal protein l27a-3</i>
Sb04g004770.1	-5,53	<i>chlorophyll a-b binding protein 6a</i>
Sb04g004880.1	3,25	<i>ctp:phosphocholine cytidyltransferase</i>
Sb04g004900.1	-4,09	<i>ribosomal rna large subunit methyltransferase i-like</i>
Sb04g004930.1	-4,08	<i>myb family transcription factor apl-like</i>
Sb04g005010.1	-3,33	<i>sodium transporter hkt1-like</i>
Sb04g005040.1	1,8	<i>vacuolar proton-atpase</i>
Sb04g005330.1	66,68	<i>protein wax2-like isoform 1</i>
Sb04g005340.2	-2,24	<i>metal-dependent phosphohydrolase</i>
Sb04g005580.1	-3,25	<i>two-component response regulator arr12-like</i>
Sb04g005620.1	2,08	<i>knox family class 2 homeodomain protein</i>
Sb04g005710.1	-10,29	<i>vacuolar h+-translocating inorganic pyrophosphatase</i>
Sb04g005720.1	-2,19	<i>sucrose-phosphate synthase</i>
Sb04g005740.1	20,63	<i>cytochrome p450</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g005760.1	5,67	<i>cytochrome p450</i>
Sb04g005770.1	6,07	<i>cytochrome p450</i>
Sb04g005880.1	5,02	<i>kynurenine formamidase-like</i>
Sb04g006020.1	-6,23	<i>ribosome-like protein</i>
Sb04g006087.1	-16,64	<i>abc transporter b family member</i>
Sb04g006090.1	-2,85	<i>multidrug resistance p-glycoprotein</i>
Sb04g006120.1	2,44	<i>lycopene beta cyclase</i>
Sb04g006530.1	1,88	<i>zinc finger a20 and an1 domains-containing protein</i>
Sb04g006530.2	1,57	<i>zinc finger a20 and an1 domains-containing protein</i>
Sb04g006600.1	2,37	<i>heavy metal p-type atpase</i>
Sb04g006800.1	-3,87	
Sb04g006870.1	-2,53	<i>ein3-binding f-box protein 1-like</i>
Sb04g007050.1	-8,43	
Sb04g007110.2	3,68	<i>rna-binding protein cabeça</i>
Sb04g007240.1	-4,66	<i>plastidic atp adp transporter</i>
Sb04g007260.1	3,68	<i>pdr-like abc transporter</i>
Sb04g007280.1	-10,57	
Sb04g007290.1	-2,03	<i>myristoyl-acyl carrier protein thioesterase</i>
Sb04g007470.1	2,05	<i>histone deacetylase hdac3</i>
Sb04g007610.1	2,6	<i>puromycin-sensitive aminopeptidase-like</i>
Sb04g007720.1	∞	<i>integral membrane family</i>
Sb04g007880.1	-18,79	<i>thromboxane-a synthase</i>
Sb04g008100.1	-2,21	<i>poly polymerase</i>
Sb04g008150.1	-3,68	<i>hexose transporter</i>
Sb04g008330.1	3,59	<i>citrate synthase</i>
Sb04g008430.1	-1,51	<i>u-box domain-containing protein 17-like</i>
Sb04g008450.1	-1,45	<i>rossmann-fold nad -binding domain-containing protein</i>
Sb04g008720.1	4,27	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g009170.1	-2,62	<i>rhomboid-related intramembrane serine protease-like protein</i>
Sb04g009640.1	∞	
Sb04g009650.1	-6,62	
Sb04g009670.2	6,6	<i>protein</i>
Sb04g009750.1	-3,24	<i>bacterial blight-resistance protein xa1</i>
Sb04g010020.1	-4,59	<i>water dikinase</i>
Sb04g010300.1	2,95	<i>myb-related protein 3r-1-like</i>
Sb04g010370.1	2,05	<i>aim1 protein</i>
Sb04g010400.1	7,93	<i>sugar transporter</i>
Sb04g011020.1	1,67	<i>protein phosphatase 2c and cyclic nucleotide-binding kinase domain-containing protein</i>
Sb04g011090.1	-2,8	<i>o-methyltransferase zrp4</i>
Sb04g011160.1	-1,95	<i>elongation factor family protein</i>
Sb04g011180.1	1,93	<i>gds1 esterase lipase at4g10955-like</i>
Sb04g011270.1	-1,4	<i>ubiquitin-conjugating enzyme spm2</i>
Sb04g016960.1	∞	
Sb04g017790.1	∞	
Sb04g017850.1	-2,81	<i>high mobility group family</i>
Sb04g018090.1	1,71	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb04g018940.1	3,3	<i>mac perforin domain containing protein</i>
Sb04g019260.1	∞	<i>lipase class 3 family protein</i>
Sb04g019280.1	1,49	<i>u-box domain-containing protein 9</i>
Sb04g020510.1	-4,03	
Sb04g020543.1	142,71	<i>endo- -beta-xylanase</i>
Sb04g020550.1	-2,41	
Sb04g020690.1	- ∞	<i>farnesylated protein</i>
Sb04g020775.1	3,66	<i>transposon en spm sub- expressed</i>
Sb04g021000.1	∞	<i>n3 protein</i>
Sb04g021130.1	-1,52	<i>protein mei2-like 4-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g009170.1	-2,62	<i>rhomboid-related intramembrane serine protease-like protein</i>
Sb04g009640.1	∞	
Sb04g009650.1	-6,62	
Sb04g009670.2	6,6	<i>protein</i>
Sb04g009750.1	-3,24	<i>bacterial blight-resistance protein xa1</i>
Sb04g010020.1	-4,59	<i>water dikinase</i>
Sb04g010300.1	2,95	<i>myb-related protein 3r-1-like</i>
Sb04g010370.1	2,05	<i>aim1 protein</i>
Sb04g010400.1	7,93	<i>sugar transporter</i>
Sb04g011020.1	1,67	<i>protein phosphatase 2c and cyclic nucleotide-binding kinase domain-containing protein</i>
Sb04g011090.1	-2,8	<i>o-methyltransferase zrp4</i>
Sb04g011160.1	-1,95	<i>elongation factor family protein</i>
Sb04g011180.1	1,93	<i>gds1 esterase lipase at4g10955-like</i>
Sb04g011270.1	-1,4	<i>ubiquitin-conjugating enzyme spm2</i>
Sb04g016960.1	∞	
Sb04g017790.1	∞	
Sb04g017850.1	-2,81	<i>high mobility group family</i>
Sb04g018090.1	1,71	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb04g018940.1	3,3	<i>mac perforin domain containing protein</i>
Sb04g019260.1	∞	<i>lipase class 3 family protein</i>
Sb04g019280.1	1,49	<i>u-box domain-containing protein 9</i>
Sb04g020510.1	-4,03	
Sb04g020543.1	142,71	<i>endo- -beta-xylanase</i>
Sb04g020550.1	-2,41	
Sb04g020690.1	- ∞	<i>farnesylated protein</i>
Sb04g020775.1	3,66	<i>transposon en spm sub- expressed</i>
Sb04g021000.1	∞	<i>n3 protein</i>
Sb04g021130.1	-1,52	<i>protein mei2-like 4-like</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g025890.1	4,82	
Sb04g025890.2	4,47	
Sb04g025890.3	4,85	
Sb04g026100.1	-3,28	<i>protein phosphatase regulatory subunit pr55</i>
Sb04g026260.1	-42,28	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at3g47570-like</i>
Sb04g026260.2	- ∞	<i>protein kinase receptor type precursor</i>
Sb04g026270.1	- ∞	
Sb04g026510.1	-2,12	<i>phenylalanine ammonia-lyase</i>
Sb04g026560.1	-11,26	<i>phenylalanine ammonia-lyase</i>
Sb04g026610.1	-4,69	<i>auxin response factor 10</i>
Sb04g026770.1	-13,18	<i>wall-associated receptor kinase 4-like</i>
Sb04g026780.1	-15,72	<i>wall-associated receptor kinase 4-like</i>
Sb04g026840.1	2,48	<i>yellow stripe-like transporter 14a</i>
Sb04g026850.1	3,3	<i>yellow stripe-like transporter 14a</i>
Sb04g026880.1	2,05	<i>atp-dependent clp protease proteolytic subunit</i>
Sb04g026930.1	-3,03	<i>nitrilase 1</i>
Sb04g026940.1	5,22	<i>nitrilase 1</i>
Sb04g026940.2	4,64	<i>nitrilase 1</i>
Sb04g026950.1	4,15	<i>nitrilase 2</i>
Sb04g027210.1	5,85	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g53430-like</i>
Sb04g027210.2	7,35	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g53430-like</i>
Sb04g027260.1	2,6	<i>thioredoxin chloroplastic-like</i>
Sb04g027590.1	29,68	<i>annexin p35</i>
Sb04g027600.1	∞	
Sb04g027630.1	12,83	<i>elicitor-inducible protein eig-j7</i>
Sb04g027700.1	6,75	<i>probable beta-d-xylosidase 7-like</i>
Sb04g027730.1	-38,16	<i>fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 4</i>
Sb04g027766.1	6,91	<i>ring fyve phd zinc finger-related protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g027810.1	-2,34	<i>atp synthase delta chain</i>
Sb04g027830.1	-7,28	<i>mitochondrial transcription termination factor-like</i>
Sb04g027910.1	22	<i>f-box kelch-repeat protein skip11-like</i>
Sb04g027910.2	16,35	<i>f-box kelch-repeat protein skip11-like</i>
Sb04g027910.3	121,95	<i>f-box kelch-repeat protein skip11-like</i>
Sb04g027990.1	1,8	<i>protein sur2</i>
Sb04g028050.1	-5,73	<i>geranylgeranyl reductase</i>
Sb04g028060.1	-2,44	<i>soluble starch synthase ii-2</i>
Sb04g028200.1	-4,57	<i>ring-h2 finger protein atl46-like</i>
Sb04g028350.1	-3,68	<i>altered response to gravity</i>
Sb04g028400.1	∞	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_04g028400 [Sorghum bicolor]</i>
Sb04g028415.2	8,79	<i>anter-specific proline-rich protein apg</i>
Sb04g028530.1	-3,04	<i>40s ribosomal protein s8</i>
Sb04g028630.1	-15,35	<i>rna-dependent rna polymerase</i>
Sb04g028710.1	2,26	<i>erwinia induced protein 2</i>
Sb04g028750.1	-2,69	<i>nudix hydrolase 4</i>
Sb04g029030.1	8,62	<i>protein</i>
Sb04g029080.1	-2,28	<i>homeodomain leucine zipper protein</i>
Sb04g029080.2	-2,46	<i>homeodomain leucine zipper protein</i>
Sb04g029100.1	-3,67	<i>extracellular calcium sensing receptor</i>
Sb04g029390.1	∞	<i>aspartic proteinase nepenthesin-2 precursor</i>
Sb04g029400.1	18,03	<i>aspartic proteinase nepenthesin-2 precursor</i>
Sb04g029440.1	3,53	<i>neutral alkaline invertase</i>
Sb04g029810.1	-3,12	<i>60s ribosomal protein l31</i>
Sb04g029840.1	125,52	<i>dioxygenase-like protein</i>
Sb04g029840.2	49,17	<i>dioxygenase-like protein</i>
Sb04g029880.1	-2,33	<i>protein</i>
Sb04g029920.1	-4,88	<i>omega-6 fatty acid endoplasmic reticulum isozyme 2</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g029920.2	-4,99	<i>omega-6 fatty acid endoplasmic reticulum isozyme 2</i>
Sb04g030010.1	9,27	<i>diacylglycerol o-acyltransferase 1</i>
Sb04g030360.1	-2,15	<i>kinesin light chain</i>
Sb04g030380.1	2,19	<i>uridine-cytidine kinase c-like</i>
Sb04g030390.1	2,8	<i>carbamoyl-phosphate synthase small chain</i>
Sb04g030400.1	16,8	<i>universal stress protein family protein</i>
Sb04g030510.1	-20,76	<i>protein</i>
Sb04g030560.3	-2,1	<i>alpha beta fold family protein</i>
Sb04g030590.1	-3,08	<i>soluble inorganic pyrophosphatase</i>
Sb04g030600.1	3,72	<i>ornithine carbamoyltransferase</i>
Sb04g030660.1	-7,79	<i>abscisic acid 8 -hydroxylase</i>
Sb04g030820.1	3,12	<i>alternative oxidase</i>
Sb04g030950.1	-8,33	<i>phosphoribulokinase precursor</i>
Sb04g030950.2	-8,77	<i>phosphoribulokinase precursor</i>
Sb04g031000.1	-6,15	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>
Sb04g031190.1	-3,11	<i>atp binding</i>
Sb04g031230.2	4,48	
Sb04g031320.1	-6,71	<i>nitrate transporter -like</i>
Sb04g031340.1	- ∞	<i>50s ribosomal protein l18</i>
Sb04g031400.1	-1,93	<i>probable purine permease 11-like</i>
Sb04g031770.1	5,44	<i>gras family transcription factor</i>
Sb04g031810.1	∞	<i>embryo-specific protein</i>
Sb04g031820.1	3,06	<i>transcription factor asg4-like</i>
Sb04g032000.1	3,25	<i>f-box protein pp2-a13-like</i>
Sb04g032060.1	-4,32	<i>transcription factor-like</i>
Sb04g032170.1	3,67	<i>amino acid transport protein</i>
Sb04g032250.1	61,92	<i>cold acclimation protein</i>
Sb04g032280.1	4,8	

Anexo 6F– Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g032300.1	8,02	<i>uncharacterized mscs family protein at1g78610-like</i>
Sb04g032420.1	-4,71	<i>map3k alpha 1 protein kinase</i>
Sb04g032430.1	12,68	<i>aquaporin</i>
Sb04g032520.1	2,56	<i>phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase</i>
Sb04g032580.1	34,24	<i>glycerol 3-phosphate permease</i>
Sb04g033050.1	2,51	
Sb04g033220.1	-2,24	<i>vesicle-associated protein 2-1-like</i>
Sb04g033230.1	2,94	<i>elmo domain-containing protein 2</i>
Sb04g033380.1	∞	<i>homeodomain leucine zipper protein</i>
Sb04g033650.1	1,9	<i>cytochrome b561</i>
Sb04g033820.1	38,88	<i>ring-h2 zinc finger protein</i>
Sb04g033850.1	2,43	<i>f-box family protein</i>
Sb04g033860.1	1,36	<i>chromatin protein family</i>
Sb04g033880.1	-2,98	<i>threonine endopeptidase</i>
Sb04g033920.1	3,98	<i>universal stress protein a-like protein</i>
Sb04g033980.1	-1,64	<i>presequence protease 2</i>
Sb04g034130.1	-2,26	<i>photosystem i light harvesting complex protein 5</i>
Sb04g034190.1	17,04	<i>bzip transcription factor abi5</i>
Sb04g034340.1	-2,27	<i>inorganic pyrophosphatase</i>
Sb04g034500.1	-3,3	<i>tyrosine specific protein phosphatase family protein</i>
Sb04g034630.1	38,49	<i>universal stress protein family protein</i>
Sb04g034760.1	-8,87	<i>ccat-binding transcription factor</i>
Sb04g034820.1	-8,11	<i>lrr receptor-like serine threonine-protein kinase erecta-like</i>
Sb04g034980.1	3,04	<i>subtilisin-like protease-like</i>
Sb04g035220.1	16,52	<i>lysine-ketoglutarate reductase saccharopine dehydrogenase bifunctional enzyme</i>
Sb04g035290.1	-2,99	<i>protein</i>
Sb04g035290.2	-3,59	<i>protein</i>
Sb04g035350.1	5,08	<i>serine esterase family protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g035360.1	11,71	<i>serine threonine kinase</i>
Sb04g035396.1	-2,79	
Sb04g035400.1	-16,92	<i>glutamate receptor -like</i>
Sb04g035500.1	3,32	<i>vacuolar amino acid transporter 1-like</i>
Sb04g035560.1	2,67	<i>probable -trehalose-phosphate synthase</i>
Sb04g035640.1	95,05	<i>protein kinase domain-containing protein</i>
Sb04g035660.1	2,94	<i>rieske iron-sulfur protein tic55</i>
Sb04g035700.1	-3,47	<i>protein kiaa0664 homolog</i>
Sb04g035720.1	2,11	<i>snf1-related kinase interacting protein ski1</i>
Sb04g035740.1	-3,05	
Sb04g035840.1	2,8	<i>leucine aminopeptidase</i>
Sb04g036030.1	-3,26	<i>60s ribosomal protein l39</i>
Sb04g036060.1	1,69	<i>aspartate aminotransferase</i>
Sb04g036060.2	1,87	<i>aspartate aminotransferase</i>
Sb04g036070.1	2,64	
Sb04g036200.1	-25,89	<i>heparanase-like protein 3-like</i>
Sb04g036240.1	3,94	<i>monogalactosyldiacylglycerol synthase</i>
Sb04g036320.2	2,02	<i>26s proteasome regulatory particle triple-a atpase subunit5a</i>
Sb04g036510.1	-2,02	<i>ubiquinone biosynthesis protein ubib</i>
Sb04g036570.1	13,28	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase kinase</i>
Sb04g036660.1	4,1	<i>tbc1 domain family member 15-like</i>
Sb04g036730.1	5,83	<i>pho1-like protein</i>
Sb04g036770.1	∞	<i>cinnamoyl reductase</i>
Sb04g036780.1	∞	<i>cinnamoyl reductase</i>
Sb04g036830.1	39,48	
Sb04g036920.1	2,53	<i>pppde peptidase domain-containing protein</i>
Sb04g036970.1	-4,53	<i>60s ribosomal protein l23</i>
Sb04g037040.1	-3,32	<i>ammonium transporter</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb04g037160.2	-7,46	
Sb04g037180.1	2,23	<i>protein</i>
Sb04g037260.1	-2,25	<i>auxin-responsive protein iaa13</i>
Sb04g037280.1	3,6	<i>3-ketoacyl- thiolase</i>
Sb04g037280.2	3,55	<i>3-ketoacyl- thiolase</i>
Sb04g037500.3	-1,91	<i>serine threonine-protein phosphatase pp1-like</i>
Sb04g037800.1	23,15	<i>pip1 protein</i>
Sb04g037980.1	-3,85	<i>phosphate phosphoenolpyruvate translocator precursor</i>
Sb04g038040.1	-18,23	
Sb04g038110.1	2,86	<i>binding protein</i>
Sb04g038200.1	-3,23	<i>cell elongation protein diminuto</i>
Sb04g038260.1	4,83	<i>metallo-beta-lactamase family protein</i>
Sb04g038370.1	-2,75	<i>zinc finger c-x8-c-x5-c-x3-h type family protein</i>
Sb04g038570.1	2,04	<i>protein</i>
Sb05g000330.1	-2,55	<i>mitochondrial substrate carrier family protein</i>
Sb05g000365.1	-6,32	<i>atp-dependent clp protease atp-binding subunit clpl</i>
Sb05g000420.1	-2,11	<i>monothiol glutaredoxin-s16</i>
Sb05g000440.1	110,67	<i>asparagine synthetase</i>
Sb05g000530.1	∞	<i>ferritin- chloroplastic</i>
Sb05g001050.1	27,02	<i>cbl-interacting protein kinase</i>
Sb05g001300.1	-4,59	<i>root phototropism protein 2-like</i>
Sb05g001440.1	∞	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g001440 [Sorghum bicolor]</i>
Sb05g001450.1	7,05	<i>serine threonine-protein kinase at5g01020-like</i>
Sb05g001525.1	∞	<i>glutathione s-transferase</i>
Sb05g001580.1	∞	<i>nac domain transcription factor</i>
Sb05g001600.1	1,79	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g001600 [Sorghum bicolor]</i>
Sb05g001680.1	-3,62	<i>40s ribosomal protein s16</i>
Sb05g001750.1	-6,78	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb05g001790.1	10,16	<i>ap2 erebp transcriptional factor wri1</i>
Sb05g002000.1	4,41	<i>cipk-like protein expressed</i>
Sb05g002000.2	5,78	<i>cipk-like protein expressed</i>
Sb05g002170.1	-2,39	<i>hydroxymethylglutaryl- lyase</i>
Sb05g002580.1	2,93	<i>cytochrome p450</i>
Sb05g002860.1	-4,01	<i>stem-specific protein expressed</i>
Sb05g003020.1	-46	<i>phosphoglycerate bisphosphoglycerate mutase family protein</i>
Sb05g003200.1	∞	<i>terminal flower 1</i>
Sb05g003230.1	-2,87	<i>membrane-associated phospholipid phosphatase</i>
Sb05g003300.1	-35,41	
Sb05g003480.1	-3,42	<i>ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase small subunit</i>
Sb05g003860.1	-10,91	<i>cortical cell-delineating protein precursor</i>
Sb05g003880.1	-4,59	<i>actin- expressed</i>
Sb05g003960.1	-3,59	
Sb05g004130.2	-3,73	<i>ribosomal protein l3</i>
Sb05g004140.1	2,09	<i>ribonuclease p</i>
Sb05g004510.1	2,08	<i>vacuolar atp synthase 16 kda proteolipid subunit</i>
Sb05g004560.1	-4,06	<i>leucine rich</i>
Sb05g004590.1	-121,63	<i>fructose-bisphosphate chloroplast expressed</i>
Sb05g004610.1	-3,93	<i>calcium-dependent protein kinase</i>
Sb05g005260.1	∞	<i>mlo-like protein 4</i>
Sb05g005270.1	2,99	<i>nifu-like protein chloroplastic-like</i>
Sb05g005390.1	-4,82	<i>armadillo beta-catenin-like repeat and c2 domain-containing protein</i>
Sb05g005750.1	-1,6	<i>nad kinase chloroplastic-like</i>
Sb05g005980.1	125,53	<i>amino acid expressed</i>
Sb05g006010.1	10,45	<i>amino acid expressed</i>
Sb05g006915.1	-2,1	
Sb05g006990.1	-3,09	<i>gda1 cd39 family expressed</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb05g007070.1	-10,04	<i>chlorophyll a b-binding apoprotein cp26 precursor</i>
Sb05g007490.1	4,38	<i>leucine-rich receptor-like protein kinase</i>
Sb05g007560.1	16,95	<i>nb-arc domain containing expressed</i>
Sb05g008140.1	-6,42	<i>nbs-lrr type protein</i>
Sb05g008150.1	-2,06	<i>nbs-lrr type protein</i>
Sb05g008280.1	-10,67	<i>nbs-lrr type protein</i>
Sb05g008630.1	-2,56	<i>atp-dependent protease la domain-containing protein</i>
Sb05g008650.1	-2,63	<i>dna binding protein</i>
Sb05g009350.1	-11,3	<i>alcohol dehydrogenase family-2</i>
Sb05g010060.1	-20,49	<i>pot family expressed</i>
Sb05g010070.2	-3,03	<i>peptide transporter ptr2</i>
Sb05g014470.1	-3,34	<i>adenosylhomocysteinase</i>
Sb05g014470.2	-2,63	<i>adenosylhomocysteinase</i>
Sb05g015110.1	-3,71	<i>outward-rectifying potassium channel</i>
Sb05g017160.1	5,58	<i>protein</i>
Sb05g017940.1	74,82	<i>hva22e</i>
Sb05g017980.1	∞	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g017980 [Sorghum bicolor]</i>
Sb05g019540.1	-2,15	<i>auxin response factor expressed</i>
Sb05g019540.2	-2,18	<i>auxin response factor expressed</i>
Sb05g019766.1	-1,61	<i>cofactor assembly of complex c</i>
Sb05g020360.1	4,76	<i>tpv38 tmem64 family membrane protein slr0305-like</i>
Sb05g020370.1	7,41	<i>rhicadhesin receptor</i>
Sb05g020380.1	4,04	<i>protein</i>
Sb05g020790.1	∞	<i>upf0481 protein at3g47200-like</i>
Sb05g021410.1	3,86	<i>tubulin alpha-6 chain</i>
Sb05g021426.1	-2,89	<i>abc1 family protein</i>
Sb05g021860.1	-6,9	<i>leucine-rich repeat receptor-like kinase</i>
Sb05g022180.1	2,02	<i>tpx2 (targeting protein for xklp2)-like protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb05g022620.1	-70,83	<i>subtilisin-like serine proteinase</i>
Sb05g022650.1	4,3	<i>protein root hair defective 3 homolog 2-like</i>
Sb05g022960.1	-12,56	<i>win1 precursor</i>
Sb05g023150.1	-8,41	
Sb05g023460.1	3,21	<i>dead-box atp-dependent rna helicase 37-like</i>
Sb05g023510.1	-23,37	<i>receptor-like protein kinase 4</i>
Sb05g023520.1	-6,83	<i>receptor-like protein kinase 4</i>
Sb05g023730.1	15,44	<i>amelogenin precursor like protein</i>
Sb05g023750.1	5,63	
Sb05g023860.1	3,7	<i>abc transporter family protein</i>
Sb05g023895.1	-16,53	<i>agamous-like mads-box protein agl80-like</i>
Sb05g023970.1	6,29	<i>acyl- oxidase</i>
Sb05g024090.1	-7,38	<i>brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 expressed</i>
Sb05g024450.1	-44,04	<i>serine carboxypeptidase 2-like</i>
Sb05g025170.1	-15,16	<i>sp1l2_orysj ame: full=protein spiral1-like 2</i>
Sb05g025200.1	38,3	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_05g025200 [Sorghum bicolor]</i>
Sb05g025210.1	∞	
Sb05g025220.1	15,42	<i>40s ribosomal protein s29</i>
Sb05g025660.1	19,06	<i>tpa: nicotianamine aminotransferase homolog</i>
Sb05g025660.2	20,5	<i>tpa: nicotianamine aminotransferase homolog</i>
Sb05g025700.1	-2,85	<i>na+ h+ antiporter</i>
Sb05g025710.1	-4,11	<i>kinesin motor protein</i>
Sb05g026090.1	2,03	<i>senescence-associated protein</i>
Sb05g026580.1	∞	<i>probable glycerol-3-phosphate acyltransferase 3-like</i>
Sb05g026810.1	-1,86	<i>glycosyl hydrolase family 1 expressed</i>
Sb05g027060.1	-2,71	
Sb05g027350.1	∞	<i>xylanase inhibitor</i>
Sb05g027370.1	5,04	<i>myb family transcription expressed</i>

Anexo 6 – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb05g027870.1	-5,63	<i>isco activase small isoform precursor</i>
Sb0621s002010.1	-6,38	<i>respiratory burst oxidase homolog protein h-like</i>
Sb06g000400.1	2,6	<i>uncharacterized protein LOC100383473 [Zea mays]</i>
Sb06g000400.2	2,46	<i>uncharacterized protein LOC100383473 [Zea mays]</i>
Sb06g000580.1	3,37	<i>arginase</i>
Sb06g000880.1	-9,23	<i>sulfate adenyltransferase</i>
Sb06g001090.1	-1,95	<i>protein mrp homolog</i>
Sb06g001430.1	-3,9	<i>cinnamyl alcohol dehydrogenase-like protein</i>
Sb06g001960.1	-32,27	<i>probable flavin-containing monooxygenase 1-like</i>
Sb06g002500.1	-4,23	
Sb06g002880.1	6,85	<i>electron transfer flavoprotein subunit mitochondrial-like</i>
Sb06g003280.1	25,65	<i>farnesylated protein 1</i>
Sb06g004280.1	179,09	<i>plastid transketolase</i>
Sb06g005640.1	-3,23	<i>salicylic acid-induced fragment 1 protein</i>
Sb06g011820.1	4,29	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>
Sb06g011820.2	5,19	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>
Sb06g011820.3	5,95	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>
Sb06g011820.4	4,71	<i>snf1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like</i>
Sb06g012300.1	-3,77	
Sb06g013760.1	∞	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g013760 [Sorghum bicolor]</i>
Sb06g013890.1	-2,2	<i>nodulin-like protein</i>
Sb06g013900.1	-5,16	<i>nodulin-like protein</i>
Sb06g013980.1	∞	<i>11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like</i>
Sb06g014260.1	-2,43	<i>catalytic hydrolase</i>
Sb06g014570.1	-2,21	<i>pseudo-response regulator 37 splice variant a</i>
Sb06g014720.1	1,36	<i>ubiquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur subunit</i>
Sb06g014840.1	-3,29	
Sb06g015150.1	1,77	<i>probable protein phosphatase 2c 40-like</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g015160.1	-4,76	
Sb06g015220.1	-1,84	<i>chaperone protein chloroplastic-like</i>
Sb06g015260.1	6,71	<i>at5g47860 mca23_20</i>
Sb06g015330.1	4,96	<i>salt response protein</i>
Sb06g015360.1	-7,8	<i>starch branching enzyme 4</i>
Sb06g015570.1	8,33	<i>ferredoxin- chloroplastic-like</i>
Sb06g015600.1	-9,29	<i>bifunctional monodehydroascorbate reductase and carbonic anhydrase nectarin-3-like</i>
Sb06g015940.1	12,26	<i>xyloglucan endotransglycosylase hydrolase protein 8 precursor</i>
Sb06g016090.1	-12,6	<i>16kda membrane protein</i>
Sb06g016160.1	89,65	<i>lipid binding protein</i>
Sb06g016170.1	27,14	<i>lipid binding protein</i>
Sb06g016350.1	-3,94	<i>s-receptor kinase</i>
Sb06g016450.1	-2,96	<i>structural molecule</i>
Sb06g016540.1	18,04	<i>abscisic stress ripening-like protein</i>
Sb06g016800.1	-3,48	<i>40s ribosomal protein s10</i>
Sb06g016810.1	68,28	<i>phospholipase c</i>
Sb06g016990.1	1,89	<i>pdi-like protein</i>
Sb06g017110.1	2,64	<i>glutathione s-transferase-like protein</i>
Sb06g017130.1	-4,96	<i>uvb-resistance protein</i>
Sb06g017270.1	24,54	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g017270 [Sorghum bicolor]</i>
Sb06g017340.1	2,77	
Sb06g017470.1	-28,64	<i>probable peptide nitrate transporter at1g59740-like</i>
Sb06g017490.1	-4,27	<i>auxin response factor 1</i>
Sb06g017540.1	-2,8	<i>protein</i>
Sb06g017570.1	7,14	<i>chloride channel</i>
Sb06g017580.1	-6,07	<i>protein far1-related sequence 11-like</i>
Sb06g017740.1	-2,9	<i>protein</i>
Sb06g017800.1	-29,22	<i>ferric reductase-like transmembrane component</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g017870.1	-1,45	<i>enzyme of the cupin superfamily</i>
Sb06g018110.1	10,62	<i>probable nad h-dependent oxidoreductase 1-like</i>
Sb06g018120.1	15,21	<i>nad h-dependent oxidoreductase</i>
Sb06g018120.2	9,9	<i>nad h-dependent oxidoreductase</i>
Sb06g018510.1	-1,47	<i>cryptochrome 1a</i>
Sb06g018510.2	-1,61	<i>cryptochrome 1a</i>
Sb06g018550.1	1,54	<i>plastid-lipid-associated protein 2</i>
Sb06g018700.1	7,37	<i>elicitor-inducible protein eig-j7</i>
Sb06g018740.1	4,28	<i>gamma-glutamyl transpeptidase 1</i>
Sb06g018880.1	-5,76	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb06g018880.2	-5,26	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb06g018880.3	-5,6	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb06g018880.4	-5,39	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb06g018880.5	-5,07	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (nadp+)</i>
Sb06g018880.6	-5,37	<i>glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (nadp+)</i>
Sb06g019010.1	30,24	<i>nac domain protein nac5</i>
Sb06g019100.1	-1,73	<i>14-3-3 protein</i>
Sb06g019310.1	-2,55	<i>acyl- n-acyltransferases-like protein</i>
Sb06g019610.1	60,32	<i>6-phosphofructokinase 2-like</i>
Sb06g019660.1	3,64	<i>amino acid</i>
Sb06g019800.1	-3,9	<i>60s ribosomal protein l6</i>
Sb06g020045.1	52,19	
Sb06g020110.1	-2,45	<i>n-acetylglucosaminyltransferase iii</i>
Sb06g020520.1	4,83	<i>ma3 domain-containing protein</i>
Sb06g020560.1	3,29	<i>uncharacterized membrane protein at3g27390-like</i>
Sb06g020660.1	1,97	<i>f-box protein skip14-like</i>
Sb06g020710.1	4,82	<i>acid phosphatase vanadium-dependent haloperoxidase related</i>
Sb06g020720.1	∞	<i>malate synthase</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g020740.1	-3,11	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g020740 [Sorghum bicolor]</i>
Sb06g021010.1	3,54	<i>haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein</i>
Sb06g021070.1	5,1	<i>probable inositol transporter 1-like</i>
Sb06g021370.1	-2,37	<i>rwp-rk domain-containing protein</i>
Sb06g021460.1	-39,61	<i>ribonucleoside-diphosphate reductase small chain</i>
Sb06g021600.1	1,82	<i>eukaryotic translation initiation factor 4 gamma</i>
Sb06g021610.1	-6,93	<i>protein</i>
Sb06g021840.1	1,97	
Sb06g021940.1	-2,14	
Sb06g022370.1	-3,98	<i>disease resistance rpp13-like protein 1-like</i>
Sb06g022460.1	-4,27	<i>beta-glucosidase precursor</i>
Sb06g022590.1	753,95	<i>mazg nucleotide pyrophosphohydrolase domain protein</i>
Sb06g022600.1	-2,18	<i>protein</i>
Sb06g022750.1	4,23	<i>phenylalanine ammonia-lyase</i>
Sb06g022910.1	-7,01	
Sb06g023010.1	-16,67	<i>yellow stripe-like transporter 12</i>
Sb06g023090.2	-3,02	<i>afg1-like protein</i>
Sb06g023110.1	-3,33	<i>isochorismatase hydrolase family protein</i>
Sb06g023180.1	-12,16	
Sb06g023190.1	3,94	
Sb06g023210.1	6,63	<i>coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain-containing protein 4</i>
Sb06g023280.1	3,6	<i>abc transporter g family member 11-like</i>
Sb06g023430.1	2,2	<i>e3 ubiquitin-protein ligase rma1h1-like</i>
Sb06g023440.1	10,62	<i>thioredoxin m-type</i>
Sb06g023450.1	25,15	<i>probable beta-d-xylosidase 6-like</i>
Sb06g023560.1	-2,39	<i>salutaridine reductase-like</i>
Sb06g023570.1	-4,12	<i>salutaridine reductase-like</i>
Sb06g023630.1	2,15	<i>remorin family protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g023860.1	∞	<i>vacuolar iron transporter-like protein</i>
Sb06g023880.1	-4,25	<i>af272759_1 kinesin heavy chain</i>
Sb06g023900.1	-2,12	<i>protein</i>
Sb06g024000.1	45,7	<i>homeodomain leucine zipper protein</i>
Sb06g024040.2	-3,1	<i>iron-phytosiderophore transporter protein yellow stripe 1</i>
Sb06g024050.1	5,24	<i>serine protease-like protein</i>
Sb06g024150.1	14,16	<i>glutamate dehydrogenase 2</i>
Sb06g024160.1	-2,15	<i>set domain-containing protein set104</i>
Sb06g024200.1	-3,38	<i>gata transcription factor 26-like</i>
Sb06g024545.1	∞	<i>dre binding factor 2</i>
Sb06g024550.1	2,5	<i>acetylglutamate kinase</i>
Sb06g024820.1	-2,77	<i>sc11 protein</i>
Sb06g024830.1	2,73	<i>glycerol 3-phosphate permease</i>
Sb06g024900.1	-6,87	<i>heavy metal p-type atpase</i>
Sb06g024910.1	13,41	<i>heavy metal p-type atpase</i>
Sb06g025130.1	-2,18	
Sb06g025150.1	6,92	<i>aquaporin</i>
Sb06g025200.1	-2,63	<i>alpha-l-fucosidase 1</i>
Sb06g025230.1	-3,12	
Sb06g025310.1	-11,1	<i>amino acid</i>
Sb06g025560.1	-4,45	<i>protein argonaute 1-like</i>
Sb06g025770.1	-13,73	<i>membrane protein</i>
Sb06g025840.1	5,53	<i>probable methyltransferase pmt15-like</i>
Sb06g025840.2	5,71	<i>protein</i>
Sb06g025860.1	103,44	<i>f-box protein pp2-a13-like</i>
Sb06g025950.1	11,92	<i>spx (syg1 pho81 xpr1) domain-containing</i>
Sb06g025990.1	5,98	<i>cytochrome p450 monooxygenase cyp704g7</i>
Sb06g026050.1	2,46	<i>c4-dicarboxylate transporter malic acid transport family protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g026070.1	2,78	<i>histone h1</i>
Sb06g026240.1	2,04	<i>gras family transcription factor</i>
Sb06g026440.1	-6,02	<i>dna helicase domain-containing protein</i>
Sb06g026460.1	2,03	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like</i>
Sb06g026460.2	2,05	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like</i>
Sb06g026500.1	22,88	<i>late elongated hypocoty</i>
Sb06g026560.1	-2,26	<i>multiple chloroplast division site 1</i>
Sb06g026600.1	-7,1	<i>glutamate-gated kainate-type ion channel receptor subunit 5</i>
Sb06g026775.1	20,07	<i>probable purine permease 11-like</i>
Sb06g026830.1	-2,12	<i>abc transporter c family member 9-like</i>
Sb06g027000.1	-3,02	
Sb06g027050.1	-3,25	<i>atp binding</i>
Sb06g027240.1	2,28	<i>at1g32160 f3c3_6</i>
Sb06g027520.1	-6,63	<i>thylakoid lumenal 29 kda chloroplastic-like</i>
Sb06g027520.2	-7,42	<i>thylakoid lumenal 29 kda chloroplastic-like</i>
Sb06g027610.1	-4,59	<i>glucose-6-phosphate 1-epimerase-like</i>
Sb06g027620.1	2,58	<i>ring u-box domain-containing protein</i>
Sb06g027690.1	-7,4	
Sb06g027770.1	87,92	<i>calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like</i>
Sb06g027830.1	-2,2	<i>uncharacterized membrane protein at1g16860-like</i>
Sb06g027870.1	-2,52	<i>plastid-lipid-associated protein 8</i>
Sb06g028030.1	2,32	<i>protein phosphatase</i>
Sb06g028040.1	1,47	<i>general transcription factor iie subunit</i>
Sb06g028110.1	∞	
Sb06g028170.1	-2,89	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g028170 [Sorghum bicolor]</i>
Sb06g028310.1	1,45	
Sb06g028360.1	3,14	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g028360 [Sorghum bicolor]</i>
Sb06g028380.1	6,57	<i>potassium transporter 11-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g028450.1	-7,25	<i>protein</i>
Sb06g028460.1	3,53	<i>narrow leaf 1</i>
Sb06g028510.1	39	<i>protein argonaute 2-like</i>
Sb06g028650.1	-3,9	<i>ribosomal protein l3</i>
Sb06g028880.1	-1,63	<i>abc transporter c family member 2-like</i>
Sb06g028900.2	-1,8	<i>serine threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 3-like</i>
Sb06g028970.1	-2,24	<i>probable polyamine oxidase 2-like</i>
Sb06g029020.1	-2,84	<i>gcst_flapr ame: full= mitochondrial ame: full=glycine cleavage system t protein short=gcvf flags: precursor</i>
Sb06g029050.1	-3,25	<i>soluble starch synthase iii-1</i>
Sb06g029210.1	-5,17	<i>chloroplast lipocalin</i>
Sb06g029210.2	-4,39	<i>chloroplast lipocalin</i>
Sb06g029290.1	∞	<i>nb-arc domain containing expressed</i>
Sb06g029490.1	2,97	<i>thioredoxin h</i>
Sb06g029680.1	5,19	
Sb06g029770.1	-2,95	<i>receptor-like kinase</i>
Sb06g029790.1	-7,73	<i>receptor-like serine threonine-protein kinase sd1-8-like</i>
Sb06g029820.1	-3,01	<i>diacylglycerol kinase 3</i>
Sb06g030080.1	-3,93	
Sb06g030160.1	-3,76	<i>glutamyl-trna reductase</i>
Sb06g030290.1	3,75	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_06g030290 [Sorghum bicolor]</i>
Sb06g030295.1	4,27	
Sb06g030510.1	-4,23	<i>haloalkane dehalogenase 2-like</i>
Sb06g030530.1	-3,83	<i>chloride channel</i>
Sb06g030550.1	1,84	<i>protein k1aa0664 homolog</i>
Sb06g030610.1	-2,99	<i>lrr binding protein</i>
Sb06g030660.1	-2,9	<i>dehydration responsive element binding protein</i>
Sb06g030800.1	-3,77	<i>cysteine protease 1 precursor</i>
Sb06g030800.2	-3,28	<i>cysteine protease 1 precursor</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb06g030800.3	-4,01	<i>cysteine protease 1 precursor</i>
Sb06g030910.1	-17,48	<i>l-asparaginase</i>
Sb06g030980.1	-5,24	<i>sulfate bicarbonate oxalate exchanger and transporter sat-1</i>
Sb06g031020.1	13,5	<i>nuclease i</i>
Sb06g031240.1	-1,45	<i>plasma membrane h⁺-atpase</i>
Sb06g031530.1	24,28	<i>probable amino acid permease 7-like</i>
Sb06g031860.1	2,09	<i>phd finger-like domain-containing protein 5a</i>
Sb06g032160.1	1,79	<i>phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein</i>
Sb06g032180.1	4,88	<i>immutans protein</i>
Sb06g032370.1	-2,93	<i>phytol kinase</i>
Sb06g032440.1	-1,78	<i>narrow leaf 1</i>
Sb06g032520.1	-3,59	<i>phytosulfokine receptor precursor</i>
Sb06g032690.1	-14,08	<i>chlorophyll a-b binding protein cp24</i>
Sb06g032740.1	-2,33	<i>magnesium chelatase h subunit</i>
Sb06g032880.1	-1,77	<i>mybr domain class transcription factor</i>
Sb06g033075.1	3,71	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g56140-like</i>
Sb06g033310.1	-2,78	<i>k(+) efflux antiporter chloroplastic-like</i>
Sb06g033320.1	2,14	<i>dna mismatch repair protein</i>
Sb06g033420.1	18,6	<i>disease resistance rpp13-like protein 1-like</i>
Sb06g033440.1	-4,17	<i>glutathione peroxidase</i>
Sb06g034080.1	15,66	<i>phosphatidylinositol-4-phosphate 5-</i>
Sb07g000380.1	6,76	<i>farnesylated protein 2</i>
Sb07g000590.1	2,37	<i>phosphatidylinositol -kinase-like</i>
Sb07g000600.1	-3,26	<i>ferredoxin- chloroplastic precursor</i>
Sb07g000610.1	3,12	<i>ferredoxin- chloroplastic precursor</i>
Sb07g000620.1	3,6	<i>ferredoxin- chloroplastic precursor</i>
Sb07g000660.1	1,55	<i>protein</i>
Sb07g000730.1	-10,07	<i>protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb07g000730.2	∞	<i>protein</i>
Sb07g000980.1	1,73	<i>adenylate kinase</i>
Sb07g001250.1	26,17	<i>mads-box transcription factor 26</i>
Sb07g001570.1	-2,73	<i>60s acidic ribosomal protein p1</i>
Sb07g001670.1	-3,22	<i>40s ribosomal protein s13</i>
Sb07g001980.1	-2,32	<i>initiation factor 3g</i>
Sb07g002090.1	2,12	<i>ma3 domain-containing protein</i>
Sb07g002140.1	3,65	
Sb07g002230.2	-5,32	<i>lysine histidine transporter 1-like</i>
Sb07g002320.2	-5,49	
Sb07g002560.1	-2,61	<i>60s acidic ribosomal protein p0</i>
Sb07g002630.1	-4,51	<i>galactosyltransferase family</i>
Sb07g002770.1	-3,56	<i>tryptophan synthase beta-subunit</i>
Sb07g002850.1	-8,07	<i>transferring glycosyl</i>
Sb07g002945.1	-3,89	<i>snf2 domain helicase domain-containing protein</i>
Sb07g002950.1	-9,25	
Sb07g002950.2	-8,09	
Sb07g003020.1	∞	<i>aromatic-l-amino-acid decarboxylase-like</i>
Sb07g003040.1	∞	<i>aromatic-l-amino-acid decarboxylase-like</i>
Sb07g003060.1	2,26	<i>vesicle-associated protein 4-2-like</i>
Sb07g003070.1	6,79	<i>external nadh-ubiquinone oxidoreductase mitochondrial-like</i>
Sb07g003170.1	-1,57	<i>myb transcription factor</i>
Sb07g003240.1	-13,02	<i>receptor kinase lecrk</i>
Sb07g003850.1	-5,82	<i>udp-glycosyltransferase 83a1-like</i>
Sb07g003870.1	9,26	<i>coc1</i>
Sb07g004050.1	-4,02	<i>lsd one like 1 protein</i>
Sb07g004180.1	-2,48	<i>ramosa 1 enhancer locus 2</i>
Sb07g004260.1	-2,68	<i>acyl- -binding protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb07g004270.1	-6,06	<i>protein</i>
Sb07g004290.1	-2,79	<i>40s ribosomal protein</i>
Sb07g004390.1	-13,18	<i>abc transporter g family member 14-like</i>
Sb07g004900.1	5,49	<i>transcription factor tga4</i>
Sb07g004973.1	-2,73	<i>b-box type zinc finger-containing protein</i>
Sb07g005210.1	28,13	<i>transmembrane protein 189-like</i>
Sb07g005220.1	-7,85	<i>crs2-associated factor mitochondrial-like</i>
Sb07g005390.1	2,69	<i>aconitate hydratase</i>
Sb07g005460.2	2,86	<i>glyoxalase i</i>
Sb07g005470.1	-6,74	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>
Sb07g005610.1	-11,91	<i>nac domain protein nac1</i>
Sb07g005620.1	-4,64	<i>serine threonine-protein kinase receptor precursor</i>
Sb07g005660.1	-2,12	<i>photosystem ii 10 kda polypeptide</i>
Sb07g005820.1	-3,93	<i>receptor-like serine threonine kinase</i>
Sb07g006005.1	∞	<i>potassium transporter</i>
Sb07g006090.1	15,16	<i>mannitol dehydrogenase</i>
Sb07g006910.1	3,01	<i>f-box protein</i>
Sb07g007500.1	12,75	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g007500 [Sorghum bicolor]</i>
Sb07g007540.1	-1,47	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>
Sb07g008860.1	2,23	<i>protein</i>
Sb07g009460.1	-2,88	
Sb07g011060.1	2,34	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g011060 [Sorghum bicolor]</i>
Sb07g012320.1	-2,17	<i>adp-glucose pyrophosphorylase small subunit</i>
Sb07g012320.2	-2,12	<i>adp-glucose pyrophosphorylase small subunit</i>
Sb07g015150.1	11,14	<i>and hydrolase domain-containing protein</i>
Sb07g015410.1	∞	
Sb07g019250.1	-3,78	<i>protein like sex4 1</i>
Sb07g019320.1	-7,36	<i>peptidyl-prolyl cis-trans isomerase chloroplastic-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb07g019480.1	1,9	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g019480 [Sorghum bicolor]</i>
Sb07g019910.1	-4,19	
Sb07g020050.1	-5,39	<i>sulfate transporter</i>
Sb07g020130.1	-2,15	<i>s-adenosylmethionine-dependent methyltransferase</i>
Sb07g020270.1	-9,2	<i>probable -trehalose-phosphate synthase</i>
Sb07g020640.1	1,89	<i>methylcrotonoyl- carboxylase beta mitochondrial-like</i>
Sb07g020740.1	2,49	<i>type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase cvp2-like</i>
Sb07g020880.1	128,21	
Sb07g020930.1	-3,52	<i>fyve finger-containing phosphoinositide</i>
Sb07g021260.1	-7,09	<i>chlorophyll a-b binding protein 4</i>
Sb07g021260.2	-7,18	<i>chlorophyll a-b binding protein 4</i>
Sb07g021260.3	-7,69	<i>chlorophyll a-b binding protein 4</i>
Sb07g021330.1	43,55	<i>ribonuclease t2</i>
Sb07g021410.1	-1,63	<i>60s ribosomal protein l34</i>
Sb07g021630.1	-2,62	<i>nadp-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase</i>
Sb07g021640.1	-2,28	<i>chloroplast omega-6 fatty acid desaturase</i>
Sb07g021760.1	3,85	<i>anthranilate n-benzoyltransferase protein 1</i>
Sb07g021840.1	413,88	
Sb07g021850.1	∞	
Sb07g022280.1	3,46	<i>leucine zipper-containing protein</i>
Sb07g022290.1	8,69	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g022290 [Sorghum bicolor]</i>
Sb07g022670.1	5,25	<i>glutamate decarboxylase</i>
Sb07g022670.2	3,62	<i>glutamate decarboxylase</i>
Sb07g022670.3	5,06	<i>glutamate decarboxylase</i>
Sb07g023080.1	-2,38	<i>3-beta hydroxysteroid dehydrogenase isomerase</i>
Sb07g023145.1	4,82	<i>gibberellin receptor gid1l2</i>
Sb07g023290.1	∞	<i>loc100281002 precursor</i>
Sb07g023340.1	-2,23	<i>protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb07g023470.1	2,94	<i>proton gradient regulation 5</i>
Sb07g023500.1	4,83	<i>pfkb-like carbohydrate kinase family protein</i>
Sb07g023740.1	4,57	<i>abc transporter f family member 1-like</i>
Sb07g023840.1	-4,84	<i>protein transparent testa 12-like</i>
Sb07g024190.1	1,9	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_07g024190 [Sorghum bicolor]</i>
Sb07g024260.1	-22,6	<i>chalcone synthase</i>
Sb07g024270.1	-369,68	<i>o-methyltransferase zrp4</i>
Sb07g024320.1	5,33	<i>monodehydroascorbate reductase</i>
Sb07g024400.1	1,73	<i>nucleic acid-binding protein</i>
Sb07g024430.1	6,4	<i>cysteine proteinase</i>
Sb07g024460.1	9,96	<i>nadh dehydrogenase</i>
Sb07g024590.1	1,75	<i>nadph-dependent reductase</i>
Sb07g024990.1	-9,69	<i>flavonoid 3 -monooxygenase-like</i>
Sb07g025040.1	-7,81	<i>kinesin heavy chain</i>
Sb07g025840.1	-5,81	<i>glycyl-trna synthetase</i>
Sb07g025960.1	1,87	
Sb07g026090.1	3,13	<i>amino acid binding</i>
Sb07g026290.1	-2,71	<i>sulfite oxidase</i>
Sb07g026380.1	∞	<i>thioesterase family protein</i>
Sb07g026640.1	10	<i>membrane protein</i>
Sb07g026810.1	43,9	<i>calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like</i>
Sb07g026920.1	4,43	<i>protein</i>
Sb07g026920.2	4,86	<i>protein</i>
Sb07g027010.1	-3,08	<i>protein brittle- chloroplastic amyloplastic-like</i>
Sb07g027080.1	2,13	<i>auxin response factor 7a</i>
Sb07g027180.1	-4,81	<i>chaperone protein dnaj-related protein</i>
Sb07g027480.1	10,5	<i>3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase 3-like</i>
Sb07g027510.1	2,62	<i>at-hook protein 1</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb07g027830.1	-3,58	<i>protein</i>
Sb07g027880.1	-4,22	<i>nucleolar protein gar2-like protein</i>
Sb07g027890.1	-2,31	<i>60s ribosomal protein l31</i>
Sb07g028030.1	16,86	<i>tonoplast dicarboxylate transporter</i>
Sb07g028100.1	-24,47	<i>wall-associated receptor kinase 4-like</i>
Sb07g028250.1	2,15	
Sb07g028430.1	11,07	<i>wrky dna-binding protein</i>
Sb07g028470.1	-39,59	<i>tir-nbs resistance protein</i>
Sb07g028530.1	6,06	<i>caffeoyl- o-methyltransferase 1</i>
Sb07g028540.1	6,51	<i>wpp domain-interacting protein 1-like</i>
Sb07g028550.1	8,19	<i>uncharacterized wd repeat-containing</i>
Sb07g028620.1	2,9	<i>alkaline alpha-galactosidase seed imbibition protein</i>
Sb07g028630.1	28,92	
Sb07g028690.1	-21,65	<i>anthranilic acid methyltransferase 1</i>
Sb07g028710.1	∞	<i>ring-h2 finger protein</i>
Sb07g028740.1	-19,12	<i>oligopeptide transporter opt family</i>
Sb07g028750.1	4,12	<i>protein kinase</i>
Sb07g028880.1	-2,01	<i>protein</i>
Sb07g028940.1	2,94	<i>chaperone protein htpg family protein</i>
Sb07g029040.1	10,77	<i>aldolase-type tim barrel family protein</i>
Sb07g029080.1	2,61	<i>2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthetase</i>
Sb07g029190.1	3,56	<i>letm1-like protein</i>
Sb08g000350.1	-2,23	<i>mitochondrial substrate carrier family protein</i>
Sb08g000390.1	-6,7	<i>atp-dependent clp protease atp-binding subunit clpl</i>
Sb08g000600.1	-15,4	<i>aminotransferase family protein</i>
Sb08g000840.1	∞	<i>ca(2+)-dependent nuclease-like protein</i>
Sb08g001340.1	-5,46	<i>protein nap1</i>
Sb08g001400.2	12,33	<i>carbohydrate transporter sugar porter transporter</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb08g001710.1	14,5	<i>mate efflux family expressed</i>
Sb08g001890.1	-2,53	<i>fha domain containing expressed</i>
Sb08g002330.1	-19,49	<i>root phototropism protein</i>
Sb08g002670.1	25,89	<i>lipid-transfer protein</i>
Sb08g002680.1	5,71	<i>phospholipid transfer protein 1</i>
Sb08g002690.1	5,8	<i>phospholipid transfer protein 1</i>
Sb08g002740.1	∞	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase expressed</i>
Sb08g002850.1	-7,07	<i>stem-specific protein expressed</i>
Sb08g002850.2	-4,97	<i>stem-specific protein expressed</i>
Sb08g002850.3	-6,23	<i>stem-specific protein expressed</i>
Sb08g002850.4	-6,13	<i>stem-specific protein expressed</i>
Sb08g002870.1	3,09	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_08g002870 [Sorghum bicolor]</i>
Sb08g002890.2	-1,95	<i>pyruvate kinase</i>
Sb08g003140.1	7,94	<i>purple acid phosphatase 22-like</i>
Sb08g003210.1	12,84	<i>cen</i>
Sb08g003220.1	-2,11	<i>protein</i>
Sb08g003290.1	-5,2	<i>protein</i>
Sb08g003300.1	-4,99	<i>tetrapyrrole-binding chloroplastic-like</i>
Sb08g003440.1	-6,65	<i>glycine dehydrogenase</i>
Sb08g003970.1	5,13	<i>actin 1</i>
Sb08g003970.2	4,3	<i>actin 1</i>
Sb08g003970.3	4,26	<i>actin 1</i>
Sb08g004190.1	12,26	
Sb08g004190.2	12,22	
Sb08g004200.1	∞	<i>eca1 protein</i>
Sb08g004240.1	-2,37	<i>5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase</i>
Sb08g004300.1	-7,33	<i>magnesium-chelatase subunit chloroplastic-like</i>
Sb08g004330.2	-2,25	<i>long chain acyl- synthetase 9</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb08g004380.1	2,89	<i>vacuolar atp synthase 16 kda proteolipid subunit</i>
Sb08g004390.1	3,86	<i>vacuolar atp synthase 16 kda proteolipid subunit</i>
Sb08g004500.1	-4,19	<i>fructose-bisphosphate aldolase</i>
Sb08g004540.1	2,93	<i>alpha-()-fucosyltransferase-like</i>
Sb08g004560.1	-4,66	<i>protein</i>
Sb08g004650.1	-2,65	<i>duf246 domain-containing protein at1g04910-like</i>
Sb08g005180.1	3,29	<i>2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha mitochondrial expressed</i>
Sb08g005180.2	3,62	<i>2-oxoisovalerate dehydrogenase e1 alpha subunit</i>
Sb08g005180.3	3,56	<i>2-oxoisovalerate dehydrogenase alpha mitochondrial expressed</i>
Sb08g005210.1	-5,12	<i>precursor of carboxylase h-protein glycine decarboxylase complex</i>
Sb08g005260.1	-3,15	<i>thioredoxin m-type</i>
Sb08g005300.1	-1,4	<i>photosystem i reaction center subunit n</i>
Sb08g005300.2	-1,62	<i>photosystem i reaction center subunit n</i>
Sb08g005400.1	-3,07	<i>bacterial blight resistance protein xa26</i>
Sb08g005410.1	2,76	<i>gdp-l-galactose phosphorylase 1-like</i>
Sb08g005430.1	2,65	<i>psbp domain-containing protein chloroplastic-like</i>
Sb08g005500.1	-2,74	<i>rna binding protein</i>
Sb08g005660.1	4,31	<i>amino acid permease expressed</i>
Sb08g007270.1	-2,43	<i>nadp-dependent alkenal double bond reductase p1-like</i>
Sb08g007300.1	4,26	<i>glutathione transferase</i>
Sb08g007700.1	-85,06	<i>pot family expressed</i>
Sb08g007750.1	-5,37	<i>chaperone protein chloroplastic-like</i>
Sb08g007750.2	2,65	<i>chaperone protein chloroplastic-like</i>
Sb08g012980.1	2,22	<i>abc transporter f family member 1-like</i>
Sb08g013620.1	-1,74	<i>swt13_orysj ame: full=bidirectional sugar transporter sweet13 short= 13</i>
Sb08g014040.1	2,65	<i>swt13_orysj ame: full=bidirectional sugar transporter sweet13 short= 13</i>
Sb08g014070.1	24,44	<i>gem-like protein 5</i>
Sb08g014320.1	-1,9	<i>auxin response factor expressed</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb08g014640.1	-7,8	<i>epoxide hydrolase</i>
Sb08g014870.1	-2,1	
Sb08g015010.1	-3,14	<i>40s ribosomal protein s6</i>
Sb08g015440.1	2,12	<i>chaperone -domain containing protein</i>
Sb08g016060.1	3092,02	<i>ureide permease expressed</i>
Sb08g016400.1	-5,02	<i>2 -deoxymugineic-acid 2 -dioxygenase-like</i>
Sb08g016530.1	-6,54	<i>sugar transporter family expressed</i>
Sb08g016630.1	-3,06	<i>2-oxoglutarate malate translocator</i>
Sb08g016790.1	-10,39	<i>skip interacting protein 29</i>
Sb08g016890.1	4,86	<i>hat dimerisation domain-containing</i>
Sb08g016960.1	2,89	<i>protein</i>
Sb08g017000.1	2,12	<i>acyl carrier protein 3</i>
Sb08g017670.1	2,23	<i>f-box lrr-repeat protein</i>
Sb08g018490.1	6,5	<i>membrane magnesium transporter 1-like</i>
Sb08g018580.1	-7,93	<i>myb transcription factor</i>
Sb08g018580.3	-7,53	<i>myb family transcription expressed</i>
Sb08g018580.4	-11,19	<i>myb family transcription expressed</i>
Sb08g018650.2	-4,29	<i>60s ribosomal protein l2</i>
Sb08g019100.1	-4,48	
Sb08g019390.1	-18,46	<i>protein</i>
Sb08g019520.1	-1,83	<i>serine hydroxymethyltransferase</i>
Sb08g019525.1	3,26	<i>uncharacterized membrane protein ylr241w-like</i>
Sb08g019550.1	-7,29	<i>aspartic proteinase nepenthesin-1-like</i>
Sb08g019580.1	-3,5	<i>xanthine uracil permease family expressed</i>
Sb08g019790.1	-2,97	<i>adenine phosphoribosyltransferase 1</i>
Sb08g019890.1	-5,06	<i>anthocyanidin -o-glucosyltransferase-like</i>
Sb08g020590.1	- ∞	<i>auxin-induced protein</i>
Sb08g020600.1	-22,14	<i>light-inducible protein cprf2-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb08g020690.1	-18,67	<i>cbl-interacting serine threonine-protein kinase 7</i>
Sb08g020810.1	4,16	<i>methylcrotonoyl- carboxylase subunit alpha</i>
Sb08g020830.1	2,82	<i>homocysteine s-methyltransferase</i>
Sb08g021080.1	218,62	<i>transcription factor</i>
Sb08g021320.1	3,46	
Sb08g021610.1	-1,39	<i>mpbq msbq methyltransferase 2</i>
Sb08g021770.1	1,57	<i>pyruvate dehydrogenase e1 component subunit beta</i>
Sb08g021890.1	1,91	<i>large subunit gtpase 1 homolog</i>
Sb08g021910.1	-6,19	<i>nuclear transcription factor y subunit a-10</i>
Sb08g021950.1	∞	<i>probable lrr receptor-like serine threonine-protein kinase at3g47570-like</i>
Sb08g022010.1	-2,14	<i>protein</i>
Sb08g022210.1	2,01	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>
Sb08g022210.2	2,36	<i>5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine expressed</i>
Sb08g022310.1	8,82	<i>phytoene synthase 2</i>
Sb08g022520.1	4,84	<i>phospholipase d</i>
Sb08g022740.1	-4,28	<i>glycine-rich rna binding protein</i>
Sb08g022780.1	20,87	<i>receptor-like protein kinase haiku2-like</i>
Sb08g022840.1	3,64	<i>early-responsive to dehydration expressed</i>
Sb08g022930.1	-6,97	<i>glyoxalase bleomycin resistance protein dioxygenase</i>
Sb08g022970.1	7,28	<i>epoxide hydrolase 2</i>
Sb08g023000.1	-7,55	<i>purple acid phosphatase precursor</i>
Sb08g023130.1	3,58	<i>nodulin-like protein</i>
Sb08g023270.2	-2,16	<i>at1g68060 t23k23_9</i>
Sb09g000365.1	-12,99	<i>protein</i>
Sb09g000490.1	-5,62	<i>methionine s-methyltransferase</i>
Sb09g000970.1	2,97	<i>cytochrome b5</i>
Sb09g001050.1	-2030,77	<i>maize proteinase inhibitor</i>
Sb09g001450.1	-5,3	<i>act domain-containing protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g001500.1	-2,3	<i>actin depolymerizing factor 4</i>
Sb09g001530.1	-8,87	<i>soluble inorganic pyrophosphatase</i>
Sb09g001550.1	- ∞	<i>protein transport protein sec61 beta subunit</i>
Sb09g001590.1	-7,05	<i>myb transcription factor</i>
Sb09g001850.1	5,19	<i>calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like</i>
Sb09g002040.1	-1,77	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g002040 [Sorghum bicolor]</i>
Sb09g002080.1	-4,69	<i>ethylene-responsive transcription factor rap2-7-like</i>
Sb09g002180.1	-5,1	<i>senescence-associated protein</i>
Sb09g002190.1	∞	<i>lob domain protein</i>
Sb09g002260.1	20,07	<i>isovaleryl- dehydrogenase</i>
Sb09g002270.1	3,91	<i>senescence-associated protein</i>
Sb09g002480.1	2,76	<i>acetylornithine aminotransferase</i>
Sb09g002550.1	23,2	<i>cysteine-rich receptor-like protein kinase 2</i>
Sb09g002840.1	2,67	<i>s-adenosylmethionine synthetase</i>
Sb09g002950.1	-1,63	<i>soluble diacylglycerol acyltransferase</i>
Sb09g002960.2	1,78	<i>aspartic proteinase</i>
Sb09g002960.3	-2,14	<i>aspartic proteinase</i>
Sb09g003060.1	44,58	<i>low temprature induced-like protein</i>
Sb09g003100.1	-34,13	<i>myb transcription factor</i>
Sb09g003180.1	10,35	<i>10-deacetylbaecatin iii 10-o-acetyltransferase</i>
Sb09g003230.1	2,12	<i>phosphoglycerate mutase det1-like</i>
Sb09g003250.1	4,18	
Sb09g003265.1	-3,66	
Sb09g003280.1	∞	<i>mitogen-activated protein kinase 2</i>
Sb09g003630.1	-3,44	<i>thioredoxin f</i>
Sb09g003630.2	-3,24	<i>thioredoxin f-type</i>
Sb09g003800.1	-5,84	<i>acc oxidase</i>
Sb09g004020.1	-3,75	<i>translocase of chloroplast chloroplastic-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g004170.1	-13,07	<i>3 -bisphosphate nucleotidase</i>
Sb09g004290.1	-2,82	<i>60s ribosomal protein l18</i>
Sb09g004470.1	2,35	<i>universal stress protein family protein</i>
Sb09g004510.1	-6,06	<i>grain size 5</i>
Sb09g004600.1	12,33	<i>triacylglycerol lipase</i>
Sb09g004630.1	-4,5	<i>40s ribosomal protein s27a</i>
Sb09g004680.1	3,42	<i>receptor-like protein kinase herk 1-like</i>
Sb09g004840.1	5,72	<i>glutaryl- dehydrogenase</i>
Sb09g005280.1	-6,76	<i>cellulose synthase</i>
Sb09g005510.1	645,21	<i>udp-glycosyltransferase 75d1-like</i>
Sb09g005570.1	2,66	<i>heat shock 70 kda protein 4</i>
Sb09g005910.1	-4,62	
Sb09g006050.1	6,34	<i>zinc finger ccch domain-containing protein 20-like</i>
Sb09g006060.1	14,85	<i>mcb2 protein</i>
Sb09g007190.1	-3,09	<i>serine threonine kinase protein</i>
Sb09g007200.1	-5,5	<i>serine threonine kinase protein</i>
Sb09g007890.1	-4,45	<i>aux iaa protein</i>
Sb09g007890.2	-4,75	<i>aux iaa protein</i>
Sb09g007940.1	16,75	<i>aquaporin tip4-2</i>
Sb09g008180.1	∞	<i>branched-chain-amino-acid aminotransferase-like protein chloroplastic-like</i>
Sb09g010000.1	- ∞	<i>protein plastid transcriptionally active 16</i>
Sb09g011240.1	1,74	<i>uncharacterized aarf domain-containing protein kinase chloroplastic-like</i>
Sb09g011450.1	3,17	<i>superoxide dismutase</i>
Sb09g013790.1	4,61	<i>adenine guanine permease azg1-like</i>
Sb09g015245.1	-8,54	<i>nitrate chlorate transporter</i>
Sb09g015920.1	296,86	<i>casp-like protein at2g38480-like</i>
Sb09g016600.1	1,96	<i>ran-binding protein 1</i>
Sb09g017280.1	2,85	<i>mitochondrial carrier protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g017821.1	-1,68	<i>protein</i>
Sb09g017990.1	3,9	<i>protein</i>
Sb09g018070.1	7,42	<i>udp-glucuronic acid decarboxylase</i>
Sb09g018160.1	-2,57	<i>beta-glucosidase 5-like isoform 1</i>
Sb09g018290.1	-16,15	<i>protein far1-related sequence 5-like</i>
Sb09g018420.1	∞	<i>dhn9</i>
Sb09g018430.1	-5,35	<i>general transcription factor 2-related zinc finger protein</i>
Sb09g018630.1	32,21	<i>eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-1</i>
Sb09g019100.1	-2,12	<i>udp-sulfoquinovose synthase</i>
Sb09g019130.1	6,39	<i>nad kinase 1</i>
Sb09g019170.1	7,33	<i>50s ribosomal protein l1</i>
Sb09g019350.1	3,32	<i>beta-mannosidase</i>
Sb09g019430.1	2,14	<i>peroxisomal carrier protein</i>
Sb09g019480.1	-2,64	<i>isoamylase-type starch debranching enzyme iso2</i>
Sb09g019630.1	5,03	<i>endo- -beta-d-glucanase</i>
Sb09g019840.1	-2,85	<i>resistance to phytophthora 1 protein</i>
Sb09g019930.1	-2,29	<i>cytosolic orthophosphate dikinase</i>
Sb09g019930.2	-2,24	<i>cytosolic orthophosphate dikinase</i>
Sb09g019930.3	-2,26	<i>cytosolic orthophosphate dikinase</i>
Sb09g020080.1	7,04	<i>tpa: gid1-like gibberellin receptor</i>
Sb09g020120.1	8,96	<i>alpha beta-hydrolase domain-containing protein</i>
Sb09g020170.1	1,88	<i>cysteine inhibitor 1</i>
Sb09g020280.1	∞	<i>probable nitrite transporter at1g68570-like</i>
Sb09g020330.1	1,62	<i>nucleic acid binding protein</i>
Sb09g020330.2	1,6	<i>nucleic acid binding protein</i>
Sb09g020330.3	1,8	<i>nucleic acid binding protein</i>
Sb09g020380.1	∞	
Sb09g020380.2	∞	

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g020550.1	-4,42	<i>mlo-like protein 1</i>
Sb09g020620.1	-5,07	<i>upf0420 protein c16orf58 homolog</i>
Sb09g020710.1	3,41	<i>cytochrome c</i>
Sb09g020750.1	9,24	<i>nac transcription factor</i>
Sb09g020840.1	1,76	<i>f-box protein fbl2</i>
Sb09g020850.1	2,14	<i>scarecrow-like protein 1-like</i>
Sb09g020930.1	-3,53	<i>secondary cell wall-related glycosyltransferase family 8</i>
Sb09g021090.1	-1181,15	<i>rna recognition motif-containing protein</i>
Sb09g021090.2	2,64	<i>rna recognition motif-containing protein</i>
Sb09g021330.1	5,22	<i>oligopeptide transporter</i>
Sb09g021800.1	-13,73	<i>glucan endo- -beta-glucosidase 7 precursor</i>
Sb09g021900.1	2,86	<i>60s acidic ribosomal protein</i>
Sb09g021950.1	∞	<i>starch binding domain containing protein</i>
Sb09g021990.1	-11,91	<i>aux1-like permease</i>
Sb09g022260.1	-7,83	
Sb09g022360.1	5,34	<i>aldose reductase</i>
Sb09g022410.1	73,6	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb09g022410.2	23,41	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb09g022410.3	22,22	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb09g022430.1	11,02	<i>glycerol-3-phosphate acyltransferase 5</i>
Sb09g022570.1	-3,51	<i>60s ribosomal protein l36-2</i>
Sb09g022720.1	-1210,25	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g022720 [Sorghum bicolor]</i>
Sb09g022930.1	8,32	<i>protein</i>
Sb09g022940.1	7,27	<i>ctd small phosphatase-like protein</i>
Sb09g023040.1	38832,01	<i>upf0098 protein mth_273-like</i>
Sb09g023200.1	-11,42	<i>cation proton exchanger</i>
Sb09g023300.1	2,45	<i>protein</i>
Sb09g023310.1	22,12	<i>alanine--glyoxylate aminotransferase 2 homolog mitochondrial-like</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g023320.1	-5,01	<i>nodulin-like protein</i>
Sb09g023610.1	-2,59	<i>acetyltransferase nsi</i>
Sb09g023830.1	-4,78	<i>protein</i>
Sb09g024040.1	1,62	<i>calmodulin</i>
Sb09g024230.1	-3,17	<i>cysteine proteinase inhibitor</i>
Sb09g024250.1	2,35	<i>plastidic phosphate translocator-like protein1</i>
Sb09g024340.1	-5,09	<i>phosphoglycerate kinase</i>
Sb09g024530.1	1,99	<i>protein translation factor sui1</i>
Sb09g024840.1	-3,61	<i>sulfite reductase</i>
Sb09g024930.1	-5,35	<i>calreticulin protein</i>
Sb09g024940.1	6,01	<i>cysteine protease component of protease-inhibitor complex</i>
Sb09g024960.1	-3,48	<i>thioredoxin h-type</i>
Sb09g024990.1	-4,84	<i>histone h1flk</i>
Sb09g025010.1	-4,24	<i>photosystem ii reaction center w protein</i>
Sb09g025230.4	8,63	<i>transmembrane protein 56-like</i>
Sb09g025290.1	3,1	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_09g025290 [Sorghum bicolor]</i>
Sb09g025480.1	-6,29	<i>cytochrome p450</i>
Sb09g025620.1	1,57	<i>ras-related protein rab7</i>
Sb09g025790.1	-4,91	<i>trehalose-6-phosphate synthase</i>
Sb09g025830.1	-2,19	<i>protein kinase</i>
Sb09g026000.1	-57,4	<i>glycerol-3-phosphate acyltransferase 1</i>
Sb09g026100.1	10,98	<i>auxin-responsive aux iaa family protein</i>
Sb09g026130.1	5,32	
Sb09g026150.1	4,12	<i>6-phosphofructokinase 3-like</i>
Sb09g026210.1	9,86	<i>seed maturation protein</i>
Sb09g026410.1	5,16	<i>chaperone protein dnaj</i>
Sb09g026450.1	3,09	<i>snf1-related protein kinase catalytic subunit alpha kin10</i>
Sb09g026550.1	-2,08	<i>plasminogen activator inhibitor 1 rna-binding protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g026630.1	-9,38	
Sb09g026860.1	39,93	<i>protein phosphatase 2c</i>
Sb09g026900.1	-2,39	<i>adp atp translocase-like protein</i>
Sb09g026990.1	- ∞	
Sb09g027110.1	6808,06	
Sb09g027110.2	6692,24	
Sb09g027440.1	-2,35	<i>secondary cell wall-related glycosyltransferase family 47</i>
Sb09g027600.1	516,85	<i>nonspecific lipid-transfer protein akcs9 precursor</i>
Sb09g027620.1	-6,75	<i>zinc finger</i>
Sb09g027686.1	5,64	<i>chloroplastic group iia intron splicing facilitator crs1</i>
Sb09g027690.1	-5,34	<i>guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein</i>
Sb09g028260.1	-6,39	<i>photosystem i psah protein</i>
Sb09g028390.1	5,36	
Sb09g028440.1	∞	<i>protein</i>
Sb09g028490.1	-3,27	<i>fasciclin-like arabinogalactan protein 7 precursor</i>
Sb09g028570.1	3,93	<i>sucrose-phosphate synthase</i>
Sb09g028590.1	-2,64	<i>60s ribosomal protein l18a</i>
Sb09g028690.1	-3,03	<i>mitogen activated protein kinase 20-4</i>
Sb09g028710.1	3,89	<i>cold acclimation protein cor413-tm1</i>
Sb09g028720.1	-8,94	<i>chlorophyll a-b binding protein 1</i>
Sb09g028890.1	3,91	<i>iron-sulfur cluster assembly enzyme mitochondrial-like</i>
Sb09g028990.1	16,76	<i>g-box binding factor 1</i>
Sb09g029030.1	1,84	<i>protein spa1-related 2-like</i>
Sb09g029070.1	15,7	<i>pinus taeda anonymous locus 2_2931_01 genomic sequence</i>
Sb09g029080.1	814,08	<i>probable protein phosphatase 2c 8-like</i>
Sb09g029130.1	12,77	<i>ctp synthase</i>
Sb09g029260.1	187,15	<i>beta-ketoacyl-coa synthase family protein</i>
Sb09g029295.1	4,41	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb09g029360.1	-1,77	<i>protein chup1</i>
Sb09g029360.2	-1,63	<i>protein chup1</i>
Sb09g029560.1	-33,58	<i>protein</i>
Sb09g029575.1	-16,73	<i>protein</i>
Sb09g029580.1	-3,27	<i>auxilin-related protein 2-like</i>
Sb09g029720.1	2,76	<i>mitogen-activated protein kinase 10-like</i>
Sb09g029730.1	-2,36	<i>prenyl transferase</i>
Sb09g029780.1	1,54	<i>rna binding protein</i>
Sb09g029860.1	1,74	<i>late embryogenesis abundant protein lea14-a</i>
Sb09g029960.1	2,41	
Sb09g030050.1	-1,93	<i>gh3 family protein</i>
Sb09g030625.1	-5,96	
Sb09g030770.1	6,57	<i>protein</i>
Sb09g030830.1	-3,57	
Sb10g000230.1	-2,64	<i>plastocyanin</i>
Sb10g000240.1	-5,56	<i>btb poz domain-containing protein</i>
Sb10g000350.1	-1,75	<i>protein mei2-like 2-like</i>
Sb10g000360.1	8,05	<i>homogentisate -dioxygenase</i>
Sb10g000700.1	-3,7	<i>60s ribosomal protein l9</i>
Sb10g000720.1	-2,03	<i>ferredoxin-nadp oxidoreductase</i>
Sb10g000830.1	-48,51	<i>auxin-induced protein 5ng4-like</i>
Sb10g000910.1	48,81	<i>uridylate kinase</i>
Sb10g000940.1	1,75	<i>nucleic acid binding</i>
Sb10g001050.1	-2,02	<i>6-phosphogluconate dehydrogenase</i>
Sb10g001050.2	-2,35	<i>6-phosphogluconate dehydrogenase</i>
Sb10g001110.1	-2,82	<i>protein</i>
Sb10g001120.1	2,96	<i>isco large subunit-binding protein subunit beta</i>
Sb10g001190.1	882,03	<i>ozone-responsive stress related protein</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g001320.1	4,26	<i>vacuolar protein peptidase dimerization domain-containing protein</i>
Sb10g001560.1	-2,02	<i>seu1 protein</i>
Sb10g001670.1	-10,2	<i>oligopeptide transporter 7-like</i>
Sb10g001750.2	36,06	<i>e3 ubiquitin-protein ligase xbat33-like</i>
Sb10g001800.1	4,46	<i>short-chain dehydrogenase reductase family protein</i>
Sb10g001810.1	-2,19	
Sb10g001990.1	-5,67	<i>1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase</i>
Sb10g002040.1	1,87	<i>histone h3</i>
Sb10g002070.1	5,34	<i>arginine decarboxylase</i>
Sb10g002100.1	-19,41	<i>magnesium-protoporphyrin ix methyltransferase</i>
Sb10g002220.1	-4,38	<i>transketolase 1</i>
Sb10g002460.1	-4,75	<i>enolase</i>
Sb10g002780.1	2,16	<i>nudix hydrolase chloroplastic-like</i>
Sb10g002790.1	-3,48	<i>protein</i>
Sb10g002840.1	5,26	<i>nodulin-like protein</i>
Sb10g002840.2	5,03	<i>nodulin-like protein</i>
Sb10g003000.1	-1,48	<i>pre-mrna-splicing factor 38b</i>
Sb10g003120.1	2,18	<i>eukaryotic translation initiation factor 1a</i>
Sb10g003190.1	-2,12	<i>protein</i>
Sb10g003500.1	-2,91	<i>inhibitor of striate1</i>
Sb10g003700.1	364,87	<i>dehydrin 6</i>
Sb10g003740.1	-2,69	
Sb10g003820.1	2,28	<i>ring e3 ubiquitin ligase</i>
Sb10g003880.1	645,73	<i>gds1 esterase lipase</i>
Sb10g003930.1	-2,65	<i>alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>
Sb10g004070.1	-2,36	<i>abc transporter c family member 10-like isoform 1</i>
Sb10g004580.1	-3,74	<i>dehydration responsive element binding protein</i>
Sb10g004680.1	-1,44	<i>pre-mrna-processing-splicing factor 8-like</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g004940.1	-3,03	<i>40s ribosomal protein s30</i>
Sb10g004950.1	6,44	<i>galactinol--sucrose galactosyltransferase 6</i>
Sb10g005170.1	2,17	<i>iron ascorbate-dependent oxidoreductase</i>
Sb10g005250.1	8,11	<i>vacuolar proton-inorganic pyrophosphatase</i>
Sb10g005250.2	8,68	<i>vacuolar proton-inorganic pyrophosphatase</i>
Sb10g005340.1	2,5	<i>uncharacterized membrane protein ymr155w-like</i>
Sb10g005460.1	5,88	<i>salt-inducible protein kinase</i>
Sb10g005890.1	-1,6	
Sb10g006120.1	-15,54	<i>cytochrome p450</i>
Sb10g006240.1	7,46	<i>protein</i>
Sb10g006260.1	4,94	<i>erebp transcription factor</i>
Sb10g006380.1	- ∞	<i>peroxiredoxin q</i>
Sb10g006450.2	2,6	<i>chaperonin 20</i>
Sb10g006460.1	5,18	<i>protein</i>
Sb10g006620.1	-4,33	<i>40s ribosomal protein s17-4</i>
Sb10g006850.2	-5,58	<i>tyrosine specific protein phosphatase family protein</i>
Sb10g007100.1	3,8	<i>sterol carrier protein 2-like</i>
Sb10g007360.1	-2,88	<i>geminivirus rep-interacting motor</i>
Sb10g007730.1	-742,31	
Sb10g007740.1	1,8	
Sb10g007840.1	2,91	<i>cellulose synthase-interactive protein 1</i>
Sb10g007850.1	-2,27	<i>protein</i>
Sb10g008040.1	28,56	<i>protein sur2</i>
Sb10g008100.1	-5,49	<i>amino acid transporter</i>
Sb10g008130.1	75,01	<i>cell division protease ftsh-6</i>
Sb10g008150.1	5,36	<i>ribosomal</i>
Sb10g008190.1	273,83	<i>gdsI esterase lipase at1g74460-like</i>
Sb10g008206.1	-15,05	<i>glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9-like</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g008260.1	2,16	
Sb10g008400.1	-8,36	<i>golden2-like transcription factor</i>
Sb10g008670.1	11,77	<i>probable peptide nitrate transporter at5g14940-like</i>
Sb10g008810.1	-1,8	<i>b12d protein</i>
Sb10g008960.1	-5,45	<i>potassium channel skor</i>
Sb10g009150.1	7,22	<i>calcium binding protein</i>
Sb10g009160.1	-5,45	<i>calcium binding protein</i>
Sb10g009370.1	1,98	<i>1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase</i>
Sb10g009460.1	-321,52	<i>very-long-chain fatty acid condensing enzyme cut1</i>
Sb10g009462.1	-6,64	<i>very-long-chain fatty acid condensing enzyme cut1</i>
Sb10g009530.1	6,59	<i>probable nitrite transporter at1g68570-like</i>
Sb10g009540.1	-33,06	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g009540 [Sorghum bicolor]</i>
Sb10g009560.1	-5,94	<i>threonine endopeptidase</i>
Sb10g009600.1	-6,07	<i>amp dependent</i>
Sb10g009670.1	-4,01	<i>nac domain-containing protein 8-like</i>
Sb10g010010.1	-2,93	<i>somatic embryogenesis protein kinase 1</i>
Sb10g010290.1	-1,48	<i>na+ dependent neutral amino acid transporter</i>
Sb10g011160.1	-6,74	<i>receptor-type protein kinase lrk1</i>
Sb10g011530.1	-9,92	<i>peroxidase 1 precursor</i>
Sb10g011780.1	2,49	<i>protein-tyrosine-phosphatase ibr5</i>
Sb10g012080.1	480,33	<i>adenosine monophosphate binding protein</i>
Sb10g012160.1	4,19	<i>peptidase s41 family protein</i>
Sb10g012180.1	30,09	
Sb10g012240.1	2,18	<i>upf0061 protein azosea38000-like</i>
Sb10g012265.1	1960,75	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g012265 [Sorghum bicolor]</i>
Sb10g012750.1	-2,65	<i>pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase alpha subunit</i>
Sb10g012970.1	36,97	<i>70 kda peptidyl-prolyl isomerase-like</i>
Sb10g013030.1	479,09	

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g014220.1	4,82	<i>pho1-like protein</i>
Sb10g018270.1	2,3	<i>hypothetical protein SORBIDRAFT_10g018270 [Sorghum bicolor]</i>
Sb10g019640.1	4,05	<i>vacuolar amino acid transporter 1-like</i>
Sb10g019720.1	3,86	<i>24 kda seed maturation protein</i>
Sb10g020110.1	1,57	
Sb10g020910.1	5,75	<i>4-methyl-5(b-hydroxyethyl)-thiazole monophosphate biosynthesis</i>
Sb10g021330.1	-1,93	<i>phosphoenolpyruvate carboxylase</i>
Sb10g021730.1	2,1	<i>gtp-binding protein</i>
Sb10g021900.1	5,17	<i>dentin sialophospho</i>
Sb10g021920.1	-2,59	<i>kinesin 4-like</i>
Sb10g021930.1	7,16	<i>pdr-like abc transporter</i>
Sb10g022190.1	-1,6	<i>abc transporter c family member 8-like</i>
Sb10g022440.1	480,94	<i>l-ascorbate oxidase-like</i>
Sb10g022500.2	3,13	<i>vacuolar atpase b subunit</i>
Sb10g022690.1	-2,41	<i>kinase family protein</i>
Sb10g022740.1	-13,33	
Sb10g022780.1	-1,9	<i>glutathione transferase</i>
Sb10g023190.1	3,84	<i>myristoyl-acyl carrier protein thioesterase</i>
Sb10g023250.1	-3,55	<i>3-hydroxybenzoate 6-hydroxylase</i>
Sb10g023290.1	13,51	<i>fatty acid elongase</i>
Sb10g023480.1	5,75	<i>xylosyltransferase 1-like</i>
Sb10g023590.1	3,06	<i>spx domain-containing protein 1-like</i>
Sb10g023630.1	-2,3	<i>phospholipase d</i>
Sb10g023690.1	-53,66	<i>protein</i>
Sb10g023710.1	-1,64	<i>beta- -glucanase</i>
Sb10g023720.1	-19,47	<i>phosphatidic acid phosphatase-related protein</i>
Sb10g023850.1	5,51	<i>fructose-bisphosphate aldolase</i>
Sb10g023880.1	-2,41	<i>zac</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(continuação)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g023930.1	-1,37	<i>light-harvesting complex i chlorophyll a b binding protein 3</i>
Sb10g023970.1	3,24	<i>aspartic proteinase nepenthesin-1 precursor</i>
Sb10g024060.1	-1,36	<i>zinc finger a20 and an1 domains-containing protein</i>
Sb10g024060.2	-1,36	<i>zinc finger a20 and an1 domains-containing protein</i>
Sb10g024330.3	1,88	<i>zinc finger c-x8-c-x5-c-x3-h type family protein</i>
Sb10g024630.1	-2,41	<i>peroxiredoxin-like protein</i>
Sb10g024660.1	3,16	<i>potassium transporter 8-like</i>
Sb10g024820.1	-3,55	<i>mutt domain</i>
Sb10g024980.1	-2,57	<i>protein</i>
Sb10g025130.1	-4,81	<i>cytochrome p450</i>
Sb10g025230.1	4,97	<i>adipor-like receptor cg5315-like</i>
Sb10g025240.1	-1,7	<i>sucrose-phosphate synthase</i>
Sb10g025280.1	-1,71	<i>vacuolar h+-translocating inorganic pyrophosphatase</i>
Sb10g025550.1	-10,3	<i>serine carboxypeptidase s28 family protein</i>
Sb10g025660.1	3,8	<i>protein</i>
Sb10g025690.1	14,79	<i>transmembrane 9 superfamily member 4-like</i>
Sb10g025700.1	9,18	<i>transmembrane 9 superfamily member 4-like</i>
Sb10g025780.1	6324,73	
Sb10g025840.1	8,44	<i>receptor-like protein kinase herk 1-like</i>
Sb10g026070.1	-3,57	<i>protein</i>
Sb10g026090.1	-7,02	<i>chloride channel</i>
Sb10g026340.1	-5,85	<i>protein strubbelig-receptor family 3-like</i>
Sb10g026360.1	-2,78	<i>protein</i>
Sb10g026400.1	2,93	
Sb10g026600.1	3,39	<i>copper-transporting atpase ran1-like isoform 2</i>
Sb10g026710.1	12,97	<i>phosphoglycerate kinase</i>
Sb10g026710.2	13,5	<i>phosphoglycerate kinase</i>
Sb10g026710.3	11,75	<i>phosphoglycerate kinase</i>

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g026830.1	4,02	<i>atp-dependent zinc metalloprotease fish chloroplastic-like</i>
Sb10g026830.2	4,12	<i>atp-dependent zinc metalloprotease fish chloroplastic-like</i>
Sb10g027220.1	-3,92	<i>auxin response factor</i>
Sb10g027330.1	-5,93	<i>60s ribosomal protein l27</i>
Sb10g027390.1	-4,58	<i>glutamate receptor -like</i>
Sb10g027390.2	-4,47	<i>glutamate receptor -like</i>
Sb10g027420.1	-9,89	<i>glutamate receptor -like</i>
Sb10g027470.2	-1,25	<i>polyubiquitin</i>
Sb10g027540.1	88,16	<i>phosphosulfolactate synthase-related protein</i>
Sb10g027690.1	3,33	<i>external nadh-ubiquinone oxidoreductase mitochondrial-like</i>
Sb10g028020.1	-1,66	<i>polyubiquitin</i>
Sb10g028360.1	-5,66	<i>alpha-l-fucosidase 2 precursor</i>
Sb10g028450.1	-1,99	
Sb10g028510.1	-2,54	<i>ring u-box domain-containing protein</i>
Sb10g028570.1	4,7	<i>xyloglucan endotransglycosylase</i>
Sb10g028580.1	273,63	<i>xyloglucan endotransglycosylase</i>
Sb10g028690.1	6,06	<i>af411794_1 at2g24550</i>
Sb10g028800.1	-2,73	<i>pentatricopeptide repeat-containing protein</i>
Sb10g028990.1	-3,65	<i>60s acidic ribosomal protein p3</i>
Sb10g029130.1	9,72	<i>auxin response factor 7a</i>
Sb10g029200.1	-31,14	<i>myb-like hth transcriptional regulator family protein</i>
Sb10g029380.1	4,02	<i>protein</i>
Sb10g029400.1	2,81	<i>map kinase</i>
Sb10g029500.1	-5,64	<i>auxin-induced protein 5ng4</i>
Sb10g029500.2	-6,41	<i>auxin-induced protein 5ng4</i>
Sb10g029540.1	3,42	<i>arogenate dehydrogenase isoform 2</i>
Sb10g029560.1	13,65	<i>protein</i>
Sb10g030240.1	2,49	<i>heat shock protein 90</i>

Anexo F – Identificação dos transcritos diferencialmente expressos nas análises de RNA-Seq no 7º dia de estresse hídrico

(conclusão)

Sorgo ID	Nível de expressão	Descrição da anotação
Sb10g030250.1	-2,07	<i>dna binding protein</i>
Sb10g030650.1	2,19	<i>leucine zipper</i>
Sb10g030720.1	6,5	<i>chloroplast protease</i>
Sb10g030840.1	6,9	<i>catalase</i>
Sb10g030900.1	-17,98	<i>ser thr-rich protein t10 in dgcr region</i>
Sb10g030970.1	-2,78	<i>callose synthase</i>
Sb10g031020.1	3,28	<i>phytoene synthase</i>
Sb10g031020.2	-3,1	<i>phytoene synthase</i>
Sb10g031090.2	7,31	<i>cell elongation protein diminuto</i>
Sb10g031140.1	2,47	<i>transmembrane protein 53-like</i>
Sb3219s002010.1	13,83	<i>chitinase</i>
Sb3247s002010.1	-4,27	<i>cytochrome b561</i>