

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 26/08/2017.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS E MOLECULARES DE
UMA CULTIVAR DE CANA-DE-AÇÚCAR TOLERANTE À
SECA E SUBMETIDA AO DÉFICIT HÍDRICO PROLONGADO**

Bruna Robiati Telles

Bióloga

2016

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS E MOLECULARES DE
UMA CULTIVAR DE CANA-DE-AÇÚCAR TOLERANTE À
SECA E SUBMETIDA AO DÉFICIT HÍDRICO PROLONGADO**

Bruna Robiati Telles

Orientadora: Profa. Dra. Maria Inês Tiraboschi Ferro

Coorientadoras: Dra. Flávia Maria de Souza Carvalho

Dra. Poliana Fernanda Giachetto

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2016

T274c Telles, Bruna Robiati
Características fisiológicas e moleculares de uma cultivar de cana-de-açúcar tolerante à seca e submetida ao déficit hídrico prolongado / Bruna Robiati Telles. -- Jaboticabal, 2016
xi, 164 p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016
Orientadora: Maria Inês Tiraboschi Ferro
Coorientadoras: Flávia Maria de Souza Carvalho, Poliana Fernanda Giachetto
Banca examinadora: Priscila Lupino Gratão, Paula Macedo Nobile
Bibliografia

1. *Saccharum spp.* 2. Déficit hídrico prolongado. 3. RNA-seq. 4. Montagem *de novo*. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.61:631.52

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS E MOLECULARES DE UMA CULTIVAR DE CANA-DE-AÇÚCAR TOLERANTE À SECA E SUBMETIDA AO DÉFICIT HÍDRICO PROLONGADO


AUTORA: BRUNA ROBIATI TELLES


ORIENTADORA: MARIA INÊS TIRABOSCHI FERRO

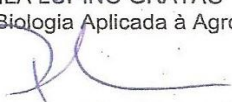
CO-ORIENTADORA: FLAVIA MARIA DE SOUZA CARVALHO

CO-ORIENTADORA: POLIANA FERNANDA GIACHETTO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Pós-doutoranda FLAVIA MARIA DE SOUZA CARVALHO
Departamento de Tecnologia / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Profa. Dra. PRISCILA LUPINO GRATÃO
Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Pesquisadora Dra. PAULA MACEDO NOBILE
Instituto Agrônômico de Campinas / Centro de Cana de Açúcar / Ribeirão Preto, SP

Jaboticabal, 26 de agosto de 2016.

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Bruna Robiati Telles - nascida no município de Araraquara, Estado de São Paulo, em 26 de junho de 1992, filha de Luiz Carlos Telles e Cleonice Robiati Telles. Em 2007, ingressou na Escola Técnica Estadual Sylvio de Mattos Carvalho – Matão/SP, onde concluiu, em 2009, o Ensino Médio, ganhando o 1º lugar na VI Olimpíada Regional de Química (paralela) realizada pela USP de Ribeirão Preto e Menção Honrosa na Olimpíada Brasileira de Matemática das Escolas Públicas (OBMEP), neste período. Em 2010, ingressou no curso de Bacharelado em Ciências Biológicas na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Câmpus de Jaboticabal, vindo a graduar-se em fevereiro de 2014, quando ganhou na colação de grau o “Prêmio Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, da Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Jaboticabal”, por ter obtido a maior média entre as disciplinas ministradas durante o curso de graduação em Ciências Biológicas. Durante a graduação, realizou duas iniciações científicas financiadas pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), uma no período de 2012 a 2013, e outra no período de 2013 a 2014. Ministrou aulas de gramática no cursinho pré-vestibular Ativo da UNESP de Jaboticabal no período de 2010 a 2012, além de participar de vários eventos da Universidade. Em novembro de 2014, ganhou Menção Honrosa com o trabalho intitulado: “Sequenciamento de genótipos de cana-de-açúcar submetidos ao estresse hídrico prolongado”, na segunda fase do XXVI Congresso de Iniciação Científica (CIC) da UNESP, o qual ficou em sétimo lugar dentre os dez melhores trabalhos da área de biológicas de todos os campus da UNESP. Em agosto de 2014, iniciou o curso de Formação Pedagógica de Docentes para a Educação Profissional em Nível Médio no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo (IFSP), Câmpus de Sertãozinho, obtendo em agosto de 2015 o certificado para atuar na educação básica na área de Ciências Biológicas. Iniciou também em agosto de 2014 o curso de mestrado no Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas na FCAV - UNESP/ Jaboticabal, sob a orientação da Profa. Dra. Maria Inês Tiraboschi Ferro, o que resultou no presente trabalho.

“A persistência é o menor caminho para o êxito”.

Charles Chaplin

DEDICATÓRIA

À **Deus**, por esta vida maravilhosa e pelas coisas incríveis que providenciaste em minha vida;

Aos meus amados pais **Luiz Carlos Telles** e **Cleonice Robiati Telles**, por todo carinho, compreensão, educação, amor e incentivo que sempre me deram. Sem vocês eu não teria superado cada etapa da minha vida e todas as dificuldades pelas quais passei até chegar aqui. Vocês são minha confiança, minha felicidade, meus amores, meu tudo. Tudo o que eu sou eu devo a vocês. Amo vocês mais que tudo nesse mundo!

Às minhas irmãs **Mariana Robiati Telles** e **Letícia Robiati Telles**, por sempre me ouvirem, me compreenderem, me ajudarem nos momentos difíceis e por torcerem sempre por mim em todos os momentos da minha vida. Vocês são minhas melhores amigas e os melhores presentes que os nossos pais e Deus poderiam me dar. Amo vocês!

Ao meu namorado **Ayrton Antonio Batista Junior**, por todo apoio que sempre me deu, por sempre acreditar que eu seria capaz de atingir todos os meus objetivos. Agradeço pela compreensão e pelas infinitas ajudas, acrescentando muitas coisas para minha formação. Você é muito importante para mim, um presente de Deus muito especial. Te amo!

Dedico com amor incondicional

AGRADECIMENTOS

Infinitamente a **Deus**, por sempre guiar meus pensamentos e minhas condutas, me mostrando sempre os melhores caminhos a serem seguidos e me dando sempre muita força para lutar pelos meus objetivos. Obrigada senhor Deus por mais esta etapa concluída e por tudo que providenciaste em minha vida;

À **Profa. Dra. Maria Inês Tiraboschi Ferro**, pela orientação, ensinamentos, correções, incentivos, conselhos nos momentos difíceis e por toda a sua experiência. Agradeço a Deus por ter colocado a senhora em meu caminho. Não tenho palavras para agradecer todo o carinho nesses anos, e por ser além de orientadora e professora, uma grande amiga. Obrigada por tudo e pela oportunidade de realizar este trabalho;

Ao **Prof. Dr. Jesus Aparecido Ferro**, pelos ensinamentos, experiências e pela disponibilidade do laboratório;

À pesquisadora **Dra. Poliana Fernanda Giachetto**, pela coorientação, ensinamentos, incentivos, paciência, carinho e pelas análises de bioinformática. Suas correções e sugestões foram de fundamental importância e contribuíram muito para a realização deste trabalho. Muito obrigada;

À **Dra. Flávia Maria de Souza Carvalho**, pela coorientação, experiência, ensinamentos, correções, amizade, auxílio nas análises dos dados e valiosas contribuições para o desenvolvimento deste projeto. Muito obrigada;

Ao **Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro**, pelos ensinamentos, sugestões, auxílio e pelas análises de bioinformática;

Ao **Me. Giovanni Marques Castro**, pelos ensinamentos, parceria e análises de bioinformática. Agradeço muito a paciência, as sugestões e a disponibilidade em participar deste trabalho. Muito obrigada;

À **Dra. Juliana da Silva Vantini**, pela experiência, amizade maravilhosa, carinho, incentivo, correções e sugestões. Obrigada por ter sido a professora que despertou em mim a paixão pela biologia molecular e por ter me ensinado muitas coisas desde o meu estágio no laboratório, até o término do meu mestrado;

Ao **Prof. Dr. Jairo Osvaldo Cazetta**, à pesquisadora **Dra. Samira Domingues Carlin Cavallari** e a **Dra. Thais Ramos da Silva**, por todos os ensinamentos e auxílios. Tenho muito a agradecer a vocês por terem me dado a

oportunidade de participar desde o início dos experimentos deste projeto, como aluna de iniciação científica no Laboratório de Química e Bioquímica de Plantas, e por apoiarem a continuidade do trabalho;

Ao **Prof. Dr. Jairo Osvaldo Cazetta** e à pesquisadora **Dra. Samira Domingues Carlin Cavallari**, pelo auxílio nas análises de fisiologia e pelas discussões sempre muito valiosas;

Aos membros da banca de qualificação: **Profa. Dra. Poliana Fernanda Giachetto, Dra. Samira Domingues Carlin Cavallari e Dr. Michael dos Santos Brito**, pela disponibilidade, sugestões e correções;

Aos membros da comissão examinadora: **Dra. Flávia Maria de Souza Carvalho, Profa. Dra. Priscila Lupino Gratão e Dra. Paula Macedo Nobile**, pela disponibilidade, correções e contribuições;

Ao **Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho, Ricardo e Camila Fernandes**, pelo sequenciamento das amostras;

Aos queridos amigos (as), companheiros (as) de trabalho do Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular: Rafael Marini, Fernando, Flávia “mãe”, Tamiris, Julie, Ana, Dani, Larissa, Lucília, Jú Vantini, Aline Belesini, Flavinha, Claudênia, Helen, Aline Lopes, Thaísa, Angela, Janaína, Michelle, Amanda, Catarina e Jéssica, pela amizade, companheirismo, aprendizado, auxílios e contribuições no trabalho e por todos os momentos agradáveis que me proporcionaram, fazendo do LBM um lugar maravilhoso de se trabalhar. Muito obrigada por tudo;

Às queridas colegas do Centro de Recursos Biológicos e Genômicos (CREBIO): **Agda, Mariza e Renata**, agradeço pela amizade, colaboração e disponibilidade em ajudar sempre que possível;

À querida amiga e “irmã” **Aline Belesini**, por toda amizade, carinho, paciência, compreensão, conselhos, incentivos, ensinamentos e experiência. Muito obrigada por ser essa pessoa maravilhosa e iluminada que você é, e pela ótima parceria na realização deste trabalho. Não tenho como expressar tamanha gratidão por toda ajuda. Este trabalho é nosso;

Às queridas amigas Henriette Gellert Moranza, Janaina Costa Peres, Fernanda Mendes de Oliveira e Dayane Andrade dos Reis, pela amizade, por todas

as conversas e pelo apoio durante esta jornada. É muito bom saber que nossa amizade sempre será a mesma. Obrigada;

Às gordinhas, Clau, Ana, Flavinha, Julie, Tamiris, Michelle, Aline Lopes e Aline Belesini pelos momentos maravilhosos que passamos juntas no laboratório e fora dele, pela amizade, carinho, conselhos, compreensão, “gordices”, e por toda ajuda. Vocês são muito especiais. Muito obrigada;

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP/Jaboticabal), pela oportunidade de fazer o mestrado e pelos cursos e eventos oferecidos, proporcionando uma ótima formação;

À Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de estudos;

À Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo financiamento da pesquisa;

À todos os alunos, funcionários e professores do Departamento de Tecnologia;

Aos meus queridos pais **Cleonice** e **Luiz Carlos**, por nunca medirem esforços para que eu tivesse uma ótima formação e por me apoiarem em todas as fases da minha vida. Não tenho palavras que possam agradecer tudo o que fizeram e fazem por mim. Eu serei eternamente grata a vocês por tornarem minha vida sempre muito mais feliz, meu amor por vocês é eterno. Muito obrigada;

Às minhas irmãs **Mariana** e **Letícia**, e ao meu cunhado **Lucas**, pela amizade, pelas longas conversas e conselhos, pelo auxílio, por todo carinho, apoio, torcida e por todos os momentos de alegria. Vocês são muito especiais, amo vocês;

À minha linda sobrinha e princesa **Ana Maria**, por alegrar todos os meus dias com sua existência. Te amo!

Ao meu namorado **Ayrton**, por ser a pessoa mais incrível que já conheci e por estar sempre ao meu lado, me apoiando em todos os momentos importantes da minha vida. Obrigada por todo carinho e amor que sempre me deu, me ajudando muito a concluir esta etapa. Te amo!;

À minha sogra **Rosi**, ao meu sogro **Airton** e aos meus cunhados **Luis Fylype** e **Laura**, por todo apoio e incentivo que sempre me deram.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	iv
ABSTRACT	v
LISTA DE ABREVIATURAS.....	vi
LISTA DE TABELAS	vii
LISTA DE FIGURAS.....	viii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 Aspectos gerais da cana-de-açúcar: origem, morfologia, fisiologia e adaptação.....	4
2.2 Importância econômica da cana-de-açúcar	6
2.3 Cultivares de cana-de-açúcar.....	9
2.4 Deficiência hídrica	10
2.5 Transcriptoma	14
2.6 RNA-seq.....	16
2.7 Montagem <i>de novo</i>	21
2.8 Estudos sobre transcriptoma de cana-de-açúcar sob déficit hídrico	25
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 Material vegetal e delineamento experimental	29
3.2 Análises fisiológicas	33
3.2.1 Número de perfilhos e área foliar.....	33
3.2.2 Potencial hídrico foliar	34
3.2.3 Índice de cor verde da folha (via SPAD).....	34
3.2.4 Fotossíntese e concentração interna de CO ₂	34
3.2.5 Análise estatística.....	35
3.3 Análises moleculares	35
3.3.1 Coleta das folhas de cana-de-açúcar	35
3.3.2 Extração de RNA total das plantas	36
3.3.3 Quantificação e análise da integridade do RNA total.....	39
3.3.4 Construção das bibliotecas de cDNA	40
3.3.5 Clusterização e sequenciamento.....	42

3.4	Análise dos dados do sequenciamento.....	42
3.4.1	Processamento das leituras e filtragem dos dados (trimagem)	42
3.4.2	Montagem <i>De Novo</i> do transcriptoma de cana-de-açúcar	43
3.4.3	Montagem de uma montagem referência	43
3.4.4	Estimativa de abundância dos transcritos e normalização	44
3.4.5	Anotação dos transcritos	44
3.4.6	Identificação dos genes diferencialmente expressos.....	45
3.4.7	Identificação dos genes exclusivos da cultivar tolerante	46
3.4.8	Agrupamento de perfis de genes exclusivos em 30, 60 e 90 DAT, sob os diferentes tratamentos.....	46
3.4.9	Categorização e anotação dos transcritos de cada grupo (“cluster”).....	46
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	48
4.1	Análises fisiológicas	48
4.1.1	Análise de variância e teste de médias	48
4.1.2	Número de perfilhos	51
4.1.3	Área foliar	54
4.1.4	Potencial hídrico foliar	57
4.1.5	Índice de cor verde da folha.....	60
4.1.6	Fotossíntese	63
4.1.7	Concentração interna de CO ₂	65
4.1.8	Caracterização das cultivares através das variáveis fisiológicas.....	67
4.2	Análises moleculares	67
4.2.1	Análise da qualidade do RNA.....	67
4.2.2	Processamento das leituras e filtragem dos dados (trimagem)	74
4.2.3	Montagem <i>de novo</i>	77
4.2.4	Identificação dos genes diferencialmente expressos.....	80
4.2.5	Análise dos “clusters” contendo genes exclusivos da cultivar tolerante em 30, 60 e 90 DAT sob os diferentes tratamentos	80
4.2.6	Anotação dos transcritos exclusivos da cultivar tolerante.....	84
4.2.7	Genes exclusivos da cultivar SP81-3250 envolvidos na tolerância à seca prolongada	88

4.2.8	Relação dos genes exclusivos da cultivar tolerante na resposta ao déficit hídrico prolongado.....	118
4.2.9	Genes órfãos envolvidos na resposta ao déficit hídrico prolongado....	129
5.	Conclusão	131
6.	Referências.	132

CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS E MOLECULARES DE UMA CULTIVAR DE CANA-DE-AÇÚCAR TOLERANTE À SECA E SUBMETIDA AO DÉFICIT HÍDRICO PROLONGADO

RESUMO - A cana-de-açúcar é uma cultura fortemente influenciada pela seca, o que é um fator limitante para a produção sucroenergética. No Brasil, esta cultura está se expandindo para regiões com deficiência hídrica bastante acentuada, e uma das formas de contornar este problema é utilizar cultivares que sejam mais adaptadas a este tipo de estresse. Por isso, o objetivo deste trabalho foi analisar o comportamento fisiológico e molecular de plantas de cana-de-açúcar submetidas a distintos períodos de deficiência hídrica, a fim de contribuir com novos conhecimentos na área e auxiliar no desenvolvimento e cultivo de plantas mais bem adaptadas a essa condição. Neste trabalho, foram utilizadas duas cultivares de cana-de-açúcar contrastantes à seca (SP81-3250 e RB855453), tolerante e sensível, respectivamente. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação e submetidas a três controlados potenciais hídricos do solo (controle, déficit hídrico moderado e déficit hídrico severo) a partir de 60 dias após o plantio. Essas plantas foram avaliadas molecular e fisiologicamente em três épocas distintas: 30, 60 e 90 dias após a aplicação dos tratamentos, sendo este um dos poucos trabalhos disponíveis até o momento sobre a resposta de plantas de cana-de-açúcar sob déficit hídrico prolongado. A tecnologia de RNA-Seq foi utilizada para obtenção dos transcriptomas de folhas dos dois genótipos de cana. A montagem *de novo* desses transcriptomas foi realizada, o que permitiu identificar os genes exclusivos de ambas as cultivares e analisar os exclusivos da cultivar tolerante envolvidos na resposta de defesa ao déficit hídrico prolongado. Os parâmetros fisiológicos avaliados mostraram alterações significativas em resposta ao déficit hídrico. A montagem *de novo* resultou em 161.295 isoformas, sendo 86.087 genes distintos. Para anotação, os transcritos foram alinhados contra sequências de *Sorghum bicolor*, *Arabidopsis thaliana*, bem como sequências de cana-de-açúcar disponíveis em bancos de dados públicos. Através da análise de genes diferencialmente expressos, foram identificados 5.236 genes exclusivos. Destes, 2.635 genes são da cultivar SP81-3250 e 2.601 genes da cultivar RB855453. Entre os genes exclusivos da cultivar tolerante, alguns foram anotados como proteases, fatores de transcrição, enzimas antioxidantes, proteínas da via de sinalização do etileno e proteínas da via de sinalização do ácido salicílico, todos envolvidos na resposta de defesa ao déficit hídrico, o que permitiu levantar novas hipóteses sobre o mecanismo de tolerância à seca prolongada.

Palavras-chave: Déficit hídrico prolongado, expressão gênica, genes de tolerância, montagem *de novo*, RNA-seq, *Saccharum spp.*

PHYSIOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERISTICS OF A SUGARCANE CULTIVAR DROUGHT TOLERANT SUBMITTED TO A PROLONGED WATER DEFICIT

ABSTRACT - The sugarcane culture is strongly influenced by drought, which is a limiting factor for sugar and energy production. In Brazil, this culture is expanding to regions with very severe water stress and one way to workaroud this issue is to use cultivars that are more adapted to this form of stress. Therefore, the objective of this study has been to analyze the physiological and molecular behavior of sugarcane plants submitted to different periods of water stress in order to contribute to new knowledge in the area and assist in the development and cultivation of better-adapted plants to this condition. In this study, we have employed two cultivars of sugarcane that are contrasting to drought (SP81-3250 and RB855453), tolerant and sensitive, respectively. Plants have been cultivated in a greenhouse and submitted to three controlled potential soil hydric (control, moderate drought and severe water deficit) from 60 days after planting. These plants have been evaluated molecular and physiologically in three different periods: 30, 60 and 90 days after treatment application, which is one of the few studies available to date on the response of sugarcane plants under prolonged drought. RNA-Seq technology has been used to obtain the transcriptomes leaves of the two genotypes of sugarcane. The *de novo* assembly has been performed which has allowed identifying exclusive genes of both cultivars and analyzing the exclusive tolerant cultivar involved in defense response to prolonged drought. The physiological parameters evaluated have shown significant changes in response to water stress. The *de novo* assembly resulted in 161,295 isoforms, with 86,087 different genes. To record, the transcripts have been were aligned against sequences of *Sorghum bicolor*, *Arabidopsis thaliana*, and sugarcane sequences available in public databases. Through the analysis of differentially expressed genes have been identified 5,236 exclusive genes. Out of those, 2,635 genes come from cultivar SP81-3250 and 2,601 genes come from cultivar RB855453. Among exclusive genes of tolerant cultivar, some have been listed as the proteases, transcription factors, antioxidant enzymes, proteins of the ethylene signaling pathway and proteins of salicylic acid signaling pathway, all involved in the defense response to drought, which have allowed to raise new hypotheses about the mechanism of tolerance the prolonged drought.

Keywords: Prolonged water deficit, gene expression, tolerance genes, *de novo* assembly, RNA-seq, *Saccharum spp.*

LISTA DE ABREVIATURAS

- T:** Tensão superficial do solo
- DAP:** Dias após o plantio
- DAT:** Dias após a aplicação dos tratamentos
- MPa:** Megapascal
- F:** Teste estatístico F
- S:** cultivar sensível
- T:** cultivar tolerante
- N:** não estressada
- M:** déficit hídrico moderado
- S:** déficit hídrico severo
- SM:** cultivar sensível, déficit hídrico moderado
- SS:** cultivar sensível, déficit hídrico severo
- SN:** cultivar sensível, não estressada
- TM:** cultivar tolerante, déficit hídrico moderado
- TS:** cultivar tolerante, déficit hídrico severo
- TN:** cultivar tolerante, não estressada
- SS:** *Saccharum spp.*
- RIN:** número de integridade do RNA

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1. Amostras de RNA total extraídos da cultivar de cana-de-açúcar SP81-3250, tolerante ao déficit hídrico prolongado (30, 60 e 90 DAT), sob três níveis de disponibilidade hídrica no solo: não estressada (controle), déficit hídrico moderado e déficit hídrico severo.....	37
Tabela 2. Amostras de RNA total extraídos da cultivar de cana-de-açúcar RB855453, sensível ao déficit hídrico prolongado (30, 60 e 90 DAT), sob três níveis de disponibilidade hídrica no solo: não estressada (controle), déficit hídrico moderado e déficit hídrico severo.....	37
Tabela 3. Análise de variância pelo teste F das variáveis fisiológicas avaliadas aos 30 DAT.....	47
Tabela 4. Análise de variância pelo teste F das variáveis fisiológicas avaliadas aos 60 DAT.....	48
Tabela 5. Análise de variância pelo teste F das variáveis fisiológicas avaliadas aos 90 DAT.....	48
Tabela 6. Valores de qualidade, quantidade e integridade das amostras de RNA total nos equipamentos NanoDrop, Qubit e Bioanalyzer, respectivamente.....	68
Tabela 7. Resultado do número de sequências pré e pós-processadas após o sequenciamento.....	73
Tabela 8. Estatística descritiva da montagem do transcriptoma da cana-de-açúcar, utilizando o programa Trinity.....	77
Tabela 9. Resultados da anotação do transcriptoma da cana-de-açúcar contra os diferentes bancos de dados.....	78
Tabela 10. Anotação pelo Blastx dos genes exclusivos selecionados de cada “cluster” da cultivar SP81-3250 (tolerante à seca).....	85
Tabela 11. Genes órfãos exclusivos da cultivar tolerante diferencialmente expressos em relação ao controle.....	128

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Estágios de desenvolvimento da cana-de-açúcar. Fonte: GASCHO; SHIH,1983.....	5
Figura 2. Mapa das áreas de plantações de cana-de-açúcar e das unidades produtoras de açúcar, etanol e bioeletricidade no Brasil. Fonte: UNICA, 2016.....	8
Figura 3. Representação esquemática do princípio tecnológico da plataforma Illumina. Adaptado de ILLUMINA, 2007 e CARVALHO; SILVA, 2010.....	18
Figura 4. Análise de dados de RNA-seq. Após o sequenciamento, as leituras são pré-processadas para remover as de baixa qualidade e os artefatos, tais como sequências de adaptadores (azul), DNA contaminante (verde) e duplicatas de PCR (estágios 1 e 2). Em seguida, os erros de sequências (cruzes vermelhas) são opcionalmente removidos (estágio 3) para melhorar a qualidade das leituras. As leituras pré-processadas são então montadas em transcritos (laranja, estágio 4) e submetidas a processos de pós-montagem para remover erros de montagem (cruzes azuis). Os transcritos são então pós-processados (estágio 5) e o nível de expressão de cada um é então estimado pela contagem do número de leituras que se alinham para cada transcrito (estágio 6). Fonte: MARTIN; WANG, 2011.....	21
Figura 5. Correção e adubação do solo para experimentos em vasos.....	29
Figura 6. Procedimentos para instalação do experimento.....	30
Figura 7. Unidade experimental com os dois tensiômetros de punção (de 10 e 30 cm) e o tubo de PVC instalados.....	31
Figura 8. Condução do experimento em casa de vegetação após aplicação das três distintas tensões hídricas em MPa (T1 - sem restrição hídrica; T2 - restrição hídrica moderada, T3 - restrição hídrica severa).....	32
Figura 9. Coleta e armazenamento das folhas de cana-de-açúcar tolerante e sensível à seca.....	35
Figura 10. Equipamentos utilizados para determinar a qualidade, a quantidade e a integridade do RNA total, respectivamente.....	39
Figura 11. Número de perfilhos por vaso das cultivares SP81-3250 e RB855453 após aplicação do déficit hídrico sob três tensões hídricas do solo.....	50
Figura 12. Área foliar das cultivares SP81-3250 e RB855453 após aplicação do déficit hídrico sob três tensões hídricas do solo.....	53

- Figura 13.** Potencial hídrico foliar das cultivares SP81-3250 e RB855453 após aplicação do déficit hídrico sob três tensões hídricas do solo.....56
- Figura 14.** Índice de cor verde da folha das cultivares SP81-3250 e RB855453 após aplicação do déficit hídrico sob três tensões hídricas do solo.....59
- Figura 15.** Fotossíntese das cultivares SP81-3250 e RB855453 após aplicação do déficit hídrico sob três tensões hídricas do solo.....62
- Figura 16.** Concentração interna de CO₂ das cultivares SP81-3250 e RB855453 após aplicação do déficit hídrico sob três tensões hídricas do solo.....64
- Figura 17.** Eletroferogramas gerados pelo Bioanalyzer (“Agilent 2100 Bioanalyzer”) mostrando os valores de RIN das amostras de RNA total de folhas de cana-de-açúcar coletadas aos 30 dias de déficit hídrico.....70
- Figura 18.** Eletroferogramas gerados pelo Bioanalyzer (“Agilent 2100 Bioanalyzer”) mostrando os valores de RIN das amostras de RNA total de folhas de cana-de-açúcar coletadas aos 60 dias de déficit hídrico.....71
- Figura 19.** Eletroferogramas gerados pelo Bioanalyzer (“Agilent 2100 Bioanalyzer”) mostrando os valores de RIN das amostras de RNA total de folhas de cana-de-açúcar coletadas aos 90 dias de déficit hídrico.....72
- Figura 20a.** “Clusters” 1 a 4, representando diferentes padrões de expressão dos transcritos exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250), submetida a três tratamentos (controle (N), déficit hídrico moderado (M) e déficit hídrico severo (S)) em três épocas amostrais (30, 60 e 90 DAT). Os valores de expressão entre as bibliotecas foram normalizados por TMM (“Trimmed Mean of M-values”) para cálculo dos genes diferencialmente expressos e posterior identificação dos genes exclusivos. A figura evidencia que os genes presentes em cada “cluster” não são expressos na cultivar sensível (S) RB855453 em nenhum tratamento e em nenhuma época amostral. Os três pontos de uma mesma cor representam a mediana dos valores de expressão dos transcritos para cada repetição biológica (total de três repetições), e a linha traçada representa a mediana das três repetições.....80
- Figura 20b.** “Clusters” 5 a 8, representando diferentes padrões de expressão dos transcritos exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250), submetida a três tratamentos (controle (N), déficit hídrico moderado (M) e déficit hídrico severo (S)) em três épocas amostrais (30, 60 e 90 DAT). Os valores de expressão entre as bibliotecas foram normalizados por TMM (“Trimmed Mean of M-values”) para cálculo dos genes diferencialmente expressos e posterior identificação dos genes exclusivos. A figura evidencia que os genes presentes em cada “cluster” não são expressos na cultivar sensível (S) RB855453 em nenhum tratamento e em nenhuma época amostral. Os três pontos de uma mesma cor representam a mediana dos valores de expressão dos transcritos para cada repetição biológica (total de três repetições), e a linha traçada representa a mediana das três repetições.....81

Figura 21. Modelo hipotético para o possível mecanismo de tolerância ao estresse por helicase. O eIF4A é um membro da família de RNA helicase DEAD-box. Estresses podem aumentar a formação de estruturas secundárias inibitórias na região 5' UTR do RNAm de muitos genes essenciais. O eIF4 é responsável por remover a estrutura secundária do RNAm. O eIF4A e eIF4B, ligam-se a 5' UTR e desenrolam juntos a estrutura secundária inibitória de um modo dependente de ATP, o que facilita a ligação do ribossomo. Depois disso, essa organela verifica o códon de iniciação (AUG) e a síntese de proteínas começa normalmente, a qual foi inibida anteriormente em função do impacto negativo do estresse. Adaptado de TUJETA; GILL; TUJETA, 2012.....88

Figura 22. (A) via ubiquitina proteassoma; (B) estrutura do complexo SCF. Fonte: YU et al., 2007.....96

Figura 23. Principais categorias de genes envolvidos na resposta de angiospermas a estresses abióticos como a seca e a salinidade. O grupo A inclui fatores envolvidos na regulação e transdução de sinais (proteínas reguladoras) reconhecidamente ativadas após o estresse. Tais proteínas induzem cascatas de sinais envolvendo algumas proteínas do grupo B, consideradas funcionais e estruturais, envolvidas nos mecanismos de tolerância aos estresses citados. Fonte: BENKO-ISEPPON et al., 2011.....119

Figura 24. Modelo de sinalização do etileno proposto por Ji e Guo (2013). Na presença do etileno, a ligação do hormônio conduz a inativação dos receptores de etileno, localizados na membrana do retículo endoplasmático, e de CTR1, resultando na desfosforilação de EIN2, e assim, na sua clivagem. Tendo uma NLS (sequência de localização nuclear) funcional, o fragmento C-terminal clivado de EIN2 é então transportado para o núcleo e participa na estabilização de EIN3 e ativação de genes downstream (como os fatores da transcrição da família AP2/EREBP).....121

Figura 25. Modelo de sinalização do etileno. Nesse modelo são mostrados outros mecanismos de sinalização do etileno mediados por EIN2, por meio do qual essa proteína impõe a repressão traducional do RNAm EBF1 e EBF2. Nesse esquema, EIN2 é clivada e transportada para o núcleo. No entanto, essa clivagem e transporte podem representar parte da ação de EIN2 como uma localização nuclear induzida de CEND (C-terminal de EIN2) para ativar apenas parcialmente a sinalização do etileno. A função citoplasmática de EIN2 é fundamental para desligar rapidamente a síntese proteica de EBF1/2, o que leva à rápida depleção de proteínas EBF1/2 devido à sua degradação proteossômica. Enquanto isso, um subconjunto de CEND é translocado para dentro do núcleo para estabilizar ainda mais e/ou ativar EIN3/EIL1 direta ou indiretamente.....122

Figura 26. Modelo proposto para o funcionamento da via de sinalização do etileno em cana-de-açúcar sob déficit hídrico prolongado. A concentração interna de CO₂ aumentou em 60 dias de déficit hídrico, e se manteve relativamente alta em 90 dias, enquanto a expressão de EIN2 diminuiu nesses dois períodos. O gene que codifica uma serina treonina quinase, possivelmente o CTR1, aumentou a expressão ao longo das épocas de déficit hídrico. O gene que codifica a família de fatores de

transcrição AP2/EREBP responsiva ao etileno, aumentou a expressão em 90 dias de déficit hídrico, o que demonstra que a via de sinalização do etileno estava ativada..... 124

Figura 27. Modelo proposto para o funcionamento da via de sinalização do ácido salicílico em cana-de-açúcar sob déficit hídrico prolongado.....127

Figura 28: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 1, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....156

Figura 29: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 2, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....157

Figura 30: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 3, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....158

Figura 31: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 4, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....159

Figura 32: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 5, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....160

Figura 33: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 6, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....161

Figura 34: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico e função molecular dos transcritos do “cluster” 7, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....162

Figura 35: Gráfico nível dois ilustrando a categorização em processo biológico, função molecular e componente celular dos transcritos do “cluster” 8, exclusivos da cultivar tolerante (SP81-3250).....163

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma cultura importante para a produção de etanol e açúcar, sendo considerada também uma das melhores opções para bioenergia, em virtude da sua elevada capacidade de produção de matéria seca (SILVA et al., 2007). Além disso, a sua capacidade de armazenar sacarose como fonte de energia primária, em vez de compostos mais complexos como amido, proteínas e lipídios, faz com que o seu uso na produção de energia seja facilitado (VARGAS et al., 2014).

A crescente demanda por esses produtos no país e no mundo tem favorecido a expansão da canavicultura no Brasil nos últimos anos para as regiões de cerrado, como o oeste e noroeste do estado de São Paulo, o triângulo mineiro, o leste do Mato Grosso do Sul, Goiás, Tocantins, Maranhão e oeste da Bahia. Estas regiões apresentam deficiência hídrica bastante acentuada, quando comparadas às regiões tradicionalmente ocupadas pela cultura da cana-de-açúcar, o que é um fator limitante para a produção. Uma das formas de contornar esse problema é plantar nessas regiões cultivares tolerantes à seca (BRESSIANI, BUTTERFIELD; SILVA, 2011).

O desenvolvimento de cultivares tolerantes ao déficit hídrico tem sido uma das prioridades dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no país. Entretanto, apesar dos avanços obtidos pelo melhoramento convencional, a escassez de informações genéticas e moleculares sobre os mecanismos de tolerância à seca e sua herança são quesitos limitantes para geração de variedades melhoradas com sucesso (BRESSIANI, BUTTERFIELD; SILVA, 2011). Isso acontece porque a maioria dos estudos dessa natureza avalia a expressão de genes responsivos à seca em um curto período de estresse, geralmente severo e aplicado sob plantas jovens, o que pode conduzir a avaliações errôneas da sensibilidade ou tolerância que tais plantas terão em condições reais de campo, onde o estresse perdura, frequentemente, por vários meses.

Assim, a compreensão e correlação da expressão dos genes e os produtos de sua expressão envolvidos nas respostas à deficiência hídrica prolongada poderá

ser a chave para desvendar e caracterizar novos mecanismos que permitam a adaptação destas plantas em condição limitante de água (RODRIGUES et al., 2009; GUPTA et al., 2010; ISKANDAR et al., 2011; RODRIGUES et al., 2011).

Para isso, é necessário primeiramente caracterizar o germoplasma de cana-de-açúcar quanto à tolerância ao déficit hídrico avaliando a atividade fotossintética, o teor de clorofila, número de folhas verdes, número de perfilhos, condutância estomática entre outras variáveis. Em seguida, é necessário fazer um sequenciamento do transcriptoma para compreender a função de um gene específico e sua interação com diversos outros, para entender a complexa rede de respostas que as plantas utilizam para se proteger do déficit hídrico prolongado. São esses conhecimentos em conjunto que impulsionam o surgimento de novas ideias de engenharia genética para modificar, a nível molecular, os mecanismos de defesa, alterando as respostas fisiológicas e agrônômicas das culturas ao déficit hídrico (NEPOMUCENO et al., 2011).

Para realizar estudos de transcriptoma envolvendo a identificação de genes diferencialmente expressos em resposta ao déficit hídrico, tem-se utilizado várias técnicas. Uma das técnicas amplamente utilizada para o estudo do transcriptoma é o RNA-Seq, o qual utiliza tecnologias de sequenciamento de nova geração, caracterizadas por apresentarem um custo muito menor e rapidez na obtenção das sequências, além de maior acurácia em relação ao sequenciamento convencional (Sanger) (METZKER, 2010), e preparação das amostras simplificada, através da eliminação da etapa de clonagem (PINTO et al. 2011). Além disso, esta técnica permite um sequenciamento de alto rendimento, produzindo milhões de sequências curtas de RNAm que serão posteriormente montados em transcritos, usando ou não um genoma de referência (KUMAR et al., 2014).

A cana-de-açúcar possui um genoma altamente complexo e, além disso, o mesmo ainda não se encontra disponível. Dessa forma, com a montagem *de novo* do transcriptoma sequenciado é possível a reconstrução dos transcritos e detecção dos genes envolvidos na resposta ao déficit hídrico prolongado, contribuindo, assim, com os programas de melhoramento genético da cultura e com o conhecimento sobre o genoma desse organismo.

Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar fisiologicamente as cultivares de cana-de-açúcar SP81-3250 (tolerante à seca) e RB85453 (sensível à seca), submetidas ao déficit hídrico prolongado, e identificar genes exclusivamente expressos na cultivar tolerante quando comparada à sensível, utilizando a técnica de RNA-Seq e a montagem *de novo* do transcriptoma de folhas dessas cultivares.

5. Conclusão

Nesse trabalho, observamos que o estudo de variáveis fisiológicas associado a análises moleculares fornecem resultados mais robustos e permitem inferir mais sobre o comportamento de uma cultivar de maneira sistêmica. Exemplos disso são os dois modelos de vias hormonais que foram propostos, um da via de sinalização do etileno e outro do ácido salicílico, mostrando o possível esquema de sinalização desses hormônios no caráter de tolerância ao déficit hídrico prolongado da cultivar SP81-3250.

Foram identificados 2.635 genes exclusivos da cultivar tolerante, dentre os quais foram analisados vinte genes envolvidos em mecanismos que favorecem a característica de tolerância ao déficit hídrico. Foram identificados também entre esses exclusivos, 39 genes órfãos e diferencialmente expressos em relação ao controle, podendo ser alvos de próximos estudos em programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar.

Dessa forma, mesmo sendo necessários mais estudos na área, uma vez que nosso trabalho é um dos poucos disponíveis na análise do déficit hídrico prolongado em cana-de-açúcar, essa pesquisa possibilitou a indicação de genes envolvidos com a tolerância à seca prolongada. Esses genes fornecem subsídios para futuros estudos, visando sua utilização em programas de melhoramento que almejem o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes à seca.

6. Referências:

- ADAMS, J. Transcriptome: connecting the genome to gene function. **Nature Education**, v. 1, n. 1, p. 195, 2008.
- AFZAL, A. J.; WOOD, A. J.; LIGHTFOOT, D. A. Plant receptor-like serine threonine kinases: roles in signaling and plant defense. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 21, n. 5, p. 507-517, 2008.
- ALKAN, C.; SAJJADIAN, S.; EICHLER, E. E. Limitations of next-generation genome sequence assembly. **Nature Methods**, v.8, p. 61-65, 2011.
- ALONSO, O. Raio x dos canaviais: Censo revela variedades mais cultivadas. **Revista Canavieiros**, Sertãozinho, ed. 39. Ano IV. p. 20-21, set. 2009.
- ARANTES, M. T. **Potencial de cultivares de cana-de-açúcar sob os manejos irrigado e sequeiro**. 2012. 65 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2012.
- ARENDSEE, Z. W.; LI, L.; WURTELE, E. S. Coming of age: orphan genes in plants. **Trends in Plant Science**, p. 1-11, 2014.
- ARRAES, F. B. M.; BENEVENTI, M. A.; SA, M. E. L.; PAIXAO, J. F. R.; ALBUQUERQUE, E. V. S.; MARIN, S. R. R.; PURGATTO, E.; NEPOMUCENO, A. L.; GROSSI-DE-AS, M. F. Implications of ethylene biosynthesis and signaling in soybean drought stress tolerance. **BMC Plant Biology**, v.15, n. 213, p.1-20, 2015.
- ASHRAF, M.; ATHAR, H. R.; HARRIS, P. J. C.; KWON, T. R. Some prospective strategies for improving crop salt tolerance. **Advances in Agronomy**, v. 97, p. 45-110, 2008.
- ASHRAF, M.; HARRIS, P. J. C. Photosynthesis under stressful environments: an overview. **Photosynthetica**, v. 51, n. 2, p.163-190, 2013.
- ASSAD, E.; PINTO, H. S.; NASSAR, A.; HARFUCH, L.; FREITAS, S.; FARINELLI, B.; LUNDELL, M.; BACHION, L. C.; FERNANDES, E. C. M. **Impactos das mudanças climáticas na produção agrícola brasileira**. Washington, DC: Banco Internacional para Reconstrução e Desenvolvimento/Associação Internacional de Desenvolvimento ou O Banco Mundial, 2013. Disponível em: http://www.profor.info/sites/profor.info/files/docs/web%20brasil_2030_portugues.pdf. Acesso em: 09 de novembro de 2015.

AUGUSTINE, S. M.; NARAYAN, J. A.; SYAMALADEVI, D. P.; APPUNU, C.; CHAKRAVARTHI, M.; RAVICHANDRAN, V.; TUJETA, N.; SUBRAMONIAN, N. Introduction of Pea DNA Helicase 45 into sugarcane (*Saccharum spp.* Hybrid) enhances cell membrane thermostability and upregulation of stress-responsive genes leads to abiotic stress tolerance. **Molecular Biotechnology**, v. 57, p. 475-488, 2015.

BAGNIEWSKA-ZADWORNA, A. The root microtubule cytoskeleton and cell cycle analysis through desiccation of *Brassica napus* seedlings. **Protoplasma**, v. 233, p. 177-185, 2008.

BAKER, M. *De novo* genome assembly: what every biologist should know. **Nature Methods**, v. 9, p. 333-337, 2012.

BARBOSA, F. S. **Resistência à seca em cana-de-açúcar para diferentes níveis de disponibilidade hídrica no solo**. 2010. 81 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

BARTELS, D.; SUNKAR, R. Drought and salt tolerance in plants. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 24, n. 1, p. 23–58, 2005.

BATISTA, L. M. T. **Avaliação morfofisiológica da cana-de-açúcar sob diferentes regimes hídricos**. 2013. 125 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade de Brasília, Brasília, 2013.

BELKHADIR, Y.; RAJAGOPAL, S.; DANGL, J. Plant disease resistance protein signaling: NBS-LRR proteins and their partners. **Current Opinion Plant Biology**, v. 7, n. 4, p. 391-399, 2004.

BENNETT, C. G. S.; BUZETTI, S.; SILVA, K. S.; TEIXEIRA FILHO, M. C. M.; GARCIA, C. M. P.; MAESTRELO, P. R. Produtividade e desenvolvimento da cana-planta e soca em função de doses e fontes de manganês. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 35, p.1661-1668, 2011.

BENKO-ISEPPON, A. M.; SOARES-CAVALCANTI, N. M.; BERLARMINO, L. C.; BEZERRA NETO, J. P.; AMORIM, L. L. B.; FERREIRA NETO, J. R. C.; PANDOLFI, V.; AZEVEDO, H. M. A.; SILVA, R. L. O.; SANTOS, M. G.; ALVES, M. V. S.; KIDO, E. A. Prospecção de genes de resistência à seca e à salinidade em plantas nativas e cultivadas. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 6, p. 1112-1134, 2011.

BEUTLER, A. N.; CENTURION, J. F.; SOUZA, Z. M.; ANDRIOLI, I.; ROQUE, C. G. Retenção de água em dois tipos de latossolos sob diferentes usos. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 26, n. 3, p. 829-834, 2002.

BISELLI, J. M.; **Expressão diferencial de microRNAs em células mononucleares do sangue periférico de crianças com síndrome de Down**. 2011. 86 f. Tese (Doutorado em Ciências da Saúde; Eixo Temático: Medicina e Ciências Correlatas)-Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP), São José do Rio Preto, 2011.

BOWMAN, M. J.; PARK, W.; BAUER, P. J.; UDALL, J. A.; PAGE, J. T.; RANEY, J.; SCHEFFLER, B. E.; JONES, D. C.; CAMPBELL, B. T. RNA-Seq transcriptome profiling of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) root tissue under water-deficit stress. **PLOS ONE**, San Francisco, v. 8, n. 12, p. 1-13, 2013.

BOYES, D. C.; NAM, J.; DANGL, J. L. The *Arabidopsis thaliana* RPM1 disease resistance gene product is a peripheral plasma membrane protein that is degraded coincident with the hypersensitive response. **Plant Biology**, v. 95, p. 15849-15854, 1998.

BRESSIANI, J.; BUTTERFIELD, M.; SILVA, J. Estratégias de melhoramento para ambientes sujeitos à deficiência hídrica: o exemplo da cana-de-açúcar. In: SIMPÓSIO SOBRE TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA HÍDRICA EM PLANTAS: ADAPTANDO AS CULTURAS AO CLIMA DO FUTURO, 2010, Goiânia. **Anais...** Santo Antonio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2011. p. 135-148.

BRITO, A. S.; LIBARDI, P. L.; GHIRBERTO, P. J. Componentes do balanço de água no solo com cana-de-açúcar, com e sem adubação nitrogenada. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 33, n. 2, p. 295-303, 2009.

BU, Q.; LV, T.; SHEN, H.; LUONG, P.; WANG, J.; WANG, Z.; HUANG, Z.; XIAO, L.; ENGINEER, C.; KIM, T. H.; SCHROEDER, J. I.; HUQ, E. Regulation of drought tolerance by the F-box protein MAX2 in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 164, n. 1, p. 424-439, 2014.

CAMBRAIA, J. Aspectos bioquímicos, celulares e fisiológicos dos estresses nutricionais em plantas. In: NOGUEIRA, R. J. M. C.; ARAÚJO, E. L.; WILLADINO, L. G.; CAVALCANTE, U. M. **Estresses ambientais: danos e benefícios em plantas**. Recife, UFRPE, 2005, cap. 2, p. 95-104.

CAO, S.; CHEN, Z.; LIU, G.; JIANG, L.; YUAN, H.; REN, G.; BIAN, X.; JIAN, H.; MA, X. The *Arabidopsis* Ethylene-Insensitive 2 gene is required for lead resistance. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 47, p. 308-312, 2009.

CAO, Y-R.; CHEN, S-Y.; ZHANG, J-S. Ethylene signaling regulates salt stress response. **Plant Signaling & Behavior**, v. 3, n. 10, p. 761-763, 2008.

CAPONE, A.; LUI, J. J.; SILVA, T. R.; DIAS, M. A. R.; MELO, A. V. Avaliação do comportamento de quinze cultivares de cana-de-açúcar na Região Sul do Tocantins. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v. 2, n. 3. p. 72-80, 2011.

CARDOSO-SILVA, C. B.; COSTA, E. A.; MANCINI, M. C.; BALSALOBRE, T. W. A.; CANESIN, L. E. C.; PINTO, L. R.; CARNEIRO, M. S.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, A. P.; VICENTINI, R. *De novo* assembly and transcriptome analysis of contrasting sugarcane varieties. **PLOS ONE**, San Francisco, v. 9, n. 2, p. 1-10, 2014.

CARSON, D. L.; BOTHA, F. C. Genes expressed in sugarcane maturing intermodal tissue. **Plant Cell Reports**, v. 20, p. 1075-1081, 2002.

CARSON, D. L.; BOTHA, F. C. Preliminary analysis of expressed sequence tags for sugarcane. **Crop Science**, v. 40, p. 1769-1779, 2000.

CARVALHO, M. C. C. G.; SILVA, D. C. G. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 3, p.735-744, 2010.

CASTRO, P. H.; TAVARES, R. M.; BEJARANO, E. R.; AZEVEDO, H. SUMO, a heavyweight player in plant abiotic stress responses. **Cellular and Molecular Life Science**, v. 69, p. 3269–3283, 2012.

CATALA, R.; OUYANG, J.; ABREU, I. A.; HU, Y.; SEO, H.; ZHANG, X.; CHUA, N-H. The Arabidopsis E3 SUMO ligase SIZ1 regulates plant growth and drought responses. **The Plant Cell**, v. 19, p. 2952–2966, 2007.

CATANEO, A. C.; DÉSTRO, G. F. G.; FERREIRA, L. C.; CHAMMA, K. L.; SOUSA, D. C. F. Atividade de glutationa-S-transferase na degradação do herbicida glyphosate em plantas de milho (*Zea mays*). **Planta Daninha**, Viçosa v. 21, n. 2, p. 307-312, 2003.

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

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília: Embrapa - Informação Tecnológica. 307p, 2004.

CHANG, Z.; LI, G.; LIU, J.; ZHANG, Y.; ASHBY, C.; LIU, D.; CRAMER, C. L.; HUANG, X. Bridger: a new framework for *de novo* transcriptome assembly using RNA-seq data. **Genome Biology**, v. 16, n. 30, p. 1-10, 2015.

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

CHEN, L.; HAN, J.; DENG, X.; TAN, S.; LI, L.; LI, L.; ZHOU, J.; PENG, H.; YANG, G.; HE, G.; ZHANG, W. Expansion and stress responses of AP2/EREBP superfamily in *Brachypodium distachyon*. **Scientific Reports**, v. 6, p. 1-14, 2016.

CHEN, L.; SONG, Y.; LI, S.; ZHANG, L.; ZOU, C.; YU, D. The role of WRKY transcription factors in plant abiotic stresses. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1819, p. 120-128, 2012.

CHENG, H-C.; QI, R. Z.; PAUDEL, H.; ZHU, H-J. Regulation and function of protein kinases and phosphatases. **Enzyme Research**, v. 2011, p. 1-3, 2011.

CHU, X.; WANG, C.; CHEN, X.; LU, W.; LI, H.; WANG, X.; HAO, L.; GUO, X. The cotton WRKY gene GhWRKY41 positively regulates salt and drought stress tolerance in transgenic *Nicotiana benthamiana*. **PLOS ONE**, San Francisco, p. 1-21, 2015.

CLARKE, K.; YANG, Y.; MARSH, R.; XIE, L.; ZHANG, K. K. Comparative analysis of *de novo* transcriptome assembly. **Science China Life Sciences**, v. 56, n. 2, p. 156-162, 2013.

CONAB- Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: Cana-de-açúcar. Quarto levantamento**, abril/2016. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_04_14_09_06_31_boletim_cana_portugues_-_4o_lev_-_15-16.pdf. Acesso em 19 de maio de 2016.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar. Segundo levantamento**, agosto/2012. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_08_09_15_07_05_boletim_cana_portugues_-_agosto_2012_2o_lev.pdf. Acesso em 09 de novembro de 2015.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar. Terceiro levantamento**, dezembro/2011. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_12_08_11_00_54_08.pdf. Acesso em 09 de novembro de 2015.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar 2014**. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_12_19_09_02_49_boletim_cana_portugues_-_3o_lev_-_2014-15.pdf. Acesso em 09 de novembro de 2015.

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**, v. 18, p. 3674-3676, 2005.

COON, M. J. Cytochrome P450: nature's most versatile biological catalyst. **Annual Review Pharmacology and Toxicology**, v. 45, p. 1-25, 2005.

CORDEIRO, Y. E. M. **Potencial de uso em recuperação de áreas degradadas: um estudo de três espécies nativas da Amazônia oriental sob dois regimes hídricos**. 2012. 89 f. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Amazonas, Belém, 2012.

COSTA, A. M. Prospecção gênica e bioinformática. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; JUNIOR, F. B. R. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 730 p, 2011.

COUSINS, A. B.; ADAM, N. R.; WALL, G. W.; KIMBALL, B. A.; PINTER JUNIOR, P. J.; OTTMAN, M. J.; LEAVITT, S. W.; WEBBER, A. N. Photosystem II energy use, non-photochemical quenching and the xanthophylls cycle in *Sorghum bicolor* grown under drought and free-air CO₂ enrichment (FACE) conditions. **Plant, Cell & Environmental**, Logan, v. 25, p. 1551-1559, 2002.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; RAO, S.; BERDING, N.; GLASZMANN, J. C. Characterization of the double structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Molecular and General Genetics**, Berlin, v. 250, n. 4, p. 405-413, 1996.

D'HONT, A.; RAO, S.; FELDMANN, P.; GRIVET, L.; ISLAM-FARIDI, N.; TAYLOR, P.; GLASZMANN, J. C. Identification and characterization of sugarcane intergeneric hybrids, *Saccharum officinarum* x *Erianthus arundinaceus*, with molecular markers and DNA in situ hybridization. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 91, n. 2, p. 320-326, 1995.

DABBAS, K. M. **Perfil de expressão gênica de cana-de-açúcar submetida a estresse biótico com *Xanthomonas albilineans***. 2009. 205 f. Tese (Doutorado em Microbiologia Agropecuária) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2009.

DE ARAUJO, P. G.; ROSSI, M.; JESUS, E. M.; SACCARO JR, N. L.; KAJIHARA, D.; MASSA, R.; FELIX, J. M.; DRUMMOND, R. D.; FALCO, M. C.; CHABREGAS, S. M.; ULIAN, E. C.; MENOSSI, M.; SLUYS, M. A. V. Transcriptionally active transposable elements in recent hybrid sugarcane. **Plant Journal**, v. 44, p. 707-717, 2005.

DELGADO, A. A.; CÉSAR, M. A. A. **Elementos de tecnologia e engenharia do açúcar de cana**. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, v. 2, p. 364, 1977.

DIETZ, K-J.; VOGEL, M. O.; VIEHHAUSER, A. AP2/EREBP transcription factors are part of gene regulatory networks and integrate metabolic, hormonal and environmental signals in stress acclimation and retrograde signaling. **Protoplasma**, v. 245, p. 3-14, 2010.

DONG, J.; CHEN, C.; CHEN, Z. Expression profiles of the Arabidopsis WRKY gene superfamily during plant defense response. **Plant Molecular Biology**, v. 51, p. 21-37, 2003.

EKBLOM, R.; WOLF, J. B. W. A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation. **Evolutionary Applications**, v. 7, p. 1026-1042, 2014.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Fenologia da cana-de-açúcar**. Disponível em: http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/cana-de-acucar/arvore/CONTAG01_68_22122006154840.html. Acesso em 18 de janeiro de 2016.

EMBRAPA- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Cana-de-açúcar**. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/cana-de-acucar/Abertura.html>. Acesso em 18 de janeiro de 2016.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Manual de métodos de análise de solo**. 2 ed. Rio de Janeiro: MAPA, p.15-16, 1997.

FALCO, M. C.; SILVA-FILHO, M. C. Expression of soybean proteinase inhibitors in transgenic sugarcane plants: Effects on natural defense against *Diatraea saccharalis* (Lepidoptera: Crambidae). **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 41, p. 761-766, 2003.

FALEIROS, A. C. **Análise da interação de *Azospirillum brasilense* FP2 com raízes de milho (*Zea mays*) por qPCR, microscopia eletrônica e proteômica**. 2014. 107 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2014.

FAROOQ, M.; WAHID, A.; KOBAYASHI, N.; FUJITA, D.; BASRA, S. M. A. Planta drought stress: effects, mechanisms and management. **Agronomy for Sustainable Development**, Paris, v. 29, p. 185-212, 2009.

FERREIRA, D. F. Sisvar: a computer statistical analysis system. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, p. 1039-1042, 2011.

FERREIRA, T. H.; GENTILE, A.; VILELA, R. D.; COSTA, G. G. L.; DIAS, L. I.; ENDRES, L.; MENOSSI, M. microRNAs associated with drought response in the bioenergy crop sugarcane (*Saccharum* spp.). **PLOS ONE**, v. 7, n. 10, p. 1-14, 2012.

FERRO, M. I. T. **Estudo do estresse hídrico em cana-de-açúcar utilizando genômica funcional**. 2008. 186 f. Tese (Livre Docência) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Julio de mesquita Filho”, Jaboticabal, 2008.

FRAGOSO, R. R.; NAKASU, E. Y. T.; ROCHA, T. L.; ROSA, A. J. M. Genômica Funcional. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; JUNIOR, F. B. R.. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 730 p, 2011.

FREITAS, L. de. **Influência de fragmentos florestais nativos sobre os parâmetros químicos, físicos e microbiológicos de solos cultivados com cana-de-açúcar**. 2011. 112 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Vegetal) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, 2011.

FU, Z. Q.; YAN, S.; SALEH, A.; WANG, W.; RUBLE, J.; OKA, N.; MOHAN, R.; SPOEL, S. H.; TADA, Y.; ZHENG, N.; DONG, X. NPR3 and NPR4 are receptors for the immune signal salicylic acid in plants. **Nature**, v. 1, p. 228-232, 2012.

FURLAN, L. R.; FERRAZ, A. L. J.; BORTOLOSSI, J. C. A genômica funcional no âmbito da produção animal: estado da arte e perspectivas. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v 36, 2007.

GALLÉ, A.; CSISZÁR, J.; SECENJI, M.; GUÓTH, A.; CSEUZ, L.; TARI, I.; GYÖRGYÉY, J.; ERDEI, L. Glutathione transferase activity and expression patterns during grain filling in flag leaves of wheat genotypes differing in drought tolerance: response to water deficit. **Journal of Plant Physiology**, v. 166, n. 17, p. 1878–1891, 2009.

GAO, R.; DUAN, K.; GUO, G.; DU, Z.; CHEN, Z.; LI, L.; HE, T.; LU, R.; HUANG, J. Comparative transcriptional profiling of two contrasting barley genotypes under salinity stress during the seedling stage. **International Journal of Genomics**, v. 2013, p. 1-19, 2013.

GARBER, M.; GRABHERR, M. G.; GUTTMAN, M.; TRAPNELL, C. Computational methods for transcriptome annotation and quantification using RNA-seq. **Nature Methods**, London, v. 8, n. 6, p. 469-477, 2011.

GARCIA, F. H. S. **Dinâmica temporal do estado fisiológico de cana-de-açúcar sob déficit hídrico**. 2015. 57 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Fisiologia Vegetal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

GARCÍA-LORENZO, M.; SJODIN, A.; JANSSON, S.; FUNK, C. Protease gene families in *Populus* and *Arabidopsis*. **BMC Plant Biology**, v. 6, n. 30, p. 1-24, 2006.

GASCHO, G. J.; SHIH, S. F. Sugarcane. In: TEARE, I. D.; PEET, M. M. **Crop Water Relations**, New York: John Wiley & Sons, p. 445-479, 1983.

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

GENTILE, A.; DIAS, L. I.; MATTOS, R. S.; FERREIRA, T. H.; MENOSSI, M. MicroRNAs and drought responses in sugarcane. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, n. 58, p. 1-13, 2015.

GENTLEMAN, R. C.; CAREY, V. J.; BATES, D. M.; BOLSTAD, B.; DETTLING, M.; DUDOIT, S.; ELLIS, B.; GAUTIER, L.; GE, Y.; GENTRY, J.; HORNIK, K.; HOTHORN, T.; HUBER, W.; IACUS, S.; IRIZARRY, R.; LEISCH, F.; LI, C.; MAECHLER, M.; ROSSINI, A. J.; SAWITZKI, G.; SMITH, C.; SMYTH, G.; TIERNEY, L.; YANG, J. Y.; ZHANG, J. Bioconductor: open software development for computational biology and bioinformatics. **Genome Biology**, v. 5, n. 10, R80, 2004.

GENUCHTEN, M. T. A. van. A closed-form equation for predicting the hydraulic conductivity of unsaturated soils. **Soil Science Society of America Journal**, v. 44, p. 892-897, 1980.

GHOSH, D.; XU, J. Abiotic stress responses in plant roots: a proteomics perspective. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 5, n. 6, p. 1-13, 2014.

GIACHETTO, P. F.; HIGA, R. H. Bioinformática aplicada à agricultura. In: SILVIA MARIA FONSECA SILVEIRA MASSRUHÁ et al. (Eds.). **Tecnologias da informação e comunicação e suas relações com a agricultura**. Brasília, DF: Embrapa, 2014.

GIMENEZ, D. F. J.; DEDEMO, G. C.; VANTINI, J. S.; DA SILVA, A. C. B.; TEZZA, R. I. D.; DABBAS, K. M.; MUTTON, M. A.; FERRO, M. I. T. Análise dos parâmetros biométricos, acúmulo de prolina e identificação de genes envolvidos na resposta ao déficit hídrico em cana-de-açúcar, por cDNA-AFLP. **Científica**, Jaboticabal, v. 41, n. 2, p. 209-225, 2013.

GONÇALVES, E. R. **Fotossíntese, osmorregulação e crescimento inicial de quatro variedades de cana-de-açúcar submetidas à deficiência hídrica**. 2008. 79 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Produção Vegetal) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 2008.

GOODSTEIN, D. M.; SHU, S.; HOWSON, R.; NEUPANE, R.; HAYES, R. D.; FAZO, J.; MITROS, T.; DIRKS, W.; HELLSTEN, U.; PUTNAM, N.; ROKHSAR, D. S. Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. **Nucleic Acids Research**, v. 40, p. 178-186, 2012.

GRABHERR, M. G.; HAAS, B. J.; YASSOUR, M.; LEVIN, J. Z.; THOMPSON, D. A.; AMIT, I.; ADICONIS, X.; FAN, L.; RAYCHOWDHURY, R.; ZENG, Q.; CHEN, Z.; MAUCALI, E.; HACOEN, N.; GNIRKE, A.; RHIND, N.; DI PALMA, F.; BIRREN, B. W.; NUSBAUM, C.; LINDBLAD-TOH, K.; FRIEDMAN, N.; REGEV, A. Trinity: reconstructing a full-length transcriptome without a genome from RNA-seq data. **Nature Biotechnology**, v. 29, n. 7, p. 644-652, 2013.

GRABHERR, M. G.; HAAS, B. J.; YASSOUR, M.; LEVIN, J. Z.; THOMPSON, D. A.; AMIT, I.; ADICONIS, X.; FAN, L.; RAYCHOWDHURY, R.; ZENG, Q.; CHEN, Z.; MAUCALI, E.; HACOEN, N.; GNIRKE, A. RHIND, N.; DI PALMA, F.; BIRREN, B. W.; NUSBAUM, C.; LINDBLAD-TOH, K.; FRIEDMAN, N.; REGEV, A. Full-length transcriptome assembly from RNA-seq data without a reference genome. **Nature Biotechnology**, v. 29, n. 7, p. 644-652, 2011.

GRAÇA, J. P. **Avaliação de parâmetros fisiológicos em cultivares de cana-de-açúcar submetidas ao déficit hídrico**. 2009. 52 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2009.

GRATÃO, P. L.; MONTEIRO, C. C.; CARVALHO, R. F.; TEZOTTO, T.; PIOTTO, F. A.; PERES, L. E. P.; AZEVEDO, R. A. Biochemical dissection of diageotropica and Never ripe tomato mutants to Cd-stressful conditions. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 56, p. 79-96, 2012.

GRAVITOL, C.; REGULSKI, M.; BERTALAN, M.; MCCOMBIE, W. R.; DA SILVA, F. R.; ZERLOTINI NETO, A.; VICENTINI, R.; FARINELLI, L.; HEMERLY, A. S.; MARTIENSSEN, R. A.; FERREIRA, P. C. Sugarcane genome sequencing by methylation filtration provides tools for genomic research in the genus *Saccharum*. **Plant Journal**, v. 79, p. 162-172, 2014.

GUIMARÃES, A. C. R. **Caracterização de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) submetidas a déficit hídrico**. 2011. 66 f. Dissertação (Mestrado em Ciências: Irrigação e Drenagem) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

GUO, R.; XU, X.; CAROLE, B.; LI, X.; GAO, M.; ZHENG, Y.; WANG, X. Genome-wide identification, evolutionary and expression analysis of the aspartic protease gene superfamily in grape. **BMC Genomics**, v. 14, p. 1-18, 2013.

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. **Funct Integr Genomics**, v. 10, p. 207-214, 2010.

HAAS, B. J.; CHIN, M.; NUSBAUM, C.; BIRREN, B. W.; LIVNY, J. How deep is deep enough for RNA-seq profiling of bacterial transcriptomes?. **BMC Genomics**, v. 13, n. 734, p. 1-11, 2012.

HERMANN, E. R.; CÂMARA, G. M. S. Um método simples para estimar a área foliar de cana-de-açúcar. **Revista da STAB**, v. 17, p. 32-34, 1999.

HO, M. S.; TSAI, P. I.; CHIEN, C. T. F-box proteins: the key to protein degradation. **Journal of Biomedical Science**, v.13, p. 181-191, 2006.

HOFFMANN, H. P.; SANTOS, E. G. D.; BASSINELLO, A. I.; VIEIRA, M. A. S. **Variedades RB de cana-de-açúcar**. Araras: Editora UFSCAR, 2008. 30p.

HOLANDA, L. A. **Resposta varietal da cana-de-açúcar à deficiência hídrica, durante o desenvolvimento inicial em um Latossolo Vermelho distrófico**. 2012. 66 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Botucatu, 2012.

HSIAO, N-W.; CHEN, Y.; KUAN, Y-C.; LEE, Y-C.; LEE, S-K.; CHAN, H-H.; KAO, C-H. Purification and characterization of an aspartic protease from the *Rhizopus oryzae* protease extract, Peptidase R. **Electronic Journal of Biotechnology**, v. 17, p. 89-94, 2014.

HUANG, B.; XU, C. Identification and characterization of proteins associated with plant tolerance to heat stress. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 50, n. 10, p. 1230-1237, 2008.

HUANG, N.; ZHANG, Y. Y.; XIAO, X. H.; HUANG, L.; WU, Q. B.; QUE, Y. X.; XU, L. P. Identification of smut-responsive genes in sugarcane using cDNA-SRAP. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 2, p. 6808-3818, 2015.

HUNICKE-SMITH, S. P. **DNA Sequencing Facility (Bionalyzer)**. 2012. Disponível em: <http://www.icmb.utexas.edu/core/DNA/Bioanalyzer/Bioanalyzer.html>. Acesso em: 05 de janeiro de 2016.

ILLUMINA. DNA sequencing with Solexa Technology. **Illumina Systems & Software**, 2007. Disponível em: http://www.plantsciences.ucdavis.edu/bit150/2006/JD_Lecture/Lecture%201%20Databases/Solexa_DNAsequencing.pdf. Acesso em 08 de dezembro de 2015.

ILLUMINA. **Paired- End Sequencing**, 2016. Disponível em: http://www.illumina.com/technology/next-generation-sequencing/paired-end-sequencing_assay.html. Acesso em 05 de setembro de 2016.

ILLUMINA. **RNA-seq Technology**, 2016. Disponível em: <http://www.illumina.com/technology/next-generation-sequencing/mrna-seq.html>. Acesso em: 18 de janeiro de 2016.

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

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**, v. 11, n. 12, p. 1-14, 2011.

ITO, T. M.; RAMPIM, M. C.; POLIDO, P. B.; SOUZA, S. G. H. de. Fatores de transcrição da família AP2/ERF e resposta em plantas aos estresses abióticos. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia**, UNIPAR, Umuarama, v. 15, n. 2, supl. 1, p. 207-214, 2012.

JAIN, M. Next generation sequencing technologies for gene expression profiling in plants. **Briefings in functional genomics**, v. 2, p. 63-70, 2011.

JAIN, M.; NIJHAWAN, A.; ARORA, R.; AGARWAL, P.; RAY, S.; SHARMA, P.; KAPPOR, S.; TYAGI, A. K.; KHURANA, J. P. F-box proteins in rice. Genome-wide analysis, classification, temporal and spatial gene expression during panicle and seed development, and regulation by light and abiotic stress. **Plant Physiology**, v. 143, p. 1467-1483, 2007.

JI, Y.; GUO, H. From endoplasmic reticulum (ER) to nucleus: EIN2 bridges the gap in ethylene signaling. **Molecular Plant**, v. 6, n. 1, p. 11-14, 2013.

JONES, P.; BINNS, D.; CHANG, H-Y.; FRASER, M.; LI, W.; MCANULLA, C.; MCWILLIAM, H.; MASLEN, J.; MITCHELL, A.; NUKA, G.; PESSEAT, S.; QUINN, A. F.; SANGRADOR-VEGAS, A.; SCHEREMETJEW, M.; YONG, S-Y.; LOPEZ, R.; HUNTER, S. InterProScan 5: Genome-scale Protein Function Classification. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1236-1240, 2014.

KAKUMANU, A.; AMBAVARAM, M. M. R.; KLUMAS, C.; KRISHNAN, A.; BATLANG, U.; MYERS, E.; GRENE, R.; PEREIRA, A. Effects of drought on gene expression in maize reproductive and leaf meristem tissue revealed by RNA-Seq. **Plant Physiology**, v. 60, p. 846-867, 2012.

KANG, G.; LI, G.; XU, W.; PENG, X.; HAN, Q.; ZHU, Y.; GUO, T. Proteomics reveals the effects of salicylic acid on growth and tolerance to subsequent drought stress in wheat. **Journal of Proteome Research**, v. 11, p. 6066-6079, 2012.

KATO, U.; EMOTO, K.; FREDRIKSSON, C.; NAKAMURA, H.; OHTA, A.; KOBAYASHI, T.; MURAKAMI-MUROFUSHI, K.; KOBAYASHI, T.; UMEDA, M. A Novel membrane protein, Ros3p, is required for phospholipid translocation across the plasma membrane in *Saccharomyces cerevisiae*. **The Journal of Biological Chemistry**, v. 277, n. 40, p. 37855-37862, 2002.

KHAN, M. S.; KHRAIWESH, B.; PUGALENTHI, G.; GUPTA, R. S.; SINGH, J.; DUTTAMAJUMDER, S. K.; KAPUR, R. Subtractive hybridization-mediated analysis of genes and in silico prediction of associated microRNAs under waterlogged conditions in sugarcane (*Saccharum* spp.). **FEBS Open Bio**, v. 4, p. 533-541, 2014.

KHRAIWESH, B.; QUDEIMAT, E.; THIMMA, M.; CHAIBOONCHOE, A.; JIJAKLI, K.; ALZAHMI, A.; ARNOUX, M.; SALEHI-ASHTIANI, K. Genome-wide expression analysis offers new insights into the origin and evolution of *Physcomitrella patens* stress response. **Scientific Reports**, v. 5, p. 1-15, 2015.

KIDO, E. A.; FERREIRA NETO, J. R. C.; SILVA, R. L. O.; PANDOLFI, V.; GUIMARÃES, A. C. R.; VEIGA, D. T.; CHABREGAS, S. M.; CROVELLA, S.; ISEPPON, M. B. New insights in the sugarcane transcriptome responding to drought stress as revealed by supersage. **The Scientific World Journal**, v. 2012, p. 1-14, 2012.

KIEŁBOWICZ-MATUK, A. Involvement of plant C2H2-type zinc finger transcription factors in stress responses. **Plant Science**, v. 185, p. 78-85, 2012.

KIM, G. T.; TSUKAYA, H. Regulation of the biosynthesis of plant hormones by cytochrome P450s. **Journal Plant Research**, v. 115, p. 169– 177, 2002.

KIM, H. B.; CHOI, S. B. **Cytocrome P450 gene for increasing seed size or water stress resistance of plant.** Patente Application Publication. Pub. n.US2010/0281576A1, 2010.

KIM, J-M.; TO, T. K.; NISHIOKA, T.; SEKI, M. Chromatin regulation functions in plant abiotic stress responses. **Plant, Cell & Environment**, v. 33, p. 604-611, 2010.

KOGENARU, S.; QING, Y.; GUO, Y.; WANG, N. RNA-Seq and microarray complement each other in transcriptome profiling. **BMC Genomics**, v. 13, p. 629, 2012.

KRANNICH, C. T.; MALETZKI, L.; KUROWSKY, C.; HORN, R. Network candidate genes in breeding for drought tolerant crops. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 16, p. 16378-16400, 2015.

KUAI, X.; MACLEOD, B. J.; DESPRÉS, C. Integrating data on the Arabidopsis NPR1/NPR3/NPR4 salicylic acid receptors; a differentiating argument. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, n. 235, p. 30-34, 2015.

KUMAR, S.; SHAH, N.; GARG, V.; BHATIA, S. Large scale in-silico identification and characterization of simple sequence repeats (SSRs) from de novo assembled transcriptome of *Catharanthus roseus* (L.) G. Don. **Plant Cell Reports**, v. 33, p. 905-918, 2014.

KURAMAE, E. E.; FENILLE, R. C.; ROSA JR, V. E.; ROSA, D. D.; ULIAN, E. C. Mining the enzymes involved in the detoxification of reactive oxygen species (ROS) in sugarcane. **Molecular Plant Pathology**, v. 4, p. 251-259, 2002.

LABUDDA, M.; AZAM, F. M. S. Glutathione-dependent responses of plants to drought: a review. **Acta Societatis Botanicorum Poloniae**, v. 83, n. 1, p. 3-12, 2014.

LANGMEAD, B.; SALZBERG, S. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. **Nature Methods**, v. 9, n. 4, p. 357–359, 2012.

LATA, C.; YADAV, A.; PRASAD, M. Role of plant transcription factors in abiotic stress tolerance. In: SHANKER A.; VENKATESWARLU, B. **Abiotic stress response in plants – physiological, biochemical and genetic perspectives.** InTech, p. 269-296, 2011.

LEÓN, J.; LAWTON, M. A.; RASKIN, I. Hydrogen peroxide stimulates salicylic acid biosynthesis in tobacco. **Plant Physiology**, v. 108, n. 4, p. 1673–1678, 1995.

LI, M.; LIANG, Z.; ZENG, Y.; JING, Y.; WU, K.; LIANG, J.; HE, S.; WANG, G.; MO, Z.; TAN, F.; LI, S.; WANG, L. *De novo* analysis of transcriptome reveals genes associated with leaf abscission in sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). **BMC Genomics**, v. 17, n. 195, p. 1-18, 2016.

LI, W. T.; HE, M.; WANG, J.; WANG, Y. P. Zinc finger protein (ZFP) in plants- A review. **Plant Omics Journal**, v. 6, n. 6, p. 474-480, 2013.

LI, W.; MA, M.; FENG, Y.; LI, H.; WANG, Y.; MA, Y.; LI, M.; AN, F.; GUO, H. EIN2-directed translational regulation of ethylene signaling in Arabidopsis. **Cell Press**, v. 163, p. 670-683, 2015.

LIU, X.; YANG, S.; ZHAO, M.; LUO, M.; YU, C. W.; CHEN, C. Y.; TAI, R.; WU, K. Transcriptional repression by histone deacetylases in plants. **Molecular Plant**, v. 7, p. 764-772, 2014.

LUO, M.; LIU, X.; SINGH, P.; CUI, Y.; ZIMMERLI, L.; WU, K. Chromatin modifications and remodeling in plant abiotic stress responses. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1819, p. 129-136, 2012.

LYZENGA, W. J.; STONE, S. L. Abiotic stress tolerance mediated by protein ubiquitination. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, n. 2, p. 599-616, 2012.

MACHADO, R. S.; RIBEIRO, R. V.; MARCHIORI, P. E. R.; MACHADO, D. F. S. P.; MACHADO, E. C.; LANDELL, M. G. A. Respostas biométricas e fisiológicas ao déficit hídrico em cana-de-açúcar em diferentes fases fenológicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1575-1582, 2009.

MALAVOLTA, E. Elementos de nutrição mineral de plantas. Piracicaba: **Agronômica Ceres**, p. 251, 1980.

MAO, G.; SEEBECK, T.; SCHRENKER, D.; YU, O. CYP709B3, a cytochrome P450 monooxygenase gene involved in salt tolerance in *Arabidopsis thaliana*. **BMC Plant Biology**, v. 13, p. 1-13, 2013.

MAO, P.; DUAN, M.; WEI, C.; LI, Y. WRKY62 transcription factor acts downstream of cytosolic NPR1 and negatively regulates jasmonate responsive gene expression. **Plant Cell Physiology**, v. 48, n. 6, p. 833-842, 2007.

MAPA- Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Agroenergia**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/desenvolvimento-sustentavel/agroenergia>. Acesso em 04 de novembro de 2015.

MAPA- Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Culturas: Cana-de-açúcar**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/cana-de-acucar>. Acesso em 04 de janeiro de 2016.

MARCHIORI, P. E. R. **Fisiologia de cana-de-açúcar sob déficit hídrico: plasticidade fenotípica, transporte de água, metabolismo antioxidante e fotossíntese**. 2014. 84 f. Tese (Doutorado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agronômico, Campinas, 2014.

MARQUES, M. O.; MUTTON, M. A.; AZANIA, A. A. P. M.; TASSO JUNIOR, L. C.; NOGUEIRA, G. A.; VALE, D. W. (Ed.). **Tópicos em Tecnologia Sucrialcooleira**. Jaboticabal: Gráfica Multipress Ltda., 191p., 2006.

MARQUES, M. V.; SILVA, A. M. **Genômica funcional: transcriptoma**. In: Luis Mir. (Org.). *Genômica*. São Paulo: Editora Atheneu, p. 119-135, 2004.

MARTIN, J. A.; WANG, Z. Next-generation transcriptome assembly. **Nature Reviews Genetics**, v. 12, p. 671-682, 2011.

MARTIN, J. Rnnotator: an automated *de novo* transcriptome assembly pipeline from stranded RNA-seq reads. **BMC Genomics**, London, v. 11, n. 663, p. 1-8, 2010.

MARTINELLI, F.; URATSU, S. L.; ALBRECHT, U.; REAGAN, R. L.; PHU, M. L.; BRITTON, M.; BUFFALO, V.; FASS, J.; LEICHT, E.; ZHAO, W.; LIN, D.; D'SOUZA, R.; DAVIS, C. E.; BOWMAN, K. D.; DANDEKAR, A. M. Transcriptome profiling of citrus fruit response to Huanglongbing disease. **PLoS ONE**, v. 7, p. 1-16, 2012.

MARTINS, A. M. **Sequenciamento de DNA, montagem *de novo* do genoma e desenvolvimento de marcadores microssatélites, indels e SNPs para uso em análise genética de *Brachiaria ruziziensis***. 2013. 198 f. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) - Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, 2013.

MATSUOKA, S.; FERRO, J. A.; ARRUDA, P. The Brazilian experience of sugarcane ethanol industry. **In Vitro Cellular & Developmental Biology – Plant**, Heidelberg, v. 45, p. 372-381, 2009.

MCCARTHY, D. J.; CHEN, Y.; SMYTH, G. K. Differential expression analysis of multifactor RNA-seq experiments with respect to biological variation. **Nucleic Acids Resource**, v. 40, n. 10, p. 4288-4297, 2012.

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**, v. 27, p. 103-112, 2003.

METZKER, M. L. Sequencing Technologies – the next generation. **Nature Reviews Genetics**, v. 11, p. 31-46, 2010.

MIAN, A. A.; SENADHEERA, P.; MAATHUIS, F. J. M. Improving crop salt tolerance: anion and cation transporters as genetic engineering targets. **Plant Stress 5** (special issue 1), p. 64-72, 2011.

MOREAU, M.; TIAN, M.; KLESSIG, D. F. Salicylic acid binds NPR3 and NPR4 to regulate NPR1- dependent defense responses. **Cell Research**, v. 22, p. 1631-1633, 2012.

MOROZOVA, O.; MARRA, M. A. Applications of next – generation sequencing technologies in functional genomics. **Genomics**, v. 92, p. 255-264, 2008.

MOZAMBANI, A. E.; PINTO, A. S.; SEGATO, S. V.; MATTIUZ, C. F. M. História e morfologia da cana-de-açúcar. In: SILVELENA VANZOLINI SEGATO et al. **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba, 2006, cap.1, p. 11-18.

MUKHOPADHYAY, A.; VIJ, S.; TYAGI, A. K. Overexpression of a zinc-finger protein gene from rice confers tolerance to cold, dehydration, and salt stress in transgenic tobacco. **Proceedings of National Academy Sciences USA**, v. 101, p. 6309–6314, 2004.

MURATA, M. M. **Transcriptoma da interação de tangerina Satsuma (*Citrus unshiu*) e laranja doce Hamlin (*Citrus sinensis*) infectadas com *Xanthomonas citri* subsp. *citri*, agente causal do cancro cítrico**. 2013. 181 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2013.

NAKASHIMA, K.; TAKASAKI, H.; MIZOI, J.; SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. NAC transcription factors in plant abiotic stress responses. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1819, p. 97-103, 2012.

NAKAUNE, M.; HANADA A.; YIN, Y.G; MATSUKURA, C.; YAMAGUCHI, S.; EZURA, H. Molecular and physiological dissection of enhanced seed germination using short-term low-concentration salt seed priming in tomato. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 52, p. 28-37, 2012.

NELSON, D. L.; COX, M. M. **Princípios de bioquímica de Lehninger**. Porto Alegre: Artmed, 2014.

NEPOMUCENO, A. L.; ALVES, R. E.; GERHARDT, I. R.; DANTE, R. A.; FONSECA, C. E. L. **A nova era genômica e a biodiversidade brasileira**. Embrapa Labex US, maio de 2012. (Nota Técnica).

NEPOMUCENO, A. L.; FUGANTI, R.; KANAMORI, N.; PEREIRA, S. S.; RODRIGUES, F. A; NEUMAIER, N.; FARIAS, J. R. B.; MARCELINO, F. C. Estratégias de engenharia genética para tolerância à seca em plantas através da expressão de fatores de transcrição. In: SIMPÓSIO SOBRE TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA HÍDRICA EM PLANTAS: ADAPTANDO AS CULTURAS AO CLIMA DO FUTURO, 2010, Goiânia. **Anais...** Santo Antonio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2011. p. 103-109.

NÓBREGA, J. C. M.; DORNELAS, M. C. Biotecnologia e melhoramento da cana-de-açúcar. In: SILVELENA VANZOLINI SEGATO et al. **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba, 2006, cap. 3, p. 39-56.

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

NOGUEIRA, F. T.; ROSA JR, V. E.; MENOSSI, M.; ULIAN, E. C.; ARRUDA, P. RNA expression profiles and data mining of sugarcane response to low temperature. **Plant Physiology**, v. 12, p. 27-38, 2003.

OLIVEIRA, R. C.; ROSA, M.; COSTA, A. C.; TEIXEIRA, M. B.; SOARES, F. A. L.; GAVA, G. J. de C. Efeitos da restrição hídrica e de nitrogênio no crescimento e na fisiologia da cana-de-açúcar. In: Workshop Internacional de Inovações Tecnológicas na Irrigação, IV Winotec, 2012, Fortaleza. **Proceedings...**, protocolo 138.

PALHARES, A. C. **Mapeamento genético de marcadores AFLP e de retrotransposons em cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*)**. 2010. 97 f. Dissertação (Mestrado em Ciências – Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

PAPINI-TERZI, F. S.; ROCHA, F. R.; VÊNCIO, R. Z.; OLIVEIRA, K. C.; FELIX, J. M.; VICENTINI, R.; ROCHA, C. S.; SIMÕES, A. C.; ULIAN, E. C.; di MAURO, S. M. Z.; SILVA, A. M.; PEREIRA, C. A.; MENOSSE, M.; SOUZA, G. M. Transcription profiling of signal transduction-related genes in sugarcane tissues. **DNA Research**, v. 12, p. 27-38, 2005.

PAULA, M.; PEREIRA, F. A. R.; ARIAS, E. R. A.; SCHEEREN, B. R.; SOUZA, C. C.; MATA, D. S. Fixação de carbono e emissão dos gases de efeito estufa na exploração de cana-de-açúcar. **Ciência Agrotécnica**, Lavras-MG, v. 34, n. 3, p. 633-640, 2010.

PERCIVAL, G. C.; SHERIFFS, C. N. Identification of drought tolerance woody perennials using chlorophyll fluorescence. **Journal of Arboriculture**, Savoy, v. 28, n. 5, p. 215-223, 2002.

PINCELLI, R. P. **Tolerância à deficiência hídrica em cultivares de cana-de-açúcar avaliada por meio de variáveis morfofisiológicas**. 2010. 65 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2010.

PINCELLI, R. P.; SILVA, M. A. Alterações morfológicas foliares em cultivares de cana-de-açúcar em resposta à deficiência hídrica. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 4, p. 546-556, 2012.

PINTO, A. C.; MELO-BARBOSA, H. P.; MIYOSHI, A.; SILVA, A.; AZEVEDO, V. Application of RNA-seq to reveal the transcript profile in bacteria. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 3, p. 1707-1718, 2011.

PIRES, R. C. M.; ARRUDA, F. B.; SAKAI, E. Irrigação e drenagem. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M. de.; LANDELL, M. G. de A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, p. 631-670, 2008.

POULSEN, L. R.; LÓPEZ-MARQUÉS, R. L.; McDOWELL, S. C.; OKKERI, J.; LICHT, D.; SCHULZ, A.; POMORSKI, T.; HARPER, J. F.; PALMGREN, M. G. The Arabidopsis P4-ATPase ALA3 localizes to the golgi and requires a β -subunit to function in lipid translocation and secretory vesicle formation. **The Plant Cell**, v. 20, p. 658-676, 2008.

PRABU, G.; KAWAR, P. G.; PAGARIYA, M. C.; PRASAD, D. T. Identification of water deficit stress upregulated genes in sugarcane. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 29, p. 291-304, 2011.

PURANIK, S.; SAHU, P. P.; SRIVASTAVA, P. S.; PRASAD, M. NAC proteins: regulation and role in stress tolerance. **Trends in Plant Science**, v. 17, n. 6, p. 369-381, 2012.

QUEIROZ, R. J. B. **Resposta fisiológica e molecular de dois genótipos de milho à limitação hídrica**. 2010. 154 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, 2010.

RAIJ, B. van; CANTARELLA, H.; QUAGGIO, J. A.; FURLANI, A. M. C. **Recomendações de adubação e calagem para o estado de São Paulo**. 2. ed. Campinas, Instituto Agronômico & Fundação IAC (Boletim Técnico 100), p. 56- 57, 1997.

RAIJ, B. van; QUAGGIO, J. A. **Métodos de análise de solo para fins de fertilidade**. Campinas: Instituto Agronômico, 1983.

RAMESH, P. Effect of different levels of drought during the formative phase on growth parameters and its relationship with dry matter accumulation in sugarcane. **Journal Agronomy & Crop Science**, v. 185, p. 83-89, 2000.

RAO, C. M.; KUMAR, M. V.; REDDY, L. K. Management of sugarcane clones under limited moisture situations (drought) at formative stage. **Indian Sugar**, Indian, p. 949-953, 2005.

REICHHARTA, D. W.; BAK, S.; PAQUETTE, S. **Cytochromes P450**. The Arabidopsis Book Rockville, MD: American Society of Plant Biologists, 2002.

RIPOLI, T. C. C.; RIPOLI, M. L. C.; CASAGRANDE, D. V.; IDE, B. Y. **Plantio de cana-de-açúcar: estado da arte**. 2. ed. Piracicaba: T.C.C. RIPOLI, 2007, v. 1, p. 92-101.

ROBERTSON, G.; SCHEIN, J.; CHIU, R.; CORBETT, R.; FIELD, M.; JACKMAN, S. D.; MUNGALL, K.; LEE, S.; OKADA, H. M.; QIAN, J. Q.; GRIFFITH, M.; RAYMOND, A.; THIESSEN, N.; CEZARD, T.; BUTTERFIELD, Y. S.; NEWSOME, R.; CHAN, S. K.; SHE, R.; VARHOL, R.; KAMOH, B.; PHABHU, A. – L.; TAM, A.; ZHAO, Y. J.; MOORE, R. A.; HIRST, M.; MARRA, M. A.; JONES, S. J. M.; HOODLESS, P. A.; BIROL, I. *De novo* assembly and analysis of RNA-seq data. **Nature Methods**, v. 7, n. 11, p. 909-912, 2010.

ROBINSON, M. D.; MCCARTHY, D. J.; SMYTH, G. K. edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. **Bioinformatics**, v. 26, p. 139-140, 2010.

RODRIGUES, F. A.; GRAÇA, J. P.; LAIA, M. L.; NHANI-JR, A.; GALBIATI, J. A.; FERRO, M. I. T.; FERRO, J. A. ZINGARETTI, S. M. Sugarcane genes differentially expressed during water deficit. **Biologia Plantarum**, v. 55, n. 1, p. 43-53, 2011.

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

RONG-HUA, L.; GUO, P. G.; MICHAEL, B.; STEFANIA, G.; SALVATORE, C. Evaluation of chlorophyll content and fluorescence parameters as indicators of drought tolerance in barley. **Agricultural Science in China**, Beijing, v. 5, n. 10, p. 751-757, 2006.

RUSHTON, P. J.; SOMSSICH, I. E.; RINGLER, P.; SHEN, Q. J. WRKY transcription factors. **Trends in Plant Science**, v. 15, n. 5, p. 247-258, 2010.

SAHOO, R. K.; GILL, S. S.; TUJETA, N. Pea DNA helicase 45 promotes salinity stress tolerance in IR64 rice with improved yield. **Plant Signaling & Behavior**, v. 7, n. 8, p. 1042-1046, 2012.

SAMBROOK, J.; FRITCH, E. F.; MANIATS, T. Molecular cloning: a laboratory manual. **Cold Spring Harbor: Press**. 1989.

SCARPARE, F. V. **Simulação do crescimento da cana-de-açúcar pelo modelo agrohidrológico SWAP/WOFOST**. 2011. 164 f. Tese (Doutorado em Ciências: Física do Ambiente Agrícola) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

SEGATO, S. V.; MATTIUZ, C. F. M.; MOZAMBANI, A. E. Aspectos fenológicos da cana-de-açúcar. In: SILVELENA VANZOLINI SEGATO et al. **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba, 2006, cap. 2, p. 19-36.

SHEN, H.; ZHU, L.; BU, Q. Y.; HUQ, E. MAX2 affects multiple hormones to promote photomorphogenesis. **Molecular Plant**, v. 5, p. 750–762, 2012.

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

SILVA, A. L. C.; COSTA, W. A. J. M. Varietal variation in stomatal conductance, transpiration and photosynthesis of commercial sugarcane varieties under two contrasting water regimes. **Tropical Agricultural Research & Extension**, v. 12, n. 2, 2009.

SILVA, D. M. E. **Influência dos sistemas de exploração agrícola convencional e orgânico em cana-de-açúcar**. 2007. 78 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2007.

SILVA, M. A.; JIFON, J. L.; SILVA, J. A. G.; SHARMA, V. Use of physiological parameters as fast tools to screen for drought tolerance in sugarcane. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, v. 19, n. 3, p. 193-201, 2007.

SILVA, M. A.; SANTOS, C. M.; ARANTES, M. T.; BRUNELLI, M. C.; HOLANDA, L. A. Respostas fisiológicas de cultivares de cana-de-açúcar submetidas à deficiência hídrica e a reidratação. **Revista Caatinga**, v. 26, n. 3, p. 28-35, 2013.

SILVA, M. A.; SANTOS, C. M.; VITORINO, H. S.; RHEIN, A. F. L. Pigmentos fotossintéticos e índice SPAD como descritores de intensidade do estresse por deficiência hídrica em cana-de-açúcar. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 1, p. 173-181, 2014.

SILVA, N. F.; CUNHA, F. N.; TEIXEIRA, M. B.; SOARES, F. A. L.; MOURA, L. C.; VIDAL, V. M. Perfilhamento da cana-de-açúcar submetida a diferentes lâminas de irrigação e fertirrigação nitrogenada. **Revista Brasileira de Agricultura Irrigada**, v. 9, n. 3, p. 91-101, 2015.

SILVEIRA, R. D. D.; ABREU, F. R. M.; MAMIDI, S.; McCLEAN, P. E.; VIANELLO, R. P.; LANNA, A. C.; CARNEIRO, N. P.; BRONDANI, C. Expression of drought tolerance genes in tropical upland rice cultivars (*Oryza sativa*). **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 3, p.8181-8200, 2015.

SIMÕES NETO, D. E. Variedades de cana-de-açúcar no estado de Pernambuco: contribuição do melhoramento clássico da Ridesa-UFRPE. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica**, v.5-6, p.125-146, 2008-2009.

SINGH, S.; RAO, P. N. G. Varietal differences in growth characteristics in sugarcane. **The Journal of Agricultural Science**, v. 108, p. 245-247, 1987.

SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, M. J. **Fundamentos de genética**. 2ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2001.

SOARES-COSTA, A.; BELTRAMINI, L. M.; THIEMANN, O. H.; HENRIQUE-SILVA, F. A sugarcane cystatin: recombinant expression, purification, and antifungal activity. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v. 29, p. 1194-1199, 2002.

SOUZA, F. V. **Expressão de genes em resposta a estresse por restrição hídrica em sementes de *Ricinus communis* L. (Euphorbiaceae)**. 78 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) – Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2012.

SREEDHAR, A. S.; VANATHI, P.; PAITHANKAR, K. R. Stress proteins in biology and medicine: evolution, adaptation and clinical evaluation. **International Journal of Pharma and Bio Sciences**, v. 1, n. 3, p. 1-36, 2010.

SRIDHA, S.; WU, K. Identification of AtHD2C as a novel regulator of abscisic acid responses in Arabidopsis. **The Plant Journal**, v. 46, p. 124-133, 2006.

STEFANOWICZ, K.; LANNOO, N.; VAN DAMME, E. J. M. Plant F-box proteins – judges between life and death. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 34, p. 523-552, 2015.

SUGANO, S.; KAMINAKA, H.; RYBKA, Z.; CATALA, R.; SALINAS, J.; MATSUI, K.; OHME-TAKAQI, M.; TAKATSUJI, H. Stress-responsive zinc finger gene ZPT2-3 plays a role in drought tolerance in petunia. **The Plant Journal**, v. 36, n. 6, p. 830-841, 2003.

TAIZ, L. ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 4. edição. Porto Alegre: Artmed, 848p, 2009.

TAIZ, L. ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 5ª edição. Porto Alegre: Artmed, 918p, 2013.

TALUKDER, S. K.; AZHAGUVEL, P.; MUKHERJEE, S.; YOUNG, C. A.; TANG, Y.; KROM, N.; SAHA, M. C. *De Novo* assembly and characterization of Tall Fescue transcriptome under water stress. **The Plant Genome**, v. 8, n. 2, p. 1-13, 2015.

TASSO JÚNIOR, L. C.; SILVA NETO, H. F.; MARQUES, M. O.; CAMILOTTI, F. Desempenho de cultivares de cana-de-açúcar nas condições de cana-planta de ano e meio (safra 2008/2009). **Ciência e Tecnologia**, v. 2, n. 1, p. 14-26, 2011.

TIAN, G.; SIMI, T.; COWAN, N. J. Effect of TBCD and its regulatory interactor Arl2 on tubulin and microtubule integrity. **Cytoskeleton**, v. 67, n. 11, p. 706-714, 2010.

TIAN, G.; COWAN, N. J. Tubulin- specific chaperones: components of a molecular machine that assembles the α/β heterodimer. In: CORREIA, J. J.; WILSON, L. (Eds.). **Microtubules, in Vitro**. New York: cap. 11, v. 115, p. 155-171, 2013.

TIMOTIJEVIC, G. S.; MILISAVLJEVIC, M. D.; RADOVIC, S. R.; KONSTANTINOVIC, M. M.; MAKSIMOVIC, V. R. Ubiquitous aspartic proteinase as an actor in the stress response in buckwheat. **Journal of Plant Physiology**, v. 167, p. 61-68, 2010.

TORRES NETTO, A.; CAMPOSTRINI, E.; OLIVEIRA, J. G.; BRESSAN-SMITH, R. E. Photosynthetic pigments, nitrogen, chlorophyll a fluorescence and SPAD-502 readings in coffee leaves. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 104, n. 2, p. 199-209, 2005.

TRIPATHI, P.; RABARA, R. C.; SHEN, Q. J.; RUSHTON, P. J. Transcriptomics analyses of soybean leaf and root samples during water-deficit. **Genomics Data**, v. 5, p. 164-166, 2015.

TRUJILLO, L. E.; SOTOLONGO, M.; MENÉNDEZ, C.; OCHOGAVÍA, M. E.; COLL, Y.; HERNÁNDEZ, I.; BORRÁS-HIDALGO, O.; THOMMA, B. P. H. J.; VERA, P.; HERNÁNDEZ, L. SodERF3, a novel sugarcane Ethylene Responsive Factor (ERF), enhances salt and drought tolerance when overexpressed in tobacco plants. **Plant Cell Physiology**, v. 49, n. 4, p. 512-525, 2008.

TUJETA, N.; GILL, S. S.; TUJETA, R. Helicases in improving abiotic stress tolerance in crop plants. In: Tujeta et al. (Eds.). **Improving crop resistance to abiotic stress**. Wiley-Blackwell, Germany, v. 1, p. 435-449, 2012.

UNICA- União da Indústria de Cana-de-açúcar. **Setor sucroenergético – Mapa de Produção**. Disponível em: <http://www.unica.com.br/mapa-da-producao/>. Acesso em 04 de janeiro de 2016.

UNICA- União da Indústria de Cana-de-açúcar. **Setor sucroenergético – FAQ**. Disponível em: <http://www.unica.com.br/faq/>. Acesso em 04 de janeiro de 2016.

URANO, K. KURIHARA, Y.; SEKI, M.; SHINOZAKI, K. “Omics” analyses of regulatory networks in plant abiotic stress response. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 13, p. 132-138, 2010.

VANTINI, J. S.; DEDEMO, G. C.; GIMENEZ, D. F. J.; FONSECA, L. F. S.; TEZZA, R. I. D.; MUTTON, M. A.; FERRO, J. A.; FERRO, M. I. T. Differential gene expression in drought-tolerant sugarcane roots. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 2, p. 7196-7207, 2015.

VARGAS, L.; BRÍGIDA, A. B. S.; MOTA FILHO, J. P.; CARVALHO, T. G.; ROJAS, C. A.; VANEECHOUTTE, D.; BEL, M. V.; FARRINELLI, L.; FERREIRA, P. C. G.; VANDEPOELE, K.; HEMERLY, A. S. Drought tolerance conferred to sugarcane by association with *Gluconacetobacter diazotrophicus*: a transcriptomic view of hormone pathways. **PLOS ONE**, v. 9, n. 12, p. 1-37, 2014.

VASCONCELOS, T. S. **Montagem de novo do transcriptoma de teça (Tectona grandis L. f.) e busca por genes relacionados ao estresse hídrico**. 2015. 219 f. Dissertação (Mestrado em Ciências)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

VASEVA, I.; SABOTIC, J.; SUSTAR-VOZLIC, J.; MEGLIC, V.; KIDRIC, M.; DEMIREVSKA, K.; SIMOVA- STOILOVA, L. The response of plants to drought stress: the role of dehydrins, chaperones, proteases and protease inhibitors in maintaining cellular protein function. In: NEVES, D. F.; SANZ, J. D. **Droughts: New Research**. Sofia, 2012, cap. 1, p. 1-45.

VASHISHT, A. A.; TUJETA, N. Stress responsive DEAD-box helicases: A new pathway to engineer plant stress tolerance. **Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology**, v. 84, p. 150-160, 2006.

VELCULESCU, V. E.; ZHANG, L.; VOGELSTEIN, B.; KINZLER, K. W. Serial analysis of gene expression. **Science**, v. 270, p. 484-487, 1995.

VETTORE, A. L.; SILVA, F. R.; KEMPER, E. L.; SOUZA, G. M.; SILVA, A. M.; FERRO, M. I. T.; HENRIQUE-SILVA, F.; GIGLIOTI, E. A.; LEMOS, M. V. F.; COUTINHO, L. L.; NOBREGA, M. P.; CARRER, H.; FRANÇA, S. C.; BACCI JR., M.; GOLDMAN, M. H. S.; GOMES, S. L.; NUNES, L. R.; CAMARGO, L. E. A.; SIQUEIRA, W. J.; SLUYS, M. A. V.; THIEMANN, O. H.; KURAMAE, E. E.; SANTELLI, R. V.; MARINO, C. L.; TARGON, M. L. P. N.; FERRO, J. A.; SILVEIRA, H. C. S.; H.; MARINI, D. C.; LEMOS, E. G. M.; MONTEIRO-VITORELLO, C. B.; TAMBOR, J. H. M.; CARRARO, D. M.; ROBERTO, P. G.; MARTINS, V. G.; GOLDMAN, G. H.; DE OLIVEIRA, R. C.; TRUFFI, D.; COLOMBO, C. A.; ROSSI, M.; ARAUJO, P. G.; SCULACCIO, S. A.; ANGELLA, A.; LIMA, M. M. A.; ROSA JR, V. E.; SIVIERO, F.; COSCRATO, V. E.; MACHADO, M. A.; GRIVET, L.; DI MAURO, S. M. Z.; NOBREGA, F. G.; MENCK, C. F. M.; BRAGA, M. D. V.; TELLES, G. P.; CARA, F. A. A.; PEDROSA, G.; MEIDANIS, J.; ARRUDA, P. Analysis and functional annotation of an expressed sequence tag collection for tropical crop sugarcane. **Genoma Research**, v. 13, n. 12, p. 2725- 2735, 2003.

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

VIDHYASEKARAN, P. Plant hormone signaling systems in plant innate immunity. In: **Signaling and Communication in Plants**, 2015, cap.2, p. 27-122.

VICENTINI, R.; BOTTCHER, A.; BRITO, M. S.; SANTOS, A. B.; CRESTE, S.; LANDELL, M. G. A.; CESARINO, I.; MAZZAFERA, P. Large-Scale transcriptome analysis of two sugarcane genotypes constrasting for lignin content. **PLOS ONE**, p. 1-19, 2015.

VIEIRA, G. H. S.; MANTOVANI, E. C.; SEDIYAMA, G. C.; DELAZARI, F. T. Indicadores morfo-fisiológicos do estresse hídrico para a cultura da cana-de-açúcar em função de lâminas de irrigação. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, suplement 1, p. 65-75, 2014.

WANG, S.; KUREPA, J.; HASHIMOTO, T.; SMALLE, J. A. Salt stress–induced disassembly of *Arabidopsis* cortical microtubule arrays involves 26S proteasome–dependent degradation of SPIRAL1. **The Plant Cell**, v. 23, p. 3412-3427, 2011.

WANG, W.; VINOCUR, B.; ALTMAN, A. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. **Planta**, Berlin, v. 28, p. 1-14, 2003.

WANG, X.; KONG, H.; MA, H. F-box proteins regulate ethylene signaling and more. **Genes & Development**, v. 23, p. 391-396, 2009.

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

WEN, Z.; YAO, L.; WAN, R.; LI, Z.; LIU, C.; WANG, X. Ectopic expression in *Arabidopsis thaliana* of an NB-ARC encoding putative disease resistance gene from wild chinese *Vitis pseudoreticulata* enhances resistance to phytopathogenic fungi and bacteria. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, n. 1087, p. 1-13, 2015.

WILHELM, B. T.; MARGUERAT, S.; GOODHEAD, I.; BAHLER, J. Defining transcribed regions using RNA-Seq. **Nature protocols**, v. 5, p. 255-266, 2010.

WU, Y.; ZHANG, D.; CHU, J. Y.; BOYLE, P.; WANG, Y.; BRINDLE, I. D.; DE LUCA, V.; DESPRÉS, C. The Arabidopsis NPR1 protein is a receptor for the plant defense hormone salicylic acid. **Cell Reports**, v. 1, p. 639-647, 2012.

XU, D. Q.; HUANG, J.; GUO, S. Q.; YANG, X.; BAO, Y. M.; TANG, H. J.; ZHANG, H. S. Overexpression of a TFIIIA-type zinc finger protein gene *ZFP252* enhances drought and salt tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) **FEBS Letters**, v. 582, p. 1037-1043, 2008.

XU, J.; XING, X. J.; TIAN, Y. S.; PENG, R. H.; XUE, Y.; ZHAO, W.; YAO, Q. H. Transgenic arabidopsis plants expressing tomato glutathione-S-transferase showed enhanced resistance to salt and drought stress. **PLOS ONE**, v. 10, n. 9, p. 1-16, 2015.

YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. Organization of *cis*-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 10, n. 2, p. 88–94, 2005.

YAO, X.; XIONG, W.; YE, T.; WU, Y. Overexpression of the aspartic protease ASPG1 gene confers drought avoidance in Arabidopsis. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, n. 7, p. 2579-2593, 2012.

YU, H.; WU, J.; XU, N.; PENG, M. Roles of F-box proteins in plant hormone responses. **Acta Biochimica et Biophysica Sinica**, v. 39, n. 12, p. 915-922, 2007.

ZERBINO, D. R.; BIRNEY, E. Velvet: algorithms for *de novo* short read assembly using de Bruijn graphs. **Genome Research**, New York, v. 18, p. 821-829, 2008.

ZHANG, J.; LIANG, S.; DUAN, J.; WANG, J.; CHEN, S.; CHENG, Z.; ZHANG, Q.; LIANG, X.; LI, Y. *De novo* assembly and characterization of the transcriptome during seed development, and generation of genic-SSR markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **BMC Genomics**, v. 13, p. 90-102, 2012.

ZHANG, J.; WEN, C-K. Ethylene signalling: EIN2 dual targeting. **Nature Plants**, v. 1, n. 15192, p. 1-2, 2015.

ZHANG, S.; QI, Y.; LIU, M.; YANG, C. SUMO E3 Ligase AtMMS21 Regulates Drought Tolerance in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 55, n. 1, p. 83-95, 2013.

ZHAO, D.; GLAZ, B.; COMSTOCK, J.C. Sugarcane response to water-deficit stress during early growth on organic and sand soils. **American Journal of Agricultural and Biological Sciences**, v. 5, n. 3, p. 403-414, 2010.

ZHAO, J.; ZHANG, J.; ZHANG, W.; WU, K.; ZHENG, F.; TIAN, L.; LIU, X.; DUAN, J. Expression and functional analysis of the plant-specific histone deacetylase HDT701 in rice. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, n. 764, p. 1-8, 2015.

ZHENG, Y.; DING, Y.; SUN, X.; XIE, S.; WANG, D.; LIU, X.; SU, L.; WEI, W.; PAN, L.; ZHOU, D-X. Histone deacetylase HDA9 negatively regulates salt and drought stress responsiveness in *Arabidopsis*. **Journal of Experimental Botany**, p. 1-11, 2016.

ZHICHANG, Z.; WANRONG, Z.; JINPING, Y.; JIANJUN, Z.; XUFENG, L. Z. L.; YANG, Y. Over-expression of *Arabidopsis* DnaJ (Hsp40) contributes to NaCl-stress tolerance. **African Journal of Biotechnology**, v. 9, n. 7, p. 972-978, 2010.

ZHOU, S.; SUN, X.; YIN, S.; KONG, X.; ZHOU, S.; XU, Y.; LUO, Y.; WANG, W. The role of the F-box gene TaFBA1 from wheat (*Triticum aestivum* L.) in drought tolerance. **Plant Physiology Biochemistry**, v. 84C, p. 213–223, 2014.

ZHU, X.; LIU, S.; MENG, C.; QIN, L.; KONG, L.; XIA, G. WRKY transcription factors in wheat and their induction by biotic and abiotic stress. **Plant Molecular Biology Reporter**, p. 1-15, 2013.