

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

**Caracterização de polimorfismos e assinaturas de seleção em genótipos de
cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) através de genotipagem-por-
sequenciamento**

Leonardo Sartori Menegatto

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

**Piracicaba
201**

Leonardo Sartori Menegatto
Engenheiro Agrônomo

**Caracterização da variação existente entre genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum*
spp.) através de genotipagem-por-sequenciamento**

Orientador:
Prof. Dr. **GABRIEL RODRIGUES ALVES MARGARIDO**

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

Piracicaba
2017

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

Menegatto, Leonardo Sartori

Caracterização de polimorfismos e assinaturas de seleção entre genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) através de genotipagem-por-sequenciamento / Leonardo Sartori Menegatto - - Piracicaba, 2017.

96 p.

Dissertação (Mestrado) - - USP / Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”.

1. SNP 2. Poliploide 3. Assinaturas de seleção 4. Genômica populacional 6. Variabilidade genética I. Título

RESUMO

Caracterização de polimorfismos e assinaturas de seleção em genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) através de genotipagem-por-sequenciamento

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma cultura valiosa na produção de alimento, fibra e energia para o Brasil e, especialmente, para o estado de São Paulo. Com o advento da biotecnologia, alternativas de melhoramento genético têm despertado a atenção da comunidade científica, sendo etapas cruciais para tais avanços o sequenciamento e a caracterização do genoma das espécies cultivadas. Dada sua natureza poliploide, com frequente aneuploidia, a cana-de-açúcar apresenta dificuldades às práticas corriqueiras em genômica, de maneira que é vantajoso fazer uso de recursos de sequenciamento de nova geração e de espécies próximas para elucidar de forma mais efetiva o genoma da gramínea. Uma contribuição interessante, nesse sentido, é a caracterização funcional de polimorfismos genéticos existentes entre materiais do gênero *Saccharum*, auxiliando investigações relacionadas à genômica de poliploides complexos, desenvolvendo um recurso a ser utilizado futuramente por melhoristas. Esse trabalho realizou a caracterização da variabilidade genômica a partir de dados genotípicos de indivíduos do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar, obtidos via genotipagem-por-sequenciamento, utilizando como referência o genoma já sequenciado do sorgo. Os sítios variantes (sobretudo polimorfismos de nucleotídeo único) foram detectados com o *software* FreeBayes e suas possíveis funções e posições foram anotadas com o programa SnpEff. Utilizaram-se estatísticas de genética de populações, como a frequência alélica para várias classes de polimorfismo, o Teste de McDonald & Kreitman (busca de evidências de evolução adaptativa) e a heterozigosidade combinada (busca de regiões genômicas com assinatura de seleção), de modo a identificar regiões genômicas potencialmente envolvidas em eventos evolutivos. Os resultados demonstraram a perda de variabilidade entre os genótipos melhorados em relação aos ancestrais, com evidências de assinaturas de seleção, envolvendo questões sensíveis ao funcionamento da maquinaria celular (como respiração e fotossíntese) e a características valoradas para a cultura (destacando-se a resistência a patógenos e a biossíntese da sacarose). Tais indícios fornecem subsídios à compreensão do genoma e ao melhoramento genético desse poliploide.

Palavras-chave: SNP; Poliploide; Assinaturas de seleção; Genômica populacional; Variabilidade genética

ABSTRACT

Characterization of polymorphisms and selection signatures in sugarcane genotypes (*Saccharum* spp.) by genotyping-by-sequencing

Sugarcane (*Saccharum* spp.) is a valuable crop for food, fiber and energy production in Brazil, especially to the São Paulo State. With the advent of biotechnology, alternatives to breeding have enticed attention of the scientific community, with genome sequencing and characterization being crucial steps to these advances. Because sugarcane is polyploid, with frequent aneuploidy, it presents difficulties to the application of standard practices in genomics, such that it is advantageous to make use of next generation sequencing alternatives and resources from related species to more effectively elucidate the genome of this grass. Thus, an interesting contribution is the functional characterization of genetic polymorphisms from the *Saccharum* genus, aiding investigations related to genomics of complex polyploids, developing a resource to be used in the future by breeders. Our goal was to perform this characterization with genotypic data from individuals of the Brazilian Panel of Sugarcane Genotypes, obtained by genotyping-by-sequencing (GBS), using as reference the previously sequenced sorghum genome. We called the variants (mainly single nucleotide polymorphisms) with FreeBayes and annotated their functions and positions with SnpEff. We used population genetics statistics, such as the allele frequency, the McDonald & Kreitman Test and the pooled heterozygosity, to identify genomic regions potentially involved in evolutionary events. The results showed a loss of variability between bred genotypes in relation to the ancestors, with evidences of selective sweeps, involving regions related to the cellular machinery (such as respiration and photosynthesis) and specific crop traits (especially disease resistance and sucrose biosynthesis). These results support understanding of the genome and breeding efforts in this polyploid grass.

Keywords: SNP; Polyploid; Selective sweeps; Population genomics; Genetic variability

INTRODUÇÃO

A atividade agropecuária é estimada como existente desde cerca de 10.000 a.C. Separadamente, espécies animais e vegetais tiveram sua reprodução compreendida e formaram-se criações e cultivos, permitindo o desenvolvimento do que se conheceria como Revolução Agrícola ainda no Neolítico, marcando o início de uma nova forma de relação entre homem e ambiente. Conseqüentemente, o homem desenvolveu métodos empíricos primitivos de seleção de vegetais e animais, que, mais tarde aliados a cruzamentos intencionais, deram origem ao que se chamaria de domesticação (MAZOYER & ROUDART, 2006).

Esse melhoramento genético inicial tornou-se um imponente aliado da sociedade em obter alimentos, fibras e energia. As inovações agrícolas foram, então, exploradas sob o ponto de vista ambiental, com inovações presentes no século XVIII e depois no decorrer dos séculos subsequentes. Sob o ponto de vista genético, foram preponderantes os estudos em evolução de Charles Darwin e inaugurais na ciência genética por Gregor Mendel, cuja unificação na década de 1930 impulsionou o desenvolvimento de metodologias de melhoramento. Uma nova era, porém, adentrou-se com a descoberta do ácido desoxirribonucleico (DNA) como material genético na década de 1940 e o conhecimento de sua estrutura e funcionamento na década de 1950, casados a outras áreas no desenrolar da Revolução Técnico-Científico-Informacional, e conseqüentemente da Revolução Verde, nas décadas de 1960 e 1970. Por fim, com a bioinformática, uma nova perspectiva de oportunidades inaugurou-se, com o manejo de dados moleculares complexos, com destaque para a genômica (VEIGA, 1991; CONWAY, 1997).

Considerando as novas tecnologias disponíveis, como a seleção genômica e estudos de mapeamento associativo (*genome-wide association study* - GWAS), incentivou-se abundantemente estudos genômicos em agropecuária, obtendo-se, inclusive, o sequenciamento do genoma de diversas culturas agrícolas de relevância mundial, incluindo muitas gramíneas e leguminosas. Adicionalmente, estudos de genética de populações, importantes no manejo de recursos genéticos para fins de conservação ou melhoramento genético, passaram a ter contornos diferenciados (DEPRISTO *et al.*, 2011). Possibilitou-se a caracterização de populações investigando-se sua variabilidade e compreendendo aspectos de sua evolução, fornecendo resultados sob os pontos de vista histórico, ecológico e tecnológico.

Nesse contexto, a caracterização funcional de locos variantes em genomas de plantas cultivadas passou a ser bastante valorada no meio científico. Genomas poliploides e/ou com eventos recorrentes de aneuploidia e aberrações cromossômicas estruturais (notoriamente elementos de transposição), contudo, apresentam relativa dificuldade de serem sequenciados, sendo custosa e trabalhosa a obtenção de um genoma de referência. Desse fenômeno decorreram dois tipos de estudos. Primeiramente, foram desenvolvidas metodologias de genotipagem simplificadas, sem a necessidade de genoma de referência e focadas em regiões hipometiladas, como a genotipagem-por-sequenciamento (ELSHIRE *et al.*, 2011). Secundariamente, elaboraram-se estudos utilizando genomas de espécies aparentadas.

A cana-de-açúcar é uma cultura de importância histórica no Brasil. Em São Paulo constitui-se a mais importante cultura agrícola, da qual se obtém açúcar, álcool, energia e diversos subprodutos (GOLDEMBERG *et al.*, 2008). Seu melhoramento genético é relativamente recente, começando no final do século XIX em nível mundial e apenas na década de 1930 em nível nacional (FIGUEIREDO, 2008). Quedas de lucratividade nesse setor e o menor desenvolvimento de técnicas de manejo em fitossanidade (BARROS *et al.*, 2014; TOKESHI & RAGO, 2005) valoram aos recursos genéticos uma contribuição expressiva. No entanto, pontua-se que os cultivares usados comercialmente são híbridos interespecíficos, de genoma altamente poliploide e com frequentes eventos de aneuploidia (JANOO, 2007). Assim, é notória a maior restrição em estudos genômicos com essa gramínea, sendo importantes trabalhos genômicos que auxiliem sua elucidação, bem como forneçam subsídios ao melhoramento genético.

Sob esse âmbito, pesquisas que aliem dados genotípicos a *softwares* e metodologias de trabalho em poliploides complexos são relevantes. Tendo em vista o interesse na caracterização funcional de polimorfismos em genótipos de cana-de-açúcar, propõe-se a realização de um trabalho que detecte sítios variantes que possivelmente tenham sido selecionados ao longo da evolução e melhoramento da cultura. Para tal, combina-se um genoma de referência de uma espécie evolutivamente aparentada com um programa de detecção de variações com o uso de metodologias de bioinformática e de estatísticas de genética de populações para, então, atribuí-los função e anotação posicional. Com isso, pretendeu-se observar flutuações nas frequências alélicas dos polimorfismos e a presença de assinaturas de seleção no genoma da cana.

CONCLUSÕES

Como resultado proeminente, a técnica de GBS foi bem sucedida em encontrar regiões genômicas de interesse. O uso do genoma do sorgo como referência para aferições funcionais dos polimorfismos também se delineou como solução dentro das possibilidades existentes para esse poliploide complexo. Adicionalmente, observou-se a conhecida dificuldade de se obter homozigose em poliploides, ainda mais em um caso com genótipos de melhoramento recente e de genoma de relativa complexidade.

Há indícios da direção de um processo seletivo ser inversa à severidade de uma mutação. Foram observados indicativos desse fenômeno tanto para polimorfismos individuais, com menor frequência dos variantes de efeito supostamente mais agressivo, quanto para regiões genômicas. Considerando as regiões gênicas, houve indício de seleção purificadora, com destaque para genes potencialmente relacionados à sobrevivência da planta ou a caracteres de interesse agrônômico, embora análises mais robustas sejam indicadas. No genoma como um todo, a partir dos polimorfismos fixados, foi detectada possível evidência de seleção negativa, cuja conclusão é limitada pelo entendimento da metodologia de GBS ter favorecido a amostragem de determinadas regiões genômicas.

Foram detectados 22 termos funcionais da ontologia gênica e 15 regiões com evidência de seleção, ressaltando-se que os resultados são moderadamente conservativos e novas investigações com outras abordagens fazem-se proveitosas. Em linhas gerais, mostraram-se possivelmente relevantes os resultados de componentes de membranas de organelas celulares e seus constituintes (incluindo suas vias de comunicação bioquímica), integrantes de rotas energéticas (como fotossíntese e respiração), constituintes da parede celular e processos moleculares relativos à transcrição e à oxirredução. Mais especificamente, foram detectadas regiões envolvidas com caracteres de altura da planta (evidência de QTLs), mecanismos de resistência a patógenos e a biossíntese de esteroides e carboidratos, em particular a sacarose. Tratando da cultura da cana-de-açúcar, os resultados são, prematuramente, motivadores de processos de seleção assistida. Mais essencialmente, há um destaque para as características de acúmulo de sacarose no colmo e resistência a doenças, sendo o primeiro relacionado à produtividade agrícola da cultura e considerando o restrito rol de alternativas de controle químico contra patologias em canaviais e que o melhoramento genético da cultura concentrou-se fortemente nesse último quesito durante décadas.

Em suma, esse trabalho demonstrou as possíveis funções de polimorfismos ao longo do melhoramento genético da gramínea com o uso da genotipagem-por-sequenciamento, caracterizando a variabilidade dos genótipos. Seus resultados são valorosos sob o ponto de vista de melhoristas e de geneticistas de populações, considerando as novas tecnologias em estudos genéticos com plantas cultivadas. Nesse contexto, encoraja-se a continuidade de investigações genômicas desse poliploide e seus possíveis desdobramentos científicos e tecnológicos.

REFERÊNCIAS

AHLOOWALIA,B.S.; MALUSZYNSKI,M.; NICTERLEIN,K. Global impact of mutation-derived varieties. **Euphytica**, New York, v. 135, p. 187-204, 2004.

ALEX,D.; BACH,T.J.; CHYE,M.L. Expression of *Brassica juncea* 3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA synthase is developmentally regulated and stress-responsive. **Plant Journal**, London, v. 22, p. 415-426, 2000.

ANDRADE,J.C.F.; ANDRADE,T.G.; SILVA,J.V.; CAETANO,L.C.; ALMEIDA,C.C.S. **Análise de expressão gênica diferencial em genótipo de cana-de-açúcar tolerante ao estresse hídrico usando RT-PCR**. 2010. 59 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Maceió. 2010.

ARDLEY,H.C.; ROBINSON,P.A. E3 ubiquitin ligases. **Essays In Biochemistry**, London, v. 41, p. 15-30, 2005.

BARKAN,A.; SMALL,I. Pentatricopeptide repeat proteins in plants. **Annual Review of Plant Biology**, London, v. 65, 415-442, 2014.

BARROS,G.S.C.; ADAMI,A.C.O.; ZANDONÁ,N.F. **Faturamento e volume exportado do agronegócio brasileiro são recordes em 2013**. Piracicaba, SP: Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada, Universidade de São Paulo, 2014. 10 p.

BESSE,P.; MCINTYRE,C.L.; BERDING,N. Characterisation of *Erianthus* sect. *Ripidium* and *Saccharum* germplasm (Andropogoneae – Saccharinae) using RFLP markers. **Euphytica**, New York, v.93, p. 283-292, 1997.

BISCHOFF,V.; NITA,S.; NEUMETZLER,L.; SCHINDELASH,D.; URBAIN,A.; ESHED,R.; PERSSON,S.; DELMER,D.; SCHEIBLE,W.R. Thicome birefringence and its homolog *AT5G01360* encode plant-specific DUF231 proteins required for cellulose biosynthesis in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, Rockville, USA, v. 153, p. 590-602, 2010.

BLACKBURN,F. **Sugar-cane**. London: Longman, 1984. 414 p.

BOMBLIES,K.; DOEBLEY,J. Molecular Evolution of FLORICAULA/LEAFY Orthologs in the Andropogoneae (Poaceae). **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 22, p. 1082-1094, 2016.

BOS,I; CALIGARI,P. **Selection methods in plant breeding**. San Diego: Chapman & Hall, 1995. 347 p.

BULL,J.K.; HOGARTH,D.M.; BASFORD,K.E. Impact of genotype x environment interactions on response to selection in sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Adelaide, AUS, v. 32, p. 731-737, 1992.

CINGOLANI,P.; PLATTS,A.; WANG,L.L.; COON,M.; NGUYEN,T.; WANG,L.; LAND,S.J.; LU,X.; RUDEN,D.M. SnpEff manual. Available in <http://snpeff.sourceforge.net/SnpEff_manual.html>. Access in: 6 april 2016.

CINGOLANI,P.; PLATTS,A.; WANG,L.L.; COON,M.; NGUYEN,T.; WANG,L.; LAND,S.J.; LU,X.; RUDEN,D.M. A program for annotating and predicting the effects of single nucleotide polymorphisms, SnpEff: SNPs in the genome of *Drosophila melanogaster* strain w 1118 ; iso-2; iso-3. **Fly**, Abingdon, UK, v. 6, p. 80-92, 2012.

CLAYTON,W. D.; DANIELS,C.A. Geographical, historical and cultural aspects of origin of the Indian and Chinese sugarcane *S. barberi* e *S. sinensis*. **ISSCT Sugarcane Breed**, Queensland, v. 36, p. 4-23, 1975.

COLLARD,B.C.Y.; JAHUFER,M.Z.Z.; BROWER,J.B.; PANG, E.C.K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. **Euphytica**, New York, v. 142, p. 169-196, 2005.

CONWAY,G. **The doubly Green Revolution**: food for all in the 21st. century. Ithaca, USA: Cornell University Press, 1997. 84 p.

COSTA,C. Primeiras canas e primeiros açúcares no Brasil. **Brasil Açucareiro**, Rio de Janeiro, v. 3, p. 160-168, 1958.

DANECEK,P.; AUTON,A.; ABECASIS,C.; ALBERTS,C.A.; BANKS,E.; DEPRISTO,M.A.; HANDSAKER,R.E.; LUNTER,G.; MARTH,G.T.; SHERRY,S.T.; MCVEAN,G.; DURBIN,R. The variant call format and VCFtools. **Bioinformatics**, Oxford, v. 27, p. 2156-2158, 2011.

DANIELS,J.; SIMITH,P.; PATON,N. The origin of sugarcane and centers of genetic diversity in *Saccharum*. **Sugarcane Breeding Newsletter**, Queensland, v. 35, p.4-18, 1975.

DAVEY,J.W.; HOHENLOHE,P.A.; ETTER,P.D.; BOONE,J.Q.; CATCHEN,J.M.; BLAXTE, M.L. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. **Nature Reviews Genetics**, NY, v. 12, p. 499–510, 2011.

DAVIES,G.; HENRISSAT,B. Structures and mechanisms of glycosyl hydrolases. **Structure**, Amsterdam, v. 3, p. 853-859, 1995.

DAVIES,P.J. **Plant Hormones**. New York: Springer, 2010. 348 p.

DENANCÉ,N.; SZUREK,B.; NOËL,L.D. Emerging functions of nodulin-like proteins in non-nodulating plant species. **Plant Cell Physiology**, Oxford, v. 55, p. 469-474, 2014.

DEPRISTO,M.; BANKS,E.; POPLIN,R.; GARIMELLA,K.V.; MAGUIRE,J.R.; HARTL,C.; PHILIPPAKIS,A.A.; ANGEL,G.; RIVAS,M.A.; HANNA,M.; MCKENNA,A.; FENNELL,T.J.; KERNYTSKY,A.M.; SIVACHENCO,A.Y.; CIBULSKIS,K.; GABRIEL,S.B.; ALTSHULER,D.; DALY,M.J. A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data. **Nature Genetics**, New York, v. 43, p. 491-498, 2011.

DILLON,S.K.; NOLAN,M.F.; WU,H.; SOUTHERTON,S.G. Association genetics reveals candidate gene SNPs affecting wood properties in *Pinus radiata*. **Australian Forestry**, Adelaide, AUS, v. 73, p. 185-190, 2010.

DIXON,D.P.; LAPTHORN,A.; EDWARDS,R. Plant glutathione transferases. **Genome Biology**, Londres, v. 3, p. 3004.1-3004.2, 2002.

DOUGLAS,J.F.; KING,C.G. The metabolism of uniformly labeled D-glucuronic acid in the Guinea pig. **Journal of Biological Chemistry**, Rockville, USA, v. 198, p. 187-194, 1952.

EATHINGTON,S.R.; CROSBIE,T.M.; EDWARDS,M.D.; REITER,R.S.; BULL,J.K. Molecular Markers in a commercial breeding program. **Crop Science Society of America**, Madison, USA, v. 47, p. 154-163, 2007.

EDAMATSU,M.; TOYOSHIMA,Y.Y. Fission yeast synaptobrevin is involved in cytokinesis and cell elongation **Biochemical and Biophysical Research Communications**, Amsterdam, v. 30, p. 641-645, 2003.

ELSHIRE,R. J.; GLABUBITZ,J. C.; POLAND,J. A.; KAWAMOTO,K.; BUCKLER,E. S.; MITCHELL,S. E. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 6, e19379, 2011.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Clima para cana-de-açúcar (2000)**. Disponível em <https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Repositorio/clima_para_cana_000fhc5hpr702wyiv80efhb2aul9pfw4.pdf>. Acesso em: 4 abril 2016.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cana-de-açúcar: plantas daninhas**. Disponível em <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/cana-de-acucar/arvore/CONTAG01_52_711200516718.html>. Acesso em: 6 abril 2016.

FIGUEIREDO,P. Breve história da cana-de-açúcar e o papel do Instituto Agrônomo no seu estabelecimento no Brasil. In: MIRANDA,L.L.D.; VASCONCELOS,A.C.M.; LANDELL,M.G.A. (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agrônomo, 2008. p. 31-44.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Statistics at FAO**. Available in <<http://www.fao.org/statistics/en/>>. Access in: 4 april 2016.

FRANÇA,S.C.; ROBERTO,P.G.; MARINS,M.A.; PUGA,R.D.; RODRIGUES,A.; PEREIRA,J.O. Biosynthesis of secondary metabolites in sugarcane. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, SP, v. 24, p. 243-450, 2001.

FREEBAYES. Disponível em <<https://github.com/ekg/freebayes>>. Acesso em: 11 maio 2016.

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. Pragas das plantas e seu controle. In: NAKANO, O. (Org.). **Entomologia Agrícola**. Piracicaba, SP: Fundação de Estudos Agrários “Luiz de Queiroz”, 2002. p. 397-898.

GARCIA,A.A.F.; MOLLINARI,M.; MARCONI,T.G.; SERANG,O.R.; SILVA,R.R.; VIEIRA,M.L.C.; VICENTINI,R.; COSTA,E.A.; MANCINI,M.C.; GARCIA,M.O.S.; PASTINA,M.M.; GAZAFFI,R.; MARTINS,E.R.F.; DAHMER,N.; SFORÇA,D.A.; SILVA,C.B.C.; BUNDOCK,P.; HENRY,R.J.; SOUZA,G.M.; SLUYS,M.A.; LANDELL,M.G.A.; CARNEIRO,M.S.; VINCETZ,M.A.G.; PINTO,L.R.; VENCOVSKY,R; SOUZA,A.P. SNP genotyping allows na in-depth characterisation of the genome of the sugarcane and other complex autopolyploids. **Scientific Reports**, New York, v. 3, e3399, 2013.

GARRISON,E.; MARTH,G. Haplotype-based variant decetion from short-read sequencing. **arXiv**, Ithaca, USA, v. 2, arXiv:1207.3907, 2012.

GARWIN,J.L.; KLAGES,A.L.; CRONAN JR.,J.E. Structural, enzymatic, and genetic studies of beta-ketoacyl-acyl carrier protein synthases I and II of Escherichia coli. **Journal of Biological Chemistry**, Rockville, USA, v. 255, p. 11949-11956, 1980.

GENE ONTOLOGY CONSORTIUM. The Gene Ontology (GO) database and informatics resource. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 32, p. D258-D261, 2004.

GHEYAS,A.A.; BOSCHIERO,C.; EORY,L.; RALPH,H.; KUO,R.; WOOLLIAMS,J.A.; BURT,D.W. Functional classification of 15 million SNPs detected from diverse chicken populations. **DNA Research**, Oxford, v. 22, p. 1-13, 2015.

GIBSON,N.J. The use of real-time PCR methods in DNA sequence variation analysis. **Clinica Chimica Acta**, Amsterdam, v. 363, p. 32-47, 2006.

GILKERSON,J.; PEREZ-RUIZ,J.M.; CHORY,J.; CALLIS,J. The plastid-localized pfkB-type carbohydrate kinases frutokinase-like 1 and 2 are essential for growth and development of *Arabidopsis thaliana*. **BMC Plant Biology**, London, DOI: 10.1186/1471-2229-12-102, 2012.

GOLDEMBERG,J.; COELHO,S.T.; GUARDABASSI,P. The sustentability of ethanol production from sugarcane. **Energy Policy**, Amsterdam, v. 36, p. 2086-2097, 2008.

GOLISZ,A., SIKORSKI,P.J., KRUSZKA,K., KUFEL,J. Arabidopsis thaliana LSM proteins function in mRNA splicing and degradation. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 41, p. 6232-6249, 2013.

GOODSTEIN,D.M.; SHU,S.; HOWSON,R.; NEUPANE,R.; HAYES,D.R.; FAZO,J.; MITROS,T.; DIRKS,W.; HELLSTEN,U.; PUTNAM,N.; ROKHSAR,D.S. Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 40, D1178-D1186, 2012.

GRIVET,L.; D'HONT,A.; DUFOUR,P.; HAMON,P.; ROQUES,D.; GLASZMANN,J.C. Comparative genome mapping of sugar cane with other species within the Andropogoneae tribe. **Heredity**, New York, v. 73, p. 500-508, 1994.

GUARINO,N. **Formal ontology in information systems**. Amsterdam: IOS Press, 341 p., 1998.

HARA,K.; WATABE,H.; SASAZAKI,S.; MUKAI,F.; MANNEN,H. Development of SNP markers for individual identification and parentage test in Japanese Black cattle population. **Animal Science Journal**, Tokyo, v.18, p. 152-157, 2010.

HAN,C.; REN,C.; ZHI,T.; ZHOU,Z.; LIU,Y.; CHEN,F.; PENG,W.; XIE,D. Disruption of fumarylacetoacetate hydrolase causes spontaneous cell death under short-day conditions in Arabidopsis. **Plant Physiology**, Rockville, USA, v. 162, p. 1956-1964, 2013.

HARLAN,J.R. **Crops and man**. Madison, USA: American Society of Agronomy, 1975. 306 p.

HEFTMANN,E. Functions of steroids in plants. **Phytochemistry**, Amsterdam, v. 14, p. 891-901, 1975.

HENRISSAT,B.; TEERI,T.T.; WARREN,R.A.J. A scheme for designating enzymes that hydrolyse the polysaccharides in the cell wall of plants. **Federation of European Biochemical Societies Letters**, Zurich, v. 425, p. 352-354, 1998.

HODGES,M. Enzyme redundancy and the importance of 2-oxoglutarate in plant ammonium assimilation. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 53, p. 905-916, 2002.

HUNSIGI,G. Production of sugarcane: theory and practice. **Advanced Series in Agricultural Science**, New York, v. 21, 244 p., 1993.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo Agropecuário 2006**. Disponível em <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/agropecuaria/censoagro/default.shtm>. Acesso em: 04 abril 2016.

JANNOO,N.; GRIVET,L.; CHANTRET,N.; GARSMEUR,O.; GLASZMANN,J.C.; ARRUDA,P.; D'HONT,A. Orthologous comparison in a gene-rich region among grasses reveals stability in the sugarcane polyploid genome. **The Plant Journal**, London, v. 50, p. 574-585, 2007.

JANSKA,H. ATP-dependent proteases in plant mitochondria: What do we know about them today? **Physiologia Plantarum**, London, v. 123, p. 399-405, 2005.

JESWIET,J. The development of selection and breeding of the sugarcane in Java. **Journal of Proceedings of the International Society of Sugarcane Technologists**, Adelaide, AUS, v. 3, p. 44-57, 1930.

KIM, J.M.; AHN, J.H.; LIM, K.S.; LEE, E.A.; CHUN, T.; HONG, K.C. Effects of hydroxyl-delta-5-steroid dehydrogenase, 3 beta- and steroid delta-isomerase 1 polymorphisms of fat androsterone level and gene expression in Duroc pigs. **Animal Genetics**, London, v. 44, p. 592-595, 2013.

KIMURA,M. Evolutionary rate at the molecular level. **Nature**, New York, v. 217, p. 624-626, 1968.

JEZ,J.M.; BENNETT,M.J.; SCHLEGEL,B.P.; LEWIS,M.; PENNING,T.M. Comparative anatomy of the aldo-keto reductase superfamily. **Biochemical Journal**, London, v. 326, p. 625-636, 1997.

JONES,D.A.; JONES,J.D.A. The role of leucine-rich repeat proteins in plant defences. **Advances in Botanical Research**, Amsterdam, v. 24, p. 89-167, 1997.

KELLER,I.; BENSASSON,D.; NICHOLS,R.A. Transition-transversion bias is not universal: a counter example from grasshopper pseudogenes. **PLoS Genetics**, San Francisco, v.3, e22, 2007.

LACIEN,M.; GADAL,P.; HODGES,M. Enzyme redundancy and the importance of 2-oxoglutarate in higher plant ammonium assimilation. **Plant Physiology**, Rockville, USA, v. 132, p.817-824, 2000.

LAM,W.S.; YANG,X.; MAKAROFF,C.A. Characterization of *Arabidopsis thaliana* SMC1 and SMC3: evidence that AtSMC3 may function beyond chromosome cohesion. **Journal of Cell Science**, Cambridge, USA, v. 118, p. 3037-3048, 2005.

LEA,P.J.; IRELAND,R.J. Nitrogen metabolism in higher plants. In: SINGH, B.K. (Org.). **Plant Amino Acids: Biochemistry and Biotechnology**, Princeton: Marcel Dekker Inc., 1999. p. 1-47.

LEITE,M.E.; SANTOS,J.B.; RIBEIRO JÚNIOR,P.M.; SOUZA,D.A.; LARA,L.A.C.; RESENDE,M.L.V. Biochemical responses associated with common bean defence against *Sclerotinia sclerotiorum*. **European Journal of Plant Pathology**, Amsterdam, v. 138, p. 391-404, 2014.

LI,H. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. *arXiv*, Ithaca, USA, arXiv:1303-3997, 2013.

LO,K.Y.; JOHNSON,A.W. Reengineering ribosome export. **Molecular Biology of the Cell**, Bethesda, USA, v. 20, p. 1545-1554, 2009.

LUIKART,G.; ALLENDORF,F.W.; CORNUET,J.M.; SHERWIN,W.B. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 89, p. 238-247, 1998.

MARIN,F.R.; CARVALHO,G.L. Spatio-temporal variability of sugarcane yield efficiency in the state of São Paulo, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, p. 149-156, 2012.

MAYER,E. Mutation pressure. **The evolutionay synthesis: Perspectives on the Unification of Biology**. Cambridge, USA: Harvard University Press, p. 21-22, 1998.

MAZOYER,M.; ROUDART,L. **A history of world agriculture: from de Neolithic age to the current crisis**. Oxford: Earthscan Press, 2006. 512 p.

MCDONALD,J.H.; KREITMAN,M. Adaptative protein evolution at the *Adh* locus in *Drosophila*. **Nature**, New York, v. 351, p. 652-654, 1991.

MCKEY,D.; ELIAS,M.; PUJOL,B.; DUPUTIÉ,A. The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, London, v. 186, p. 318-332, 2010.

MEYER,K.; LEUBE,M.P.; GRILL,E. A protein phosphatase 2C involved in ABA signal transduction. **Science**, New York, v. 264, p. 1452, 1994.

MICHELI,F. Pectin methylesterases: cell wall enzymes with important roles in plant physiology. **Trends in Plant Science**, Amsterdam, v. 6, p. 414-419, 2001.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Cana-de-açúcar**. Disponível em <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/cana-de-acucar>>. Acesso em: 4 abril 2016.

MOLLINARI,M.; SERANG,O. Quantitative SNP genotyping of polyploids with MassARRAY and other platforms. **Methods in Molecular Biology**, New York, v. 1245, p. 215-241, 2014.

MOORE,P.H. Morphology and anatomy. Sugarcane improvement through breeding, **Developments in Crop Science Society of America**, Madison, USA, v. 11, p. 85-142, 1987.

NANDHA,B.; FINAZZI,G.; JOLIOT,P.; HALD,S.; JOHSON,G.N. The role of PGR5 in the redox poisoning of photosynthetic electron transport. **Bioenergetics**, Amsterdam, v. 1767, p. 1252–1259, 2007.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. Database resources of the National Center for Biotechnology Information. **Nucleic Acid Research**, Oxford, v. 41, p. D8-D20, 2013.

NEI,M. Selectionism and neutralism in molecular evolution. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 22, p. 2318-2342, 2005.

NEPH,S.; KHEHN,M.S.; REYNOLDS,A.P. BEDOPS: high-performance genomic feature operations. **Bioinformatics**, Oxford, v. 28, p. 1919-1920, 2012.

NIELSEN,R. Statistical tests of selective neutrality in the age of genomics. **Heredity**, New York, v. 86, p. 641-647, 2001.

NIELSEN,R. Molecular signatures of natural selection. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, USA, v. 39, p. 197-218, 2005.

OBENCHAIN,V; LAWRENCE,M; CAREY,V; GOGARTEN,S; SHANNON,P; MORGAN,M. VariantAnnotation: a Bioconductor package for exploration and annotation of genetic variants. **Bioinformatics**, Oxford, 30, p. 2076-2078, 2014.

OHTA,T. Slightly deleterious mutant substitutions in evolution. **Nature**, New York, v. 246, p. 96-98, 1973.

OLEKSYK,T.K.; SMITH,M.W.; O'BRIEN,S.J. Genome-wide scans for footprints of natural selection. **Philosophical Transactions of the Royal Society**, London, v. 365, p. 185-205, 2010.

PATERMAN,T.K.; YAMINI,M.O.; MCREYNOLDS,L.J.; LUNA,E.J. Patellin1, a Novel Sec14-Like Protein, Localizes to the Cell Plate and Binds Phosphoinositides. **Plant Physiology**, Rockville, USA, v. 136, p. 3080-3094, 2004.

PATERSON,A.H.; BOWERS,J.E.; BUROWA,M.D.; DAYEB, X.; ELSIK,C.G.; JIANG,C.X.; KATSAR,C.S.; LAN,T.H.; LIN,Y.R.; MING,R.; WRIGHT,R.J. Comparative genomics of plant chromosomes. **The Plant Cell**, Rockville, USA, v. 12, p. 1523-1539, 2000.

PATERSON,A.H.; BOWERS,J.E.; BRUGGMANN,R.; DUBCHAK,I.; GRIMWOOD,J.; GUNDLACH,H.; HABERER,G.; HELLSTEN,U.; MILTROS,T.; POLIAKOV,A.; SCHMUTZ,J.; SPANNANG,M.; TANG,H.; WANG,X.; WICKER,T.; BHARTI,A.K.; CHAPMAN,J.; FELTRUS,F.A.; GOWIK,U.; GRIGORIEV,I.V.; LYONS,E.; MAHER,C.A.; MARTINS,M.; NARECHANIA,A.; OTILLAR,R.P.; PENNING,B.W.; SALAMOV,A.A.; WANG,Y.; ZHANG,L.; 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.; RAHMAN,M.; WARE,D.; WESTHOFF,P.; MAYER,K.F.X.; MESSING,J.; ROKHSAR,D.S. The Sorghum bicolor genome and the diversification of grasses. **Nature**, New York, v. 457, p. 551-556, 2009.

PIPEREDIS,G.; CHRISTOPHER,M.J.; CAROLL,B.J.; BERDING,N.; D'HONT,A. Molecular contribution to selection of intergeneric hybrids between sugarcane and the wild species *Erianthus arundinaceus*. **Genome**, Amsterdam, v. 43, p. 1033-1037, 2000.

QUDSIEH,H.Y.M.; YUSOF,S.; OSMAN,A.; RAHMAN,R.A. Effect of maturity on chlorophyll, tannin, color, and polyphenol oxidase (PPO) activity of sugarcane juice (*Saccharum officinarum*). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Washington, D.C., v. 50, p. 1615–1618, 2002.

R. The R project for statistical computing. Disponível em <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 12 maio 2016.

RAVANEL,S.; GAKIÈRE,B.; JOB,D.; DOUCE,R. The specific features of methionine biosynthesis and metabolism in plants. **Proceedings of National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, D.C., v. 95, p. 7805-7812, 1998.

RAZA,G.; ALI,K.; ASHRAF,M.Y.; MANSOOR,S.; JAVID,M.; ASAD,S. Overexpression of an H⁺-PPase gene from *Arabidopsis* in sugarcane improves drought tolerance, plant growth, and photosynthetic responses. **Turkish Journal of Biology**, Ancara, v. 40, p. 109-119, 2016.

RICE,J.C.; BRIGGS,S.D.; UEBERHEIDE,B.; BARBER,C.M.; SHABANOWITZ,J.; HUNT,D.F.; SHINKAI,Y.; ALLIS,C.D. Histone methyltransferases direct different degrees of methylation to define distinct chromatin domains. **Molecular Cell**, Amsterdam, v. 12, p. 1591–1598, 2003.

ROACH,B.T.; DANIELS,J. **A review of the origin and improvement of sugarcane.** Piracicaba, SP: Copersucar, 1987. 31 p.

ROBINSON,J.T.; THORVALDSDÓTTIR,H.; WINCLER,W.; GUTTMAN,M.; LANDER,E.S.; GETZ,G.; MESIROV,J.P. Interactive Genomics Viewer. **Nature Biotechnology**, New York, v. 29, p. 24-26, 2011a.

ROBINSON,N; BRACKIN,R; VINALL,K; SOPER,F; HOLST,J; GAMAGE,H. Nitrate paradigm does not hold up for sugarcane. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 6, e19045, 2011b.

ROPPOLO,D.; RYBEL,B.; DENERVAUD,T.V.; PFISTER,A.; ALASSIMONE,J.; VERMEER,J.E.M.; YAMAZAKI,M.; STIERHOF,Y.D.; BEECHMAN,T.; GELDNER,N. A novel protein family directs Casparian strip formation in the endodermis. **Nature**, New York, v. 473, p. 380-383, 2011.

RUBIN,C.J.; ZODY,M.C.; ERIKSSON,J. Whole-genome resequencing reveals loci under selection during chicken domestication. **Nature**, New York, v. 464, p. 587-591, 2010.

SAINI,H.S.; ATTIEH,J.M.; HANSON,A.D. Biosynthesis of halomethanes and methanethiol by higher plants via a novel methyltransferase reaction. **Plant, Cell and Environment**, London, v.18, p. 1027-1033, 1995.

SAITO,K.; TAUTZ,L.; MUSTELIN,T. The lipid-binding SEC14 domain. **Molecular and Cell Biology of Lipids**, Amsterdam, v. 1771, p. 719-726, 2007.

SCAPARI,M.S.; BEACLAIR,E.G.F. Anatomia e botânica. In: MIRANDA, L.L.D.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agronômico, 2008. p. 47-56.

STANGARLIN,J.R.; KUHN,O.J.; TOLEDO,M.V.; PORTZ,R.L.; SCHWAN-ESTRADA,K.R.F.; PASCHOLATI,S.F. The plant defense against pathogens. **Scientia Agraria Paranaensis**, Marechal Cândido Rondon, PR, v.10, p.18-46, 2011.

SERANG,O.; MOLLINARI,M.; GARCIA,A.A.F. Efficient exact maximum a posteriori computation for Bayesian SNP genotyping in polyploids. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 7, e101371, 2012.

SHEEN,J. Mutational analysis of protein phosphatase 2C involved in abscisic acid signal transduction in higher plants. **Proceedings of National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, D.C., v. 95, p. 975-980, 1998.

SILKOVA,O.G.; LOGINOVA,D.B. Structural and functional organization of centromeres in plant chromosomes. **Russian Journal of Genetics**, Moscow/New York, v. 50, p. 1243-1254, 2014.

SIM,S.C.; ROBBINS,M.D.; DEYNZE,A.V.; MICHEL,A.P.; FRANCIS,D.M. Population structure and genetic differentiation associated with breeding history and selection in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Heredity**, New York, v. 106, p. 927-935, 2011.

SJÖGREN, L.L.E.; STANNE, T.M.; ZHENG, B.; SUTINEN, S.; CLARKE, A.K. Structural and functional insights into the chloroplast ATP-dependent Clp protease in *Arabidopsis*. **Plant Cell**, Rockville, USA, v. 18, p. 2635-2649, 2006.

SOURCE FORGE. GBS barcode splitter. Disponível em <<https://sourceforge.net/projects/gbsbarcode/>>. Acesso em: 08 ago. 2016.

STOREY,J.D. A direct approach to false discovery rates. **Journal of the Royal Statistical Society**, London, v. 64, p. 479-498, 2002.

STRIMMER,K. *fdrtool*: a versatile R package for estimating local and tail area-based false discovery rates. **Bioinformatics**, Oxford, v. 24, p. 1461-1462, 2008.

SUBRAMANIANA,A.; TAMAYOA,P.; MOOTHA,V.K.; MURHERIEED,S.; EBERTA,B.; GILLETTEA,M.A.; PAULOVICHG,A.; POMEROYH,S.L.; GOLUBA,T.R., LANDERA,E.S.; MESIROVA,J.P. Gene set enrichment analysis: a knowledge-based approach for interpreting genome-wide expression profiles. **Proceedings of the National Academy of the United States of America**, Washington, D.C., v. 102, p. 15545-15550, 2005.

SUTRISNO,H. Molecular phylogeny of Indonesian armyworm *Mathimna* Guenée (Lepidoptera: Hadeninae) based on CO I gene sequences. **Journal of Biosciences**, Bangalore, India, v. 19, p. 65-72, 2012.

SZMRECSÁNYI,T.; MOREIRA,E.P. O desenvolvimento da agroindústria canavieira do Brasil desde a Segunda Guerra Mundial. **Estudos Avançados**, São Paulo, v. 5, p. 57-79, 1991.

TANZ,S.; KILIAN,K.; JOHNSON,C.; APEL,L.; SMALL,I.; HARTER,K.; WANKE,D.; POGSON,B.; ALBRECHT,V. The SCO2 protein disulphide isomerase is required for thylakoid biogenesis and interacts with LCHB1 chlorophyll a/b binding proteins which affects chlorophyll biosynthesis in *Arabidopsis* seedlings. **The Plant Journal**, London, v. 69, p.743-754, 2012.

TENENBAUM,D. **Package “KEGGREST”: version 1.6.4**. Walnut, USA: Bioconductor, 2015. 11 p.

TOKESHI,H.; RAGO,A. Doenças da cana-de-açúcar. In: KIMATI,H.; AMORIM,L.; REZENDE,J.A.M.; BERGAMIN FILHO,A.; CAMARGO,L.E.A. (Ed.). **Manual de Fitopatologia**: Volume 2 - Doenças das Plantas Cultivadas. São Paulo: Editora Agronômica Ceres, 2005. p. 185-196.

TORTI,S.; FORNARA,F.; VICENT,C.; ANDRÉS,F.; NORDSTRÖM,K.; GÖBEL,U.; KNOLL,D.; SCHOOF,H.; COUPLAND,G. Analysis of the *Arabidopsis* Shoot Meristem Transcriptome during Floral Transition Identifies Distinct Regulatory Patterns and a Leucine-Rich Repeat Protein That Promotes Flowering. **The Plant Cell**, Rockville, USA, v. 24, p. 444-462, 2012.

TOTTON,E.L.; LARDY,H.A. Phosphoric esters of biological importance. **The Journal of Biological Chemistry**, Rockville, USA, v. 181, p. 701-706, 1949.

UENO,O. Structural characterization of photosynthetic cells in amphibious sedge, *Eleocharis vivipara*, in relation to C3 e C4 metabolism. **Planta**, New York, v. 199, p. 382-393, 1996.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Disponível em <<http://plants.usda.gov/core/profile?symbol=MISCA>>. Acesso em 05 may 2016.

UPADHYAYA,H.D.; BAJAJ,D.; DAS,S.; SAXENA,M.S.; BADONI,S.; KUMAR,V.; TRIPATHI,R.; GOWDA,C.L.L.; SHARMA,S.; TYAGI,A.K.; PARIDA,S.K. A genome-scale integrated approach aids in genetic dissection of complex flowering time trait in chickpea. **Plant Molecular Biology**, New York, v 89, p. 403-420, 2015.

VAN DER HEIJDEN,R.; BOER-HLUPÁ,V.; VERPOORT,R.; DUINE,J.A. Enzymes involved in the metabolism of 3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A in *Catharanthus roseus*. **Journal of Plant Biotechnology**, Amsterdam, v. 38, p. 345-349, 1994.

VAN DILLEWIJN,C. **Botany of sugarcane**. New York: Stechert-Hafner, 1952. 371 p.

VEIGA,J.E. **O desenvolvimento agrícola**: uma visão histórica. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 1991. 243 p.

VERMA,A.K.; UPADHYAY,S.K.; VERMA,P.C.; SOLOMON,S.; SINGH,S.B. Functional analysis of sucrose phosphate synthase (SPS) and sucrose synthase (SS) in sugarcane (*Saccharum*) cultivars. **Plant Biology**, London, v. 13, p. 325-232, 2011.

VILAS BOAS,D.S. Bases moleculares de mutação gênica. **Revista Ceciliana**, Santos, SP, ISSN 1517-6363, p. 79-92, 2007.

WANG,J.; ROE,B.; MACMIL,S.; YU,Q.; MURRAY,J.E.; TANG,H.; CHEN,C.; NAJAR,F.; WILEY,G.; BOWERS,J.; SLUYS,M.A.; ROKHSAR,D.S.; HUDSON,M.E.; MOOSE,S.P.; PATERSON,A.H.; MING,R. Microcollinearity between autopolyploid sugarcane and diploid sorghum genomes. **BMC Genomics**, London, DOI: 10.1186/1471-2164-11-261, 2010.

WELER,J.I.; GLICK,G.; EZRA,E.; ZERON,Y.; SEROUSSI,E.; RON,M. Paternity validation and estimation of genotyping error rate for the BovineSNP50 BeadChip. **Animal Genetics**, London, v. 41, p. 551-553, 2010.

WHETTEN,R.; SEDEROFF,R. Lignin Biosynthesis. **The Plant Cell**, Rockville, USA, v. 7, p. 1001-1013, 1995.

WICKHAM,H. *ggplot2*. **Computational Statistics**, New York, v. 3, p. 180-185, 2011.

WITTE,C.P.; ROSSO,M.G.; ROMEIS,T. Identification of three urease accessory proteins that are required for urease activation in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, Rockville, USA, v. 139, p. 1155-1162, 2005.

XIE,Z.; CHEN,Z. Harpin-induced hypersensitive cell death is associated with altered mitochondrial functions in tobacco cells. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, Saint Paul, USA, v. 13, p. 183-190, 2000.

YADAV,V.; MOLINA,I.; RANATHUNGE,K.; QUERALTA,I.; CASTILLO,Q.; ROTHSTEIN,S.J.; REEDA,J.W. ABCG Transporters Are Required for Suberin and Pollen Wall Extracellular Barriers in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, USA, v. 26, p. 3569–3588, 2014.

YANG,X.Y.; CHEN,Z.W.; XU,T.; QU,Z.; PAN,X.D.; QIN,X.H.; REN,D.T.; LIU,G.Q. *Arabidopsis* kinesin KP1 specifically interacts with VDAC3, a mitochondrial protein, and regulates respiration during seed germination at low temperature. **The Plant Cell**, Rockville, USA, v. 23, p. 1093-1106, 2011.

YORUK,R.; MARSHALL,M.R. Physicochemical properties and function of plant polyphenol oxidase: a review. **Journal of Food Biochemistry**, London, v. 27, p. 361–422, 2003.

ZHANG,D.; GUO,H.; KIM,C.; LEE,T.-H. CSGRqtl, a comparative quantitative trait locus database for Saccharinae grasses. **Plant physiology**, Rockville, USA, 161, 594–599, 2013.

ZHOU,J.; LOH,Y.T.; BRESSAN,R.A.; MARTIN,G.B. The tomato gene Pti1 encodes a serine/threonine kinase that is phosphorylated by Pto and is involved in the hypersensitive response. **Cell**, Amsterdam, v. 83, p. 925-935, 1995.

ZOHARY,D.; HOPF,M.; WEISS,D. **Domestication of plants in Old World**: the origin and spread of domesticated plants in south-west Asia, Europe, and Mediterranean Basin. Oxford: Oxford University Press, 2012. 237 p.

REFERÊNCIA CONSULTADA

COMPARATIVE SACCHARINE GENOME RESOURCE. **CSGR-QTL**. Disponível em <<http://helos.pgml.uga.edu/qtl>>. Acesso em 31 de maio de 2016.