

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 06/11/2019.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ALTERAÇÕES NO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA E
IDENTIFICAÇÃO DE TRANSCRITOS DIFERENCIALMENTE
EXPRESSOS EM CANA-DE-AÇÚCAR EM RESPOSTA AO
SCMV (*Sugarcane mosaic virus*)**

Marcel Fernando da Silva
Engenheiro Agrônomo

2017

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ALTERAÇÕES NO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA E
IDENTIFICAÇÃO DE TRANSCRITOS DIFERENCIALMENTE
EXPRESSOS EM CANA-DE-AÇÚCAR EM RESPOSTA AO
*SCMV (Sugarcane mosaic virus)***

Marcel Fernando da Silva

Orientadora Profa. Dra. Luciana Rossini Pinto

Coorientador: Dr. Marcos Cesar Gonçalves

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

2017

Silva, Marcel Fernando da
S586a Alterações no perfil de metilação do DNA e identificação de transcritos diferencialmente expressos em cana-de-açúcar em resposta ao SCMV (*Sugarcane mosaic virus*) / Marcel Fernando da Silva. -- Jaboticabal, 2017
viii, 117 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2017

Orientadora: Luciana Rossini Pinto

Coorientador: Marcos Cesar Gonçalves

Banca examinadora: Michael dos Santos Brito, Samira Domingues Carlin Cavallari, Dilermando Perecin, Janete Aparecida Desiderio

Bibliografia

1. Epigenética. 2. Genes candidatos. 3. Infecção viral. 4. Perfil de expressão. 5. *Saccharum officinarum*. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.61



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

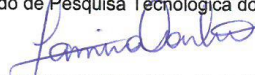
TÍTULO DA TESE: ALTERAÇÕES NO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA E IDENTIFICAÇÃO DE TRANSCRITOS DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS EM CANA-DE-AÇÚCAR EM RESPOTA AO SCMV (*Sugarcane mosaic virus*)

AUTOR: MARCEL FERNANDO DA SILVA
ORIENTADORA: LUCIANA ROSSINI PINTO
COORIENTADOR: MARCOS CESAR GONÇALVES

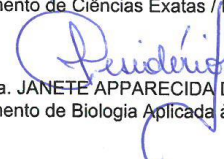
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. MARCOS CESAR GONÇALVES
Centro de Pesquisa e Desenvolvimento em Sanidade Vegetal / IAC - São Paulo/SP


Pesquisador Dr. MICHAEL DOS SANTOS BRITO
Centro Avançado de Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Cana / IAC - Ribeirão Preto/SP


Pesquisadora SAMIRA DOMINGUES CARLIN CAVALLARI
Centro Avançado de Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Cana / IAC - Ribeirão Preto/SP


Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Profa. Dra. JANETE APPARECIDA DESIDERIO
Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 06 de novembro de 2017

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

MARCEL FERNANDO DA SILVA – nascido em dezessete de dezembro de 1986 em Araraquara (SP), Brasil, ingressou em 2006, no curso de Agronomia na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal. No ano de 2011 recebeu o grau de Eng.^o Agrônomo pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal. Em março de 2012 ingressou no curso de Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), sendo bolsista CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) durante o curso. Em 2014 recebeu o grau de mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, ingressando no curso de doutorado no mesmo ano pelo programa Genética e Melhoramento de Plantas, sendo bolsista CAPES.

SUMÁRIO

	Página
SUMÁRIO	i
RESUMO.....	iii
ABSTRACT	v
LISTA DE ABREVIATURAS	vii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Importância da cultura da cana-de-açúcar	3
2.2. Taxonomia da Cana-de-açúcar, origem e diversidade	4
2.3. Doenças da cana-de-açúcar	7
2.4. Biotecnologia e o melhoramento da cana-de-açúcar.....	8
2.5. Mosaico da cana-de-açúcar	10
2.6. Interação patógeno-hospedeiro.....	15
2.7. Epigenética e padrões de metilação.....	21
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.1. Material vegetal e tratamentos.....	28
3.2. Obtenção de marcadores MSAP	29
3.3. Análise dos dados MSAP	31
3.4. Isolamento dos fragmentos polimórficos MSAP e cDNA-AFLP	32
3.5. Clonagem e sequenciamento	32
3.6. Desenho de oligonucleotídeos iniciadores	36
3.7. Obtenção de cDNA.....	37
3.8. Experimentos de validação e análise de dados.....	37
4. RESULTADOS.....	38
4.1. Alterações no padrão de metilação.....	38
4.2. Sequenciamento e análise dos fragmentos MSAP polimórficos.....	43
4.3. Sequenciamento e análise dos FDEs.....	50
4.4. Genes de referência	55
4.5. Genes candidatos	58
5. DISCUSSÃO	61
6. CONCLUSÃO	74

7. REFERÊNCIAS75

ALTERAÇÕES NO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA E IDENTIFICAÇÃO DE TRANSCRITOS DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS EM CANA-DE-AÇÚCAR EM RESPOSTA AO SCMV (*Sugarcane mosaic virus*)

RESUMO - O mosaico da cana-de-açúcar é uma das principais viroses da cultura, sendo os estudos de padrões de metilação e de transcriptoma de contribuição para a compreensão da resistência genética à doença. O presente trabalho aplicou a técnica MSAP (“Methylation-sensitive amplified polymorphism”) em dois cultivares de cana-de-açúcar de resposta contrastante à doença do mosaico, causada pelo *Potyvirus Sugarcane mosaic virus* (SCMV), nas condições de inoculação falsa e inoculação com SCMV, para análise de alterações no padrão de metilação. As alterações no padrão de metilação causadas pela interação com o SCMV foram identificadas por meio de clonagem e sequenciamento. Fragmentos diferencialmente expressos (FDEs), previamente obtidos pela técnica cDNA-AFLP (“cDNA-amplified fragment length polymorphism”), também foram clonados e sequenciados para a identificação de genes candidatos associados à resistência ao SCMV. Em análises da frequência dos padrões de presença e ausência de bandas MSAP, níveis de metilação genômica variando de 33% a 35,4% foram observados para IAC91-1099, e de 33% a 37,3% para IACSP95-5000, com uma pequena proporção de loci alterados em resposta ao SCMV para ambos os cultivares. A análise global pelo pacote R MSAP indicou níveis de metilação genômica de 40%, além de demonstrar que as variações epigenéticas entre os cultivares ($\Phi_{ST} = 0,32$; $P = 0,008$) apresentaram menor extensão que as variações genéticas ($\Phi_{ST} = 0,96$; $P = 0,0067$). As análises AMOVA e PCoA confirmaram a pequena proporção de polimorfismos ocasionados pela infecção por SCMV, sendo as variações devidas a tempo de coleta mais proeminentes. Essas alterações, no entanto, foram específicas para os cultivares em estudo, sugerindo diferenças epigenéticas na resposta a inoculação com o SCMV. Enquanto o cultivar resistente IACSP95-5000 apresentou maiores polimorfismos de hipometilação 24 e 72 horas após a inoculação (hai) e a maior ocorrência de hipermetilação 48 hai, o cultivar suscetível IAC91-1099 apresentou uma troca entre a metilação da citosina interna e a semimetilação da citosina externa. O sequenciamento de polimorfismos MSAP decorrentes da interação com SCMV indicaram relevância para a caracterização da interação cana-de-açúcar e SCMV, uma vez que foram observados alinhamentos com transcritos com função putativa de resposta a estresses bióticos e abióticos, remodelação da cromatina e elementos transponíveis. Já os alinhamentos MSAP com região genômica revelaram possíveis regiões promotoras para os transcritos à jusante, relacionados à proteína kinase e elementos transponíveis. Os alinhamentos dos FDEs, oriundos do marcador molecular cDNA-AFLP, indicaram vias possivelmente relacionadas à fotossíntese, recuperação pós-estresse, proteínas transmembranas, resposta a estresses abióticos, elementos transponíveis e remodelação de cromatina via metilação de DNA e alterações na histona 3 (H3). A região promotora dos fragmentos MSAP e FDEs apresentou elementos reguladores responsivos a estresses, fitormônio e vias epigenéticas, além da ocorrência de ilhas CpG, sugerindo conexões entre alterações no transcriptoma e no perfil de metilação

de DNA. A validação de três FDEs por qRT-PCR revelou uma complexidade na expressão e um comportamento diferente do observado por cDNA-AFLP. Ainda assim, o FDE_1 pode explicar alguns dos polimorfismos de hipometilação de DNA observados pelo marcador molecular MSAP, enquanto o FDE_2 pode explicar as diferenças na expressão de sintomas de mosaico entre os cultivares. Por sua vez, a regulação negativa do FDE_4 em IACSP95-5000 se assemelha ao observado na literatura para resistência genética em milho a um *Potyvirus* do subgrupo do SCMV.

Palavras chave: epigenética, genes candidatos, infecção viral, perfil de expressão, *Saccharum officinarum*

ANALYSIS OF DNA METHYLATION PATTERN CHANGES AND IDENTIFICATION OF DIFFERENTIALLY EXPRESSED TRANSCRIPTS IN SUGARCANE IN RESPONSE TO SCMV (Sugarcane mosaic virus)

ABSTRACT – Mosaic caused by *Sugarcane mosaic virus* (SCMV) is one of the main viruses infecting sugarcane worldwide. Studies on transcriptomic analysis and methylation status of genomic DNA contribute to understand the molecular bases of resistance to mosaic. The present study used the MSAP (Methylation-sensitive amplified polymorphism) approach in two sugarcane cultivars with contrasting response for SCMV, IACSP95-5000 (resistant) and IAC91-1099 (susceptible), both under mechanical inoculation condition, along with their respective mock inoculated controls, in order to evaluate changes in DNA methylation patterns and to identify polymorphisms caused by SCMV via cloning and sequencing. Differentially expressed transcribed fragments (DTFs) previously obtained from cDNA-AFLP were also cloned and sequenced with the aim of identifying candidate genes for SCMV resistance. Analysis of MSAP patterns frequency revealed genomic methylation levels ranging from 33% to 35.4% in IAC91-1099, and from 33% to 37.3% in IACSP95-5000, with minor changes caused by interaction with SCMV for both cultivars. Global analysis performed by R MSAP package demonstrates a genomic methylation level of 40% and also reveals that epigenetic variation between cultivars ($\Phi_{ST} = 0.32$; $P = 0.008$) was less expressive than genetic variation ($\Phi_{ST} = 0.96$; $P = 0.0067$). AMOVA and PCoA analyses confirmed the little extension of alterations in cytosine methylation caused by SCMV inoculation, being the variations observed among sample time points more expressive. Nonetheless, SCMV changes in cytosine methylation were distinctive between the cultivars, suggesting epigenetic differences in response to SCMV inoculation. Whilst the resistant cultivar IACSP95-5000 showed higher frequencies of polymorphisms regarding cytosine hypomethylation 24 hours post inoculation (hpi) and 72 hpi, and higher hypermethylation polymorphisms 48 hpi, the susceptible cultivar IACSP91-1099 showed an exchange from inner cytosine methylation to external cytosine hemimethylation. The sequencing of the MSAP polymorphism caused by SCMV indicated relevance for the characterization of sugarcane-SCMV interaction, since alignments with transcripts putatively associated with biotic and abiotic stresses responses, chromatin remodeling and transposable elements were observed. In turn, MSAP alignments with genomic region showed putative promoter regions for downstream transcripts associated with protein kinase and transposable elements. DTFs alignments suggests changes in photosynthesis, post-stress recovery, activity of transmembrane proteins, responses to biotic and abiotic stresses, transposable elements and a DTF with putative function in chromatin remodeling via DNA methylation and histone 3 (H3) modification. Analyses of putative promoter regions of MSAP fragments and DTFs revealed cis acting motifs responsive to stress, phytohormones and epigenetic pathways, besides the proximity of CpG islands, suggesting a crosstalk between changes in transcriptome and cytosine methylation. The validation of three DTFs by qRT-PCR showed a complex expression and a contrasting behavior from cDNA-AFLP observations. Even though, DTF_1 profile

expression may explain some of the hypomethylation polymorphisms observed from MSAP molecular marker, whereas DTF_2 may explain the contrasting behavior in symptom expression between cultivars. The pronounced downregulation observed for DTF_4 in IACSP95-5000, in turn, correlates with maize genetic resistance to a *Potyvirus* belonging to SCMV subgroup.

Keywords: epigenetics, candidate genes, viral infection, expression profile, *Saccharum officinarum*

LISTA DE ABREVIATURAS

- AAA – “ATPases associated with diverse cellular activities”
- cDNA-AFLP – “cDNA-amplified fragment length polymorphism”
- Clp – “Caseinolytic protease”
- ETI – “Effector triggered immunity”
- FDE – Fragmento diferencialmente expesso
- Hai – Horas após a inoculação mecânica
- HR – “Hyper-sensitive response”
- Hsp 100 – “Heat Shock Protein 100”
- MBD – “Methyl-CpG binding domain
- MDMV – *Maizedwarf mosaic virus*
- MSAP – “Methylation-sensitive amplified polymorphism”
- MSL – “Methylation susceptible loci”
- NB-LRR – “Nucleotide-binding leucine rich repeat”
- NML – “Non Methylated loci”
- PAMP – “Pathogen-associated molecular patterns”
- Pfam – “Protein family”
- PRR – “Pattern recognition receptors”
- PTI – “PAMP-triggered immunity”
- RdDM – “RNA-directed DNA methylation”
- RNAi – Interferência de RNA
- ROS – “Reactive oxygen species”
- SAR – “Systemic acquired resistance”
- SCMV – *Sugarcane mosaic virus*
- SYT – “Synaptotagmins”

TMV - *Tobacco mosaic tobamovirus*

1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das principais culturas de importância econômica mundial sendo o Brasil o maior produtor com 657,18 milhões de toneladas de cana-de-açúcar na safra 2016/2017 (CONAB, 2017).

O número de cultivares de cana-de-açúcar em cultivo no país é grande devido ao alto potencial produtivo dos programas de melhoramento, o que permite adaptação às diversas condições agroclimáticas, além de proporcionar uma restrição natural da área plantada com um único cultivar, reduzindo riscos econômicos de perdas com possíveis epidemias (LANDELL; BRESSIANI, 2008). A resistência a doenças constitui o principal fator de substituição de cultivares na cana-de-açúcar (BRESSIANI, 2001), sendo o mosaico uma das principais doenças da cultura, com registros em quase todos os países produtores (GONÇALVES et al., 2012; VISWANATHAN; MOHANRAJ, 2001).

O mosaico da cana-de-açúcar causado pelo *Sugarcane mosaic virus* (SCMV) é responsável por diversos impactos econômicos na cultura, com prejuízos desde a redução na eficiência fotossintética a reduções em vários parâmetros de crescimento e produção (VISWANATHAN; BALAMURALIKRISHNAN, 2005). Os sintomas iniciais de infecção, segundo Gonçalves et al. (2007), são caracterizados por pontos cloróticos de distribuição linear no meio ou mais comumente na base das folhas, que evoluem para áreas alongadas formando um mosaico típico, podendo aumentar de severidade com a idade da folha. Pode haver acentuada redução no crescimento das plantas dependendo da espécie e estirpe do vírus, do cultivar de cana-de-açúcar e da infecção ocorrer nos estágios iniciais de desenvolvimento da planta.

No Brasil, a doença encontra-se relativamente controlada com a ação dos programas de melhoramento e a adoção de práticas culturais como o *roguing* em viveiros, o uso de mudas sadias e o constante monitoramento de campos comerciais. No entanto, fatores como condições epidemiológicas favoráveis a

disseminação do mosaico e a descrição de novos isolados, como o SCMV Rib-1, responsável por surtos de mosaico em cultivares até então consideradas resistentes, reforçam a importância atual da doença no desenvolvimento de novos cultivares (GONÇALVES et al., 2004, 2007, 2012).

Apesar de sua importância, principalmente por ocasionar perdas significativas de produtividade em cultivares suscetíveis, poucos estudos foram realizados para a caracterização molecular da resistência da cultura da cana-de-açúcar ao SCMV. A identificação de fragmentos diferencialmente expressos (FDEs) no cultivar resistente durante o processo de infecção pelo SCMV pode sinalizar possíveis genes candidatos envolvidos em respostas de resistência.

Técnicas de análise de transcriptoma permitem o estudo de mudanças na expressão gênica, sendo a principal forma de caracterização de genes em cana-de-açúcar (MANNERS; CASU, 2011), uma vez que o sequenciamento completo de seu genoma ainda não foi obtido (OKURA et al., 2016). A técnica de cDNA-AFLP (“cDNA-amplified fragment length polymorphism”) tem sido considerada eficiente, sensível e com reprodutibilidade para o isolamento de genes diferencialmente expressos (BACHEM et al., 1996), a qual não requer o conhecimento prévio do genoma. Por este motivo ela vem sendo muito útil no estudo de novos genes em organismos não modelos (DURRANT et al., 2000; DITT et al., 2001; ZAGO et al., 2006) e oferece grande potencial em estudos de estresse biótico para o desenvolvimento de marcadores genéticos associados à resistência a pragas e doenças (BUTTERFIELD et al., 2004).

Diversas alterações na expressão gênica vêm sendo relacionadas aos fenômenos de metilação de DNA (SUZUKI; BIRD, 2008), interferência de RNA (RNAi; STORZ, 2002) e modificação de histonas e proteínas remodeladoras da cromatina (BANNISTER; KOUZARIDES, 2011), fenômenos estes que são compreendidos pelo termo epigenética (FEIL; FRAGA, 2012). A investigação de alterações no padrão de metilação no genoma da cana-de-açúcar durante o processo de infecção pelo SCMV por meio da técnica MSAP (“Methylation Sensitive Amplified Polymorphism”) permite sua quantificação e identificação de possíveis genes afetados por essa via epigenética. A técnica vem sendo aplicada para

avaliação de variabilidade no padrão de metilação de populações selvagens, assim como para associações com função gênica por meio de técnicas de clonagem e sequenciamento dos polimorfismos observados (CICATELLI et al., 2014; MEDRANO et al., 2014).

Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo dar continuidade a identificação de FDEs obtidos pela técnica cDNA-AFLP por Medeiros et al. (2014), assim como investigar a alteração no padrão de metilação e sua associação a genes por meio da técnica MSAP. A técnica MSAP foi aplicada em material vegetal procedente do experimento conduzido por Medeiros et al. (2014), onde dois cultivares de resposta contrastante ao mosaico foram inoculados com a estirpe agressiva de SCMV (estirpe Rib-1). Ambos os cultivares, IACSP95-5000 (resistente) e IAC91-1099 (suscetível), foram obtidos por micromeristemas, conduzidos em condições controladas de casa-de-vegetação e amostradas nos tempos de 24, 48 e 72 horas após a inoculação.

6. CONCLUSÃO

Os resultados do presente trabalho indicam modificações no padrão de metilação de DNA em resposta ao SCMV, sendo estas específicas aos cultivares em estudo. Mesmo representando uma pequena proporção dos loci MSAP totais investigados, os alinhamentos dos polimorfismos sugerem funções relevantes como resposta a estresses e atividade de elementos transponíveis, com possível atuação de elementos reguladores também responsivos a estresses, assim como a fitormônios e mecanismos epigenéticos. Os alinhamentos dos FDEs demonstram alterações no transcriptoma envolvendo vias de fotossíntese, qualidade protéica, respostas à estresse, atividade de elementos transponíveis além de conexões com vias epigenéticas. Os resultados de validação por qRT-PCR apontaram para uma complexidade na expressão dos FDEs investigados devido à variação entre as réplicas biológicas. No entanto, as análises REST e perfil de expressão permitiram traçar paralelos com a resposta contrastante dos cultivares em estudo ao SCMV, possivelmente compreendendo as diferenças no padrão de metilação de DNA e no desenvolvimento de sintomas.

7. REFERÊNCIAS

ABID, G.; MINGEOT, D.; MUHOVSKI, Y.; MERGEAI, G.; AOUIDA, M.; ABDELKARIM, S.; AROUA, I.; EL AYED, M.; M'HAMDI, M.; SASSI, K.; JEBARA, M. Analysis of DNA methylation patterns associated with drought stress response in faba bean (*Vicia faba* L.) using methylation-sensitive amplification polymorphism (MSAP). **Environ. Exp. Bot.**, 142, p. 34–44. 2017. Disponível em: <10.1016/j.envexpbot.2017.08.004>.

ACOSTA-LEAL, R.; XIONG, Z. Complementary functions of two recessive R-genes determine resistance durability of tobacco “Virgin A Mutant” (VAM) to potato virus Y. **Virology** 379, p. 275–283. 2008. Disponível em: < 10.1016/j.virol.2008.06.026>.

ADIE, B. A. T.; PEREZ-PEREZ, J.; PEREZ-PEREZ, M. M.; GODOY, M.; SANCHEZ-SERRANO, J. J.; SCHMELZ, E.A.; SOLANO, R. ABA is an essential signal for plant resistance to pathogens affecting JA biosynthesis and the activation of defenses in *Arabidopsis*, **The Plant Cell**, v.19, p. 1665-1681. 2007.

AGARWAL, M.; SAHI, C.; KATIYAR-AGARWAL, S.; AGARWAL, S.; YOUNG, T.; GALLIE, D. R.; SHARMA, V. M.; GANESAN, K.; GROVER, A. Molecular characterization of rice HSP101: complementation of yeast hsp104 mutation by disaggregation of protein granules and differential expression in indica and japonica rice types. **Plant Mol. Biol.** 51, p. 543–553. 2003.

AGBECI, M.; GRANGEON, R.; NELSON, R. S.; ZHENG, H.; LALIBERTE, J. F. Contribution of host intracellular transport machineries to intercellular movement of turnip mosaic virus. **PLoS Pathog** 9, e1003683. 2013.

AGIUS, F.; KAPOOR, A.; ZHU, J. K. Role of the Arabidopsis DNA glycosylase/lyase ROS1 in active DNA demethylation. **Proc Natl Acad Sci USA** 103, p. 11796–11801. 2006.

AGRAWAL, N.; DASARADHI, P. V.; MOHMMED, A.; MALHOTRA, P.; BHATNAGAR, R. K.; MUKHERJEE, S. K. RNA interference: biology, mechanism, and applications. **Microbiol. Mol. Biol. Rev.** 67 p. 657-685. 2003.

AGUDELO-ROMERO, P.; CARBONELL, P.; DE LA IGLESIA, F.; CARRERA, J.; RODRIGO, G.; JARAMILLO, A.; PEREZ-AMADOR, M. A.; ELENA, S. F. Changes in the gene expression profile of *Arabidopsis thaliana* after infection with *Tobacco etch virus*. **Virology** 5, 92. 2008.

AHARONI, A. ; VORST, O. DNA microarrays for functional plant genomics. **Plant Molecular Biology**, vol. 48, no. 1-2, p. 99–118, 2002.

AITKEN, K. S.; McNEIL, M.D.; HERMANN, S.; BUNDOCK, P. C.; KILIAN, A.; HELLER-USZYNSKA, K.; HENRY, R. J.; LI, J. A comprehensive genetic map of sugarcane that provides enhanced map coverage and integrates high-throughput Diversity Array Technology (DArT) markers. **BMC Genomics**, p. 15-152, 2014.

AITKEN, K. S.; HERMANN, S.; KARNO, K.; BONNETT, G.D.; MCINTYRE, L. C.; JACKSON, P.A. Genetic control of yield related stalk traits in sugarcane. **Theor Appl Genet**. 117, p. 1191–203. 2008.

AITKEN, K. S.; JACKSON, P. A.; MCINTYRE, C.L. Construction of a genetic linkage map for *Saccharum officinarum* incorporating both simplex and duplex markers to increase genome coverage. **Genome**, 50, p. 742-756. 2007. Disponível em: <10.1139/G07-056>.

AITKEN, K. S.; JACKSON, P. A.; MCINTYRE, C. L. A combination of AFLP and SSR markers provides extensive map coverage and identification of homo(eo)logous linkage groups in a sugarcane cultivar. **Theor Appl Genet**, 110, p. 789–801. 2005. Disponível em: <10.1007/s00122-004-1813-7>.

AKIMOTO, K.; KATAKAMI, H.; KIM, H.J.; OGAWA, E.; SANO, C. M.; WADA, Y.; SANO, H. Epigenetic inheritance in rice plants. **Ann Bot (Lond)**; 100(2), p. 205–17, 2007.

AL-JANABI, S. M.; HONEYCUTT, R. J.; McCLELLAND, M.; SOBRAL, B. W. S. A genetic linkage map of *Saccharum spontaneum* L. '**SES208**' **Genetics**, 134, p. 1249–1260. 1993.

AL-JANABI, S. M.; HONEYCUTT, R.J.; SOBRAL, B. W. S. Phylogenetic analysis of organellar DNA sequences in the *Andropogoneae: Saccharinae*. **Theor Appl Genet**, 88, p. 933–944. 1994.

ALA-POIKELA, M.; GOYTIA, E.; HAIKONEN, T.; RAJAMAKI, M. L.; VALKONEN, J. P. Helper component proteinase of the genus *Potyvirus* is an interaction partner of translation initiation factors eIF(iso)4E and eIF4E and contains a 4E binding motif. **J Virol** 85, p. 6784–6794. 2011.

ALAZEM, M.; LIN, N. S. Roles of plant hormones in the regulation of host– virus interactions. **Mol. Plant Pathol.** 16, p. 529–540. 2015.

ALAZEM, M.; LIN, K. Y.; LIN, N. S. The abscisic acid pathway has multi- facete defects on the accumulation of bamboo mosaic virus. **Mol. Plant Microbe Interact.** 27, p. 177–189. 2014. Disponível em: <10.1094/MPMI-08-13-0216-R>.

ALI, S. S.; GUNUPURU, L. R., KUMAR, G. B., KHAN, M., SCOFIELD, S., NICHOLSON, P.; DOOHAN, F. M. Plant disease resistance is augmented in uzu barley lines modified in the brassinosteroid receptor BR1. **BMC Plant Biol.** 14, p. 227. 2014. Disponível em: <10.1186/s12870-014- 0227-1>.

ALONSO, C.; PÉREZ, R.; BAZAGA, P.; MEDRANO, M.; HERRERA, C. M. MSAP markers and global cytosine methylation in plants: a literature survey and comparative analysis for a wild-growing species. **Molecular Ecology Resources**, 16, p. 80-90. 2016.

ALVES, M. S.; DADALTO, S. P.; GONÇALVES, A. B.; DE SOUZA, G. B.; BARROS, V. A.; FIETTO, L. G. Plant bZIP Transcription Factors Responsive to Pathogens: A Review. *Int J Mol Sci.*, 14(4), p. 7815–7828. 2013. Disponível em: <10.3390/ijms14047815>.

AMBAWAT, S.; SHARMA, P.; YADAV, N. R.; YADAV, R. C. MYB transcription factor genes as regulators for plant responses: an overview. **Physiol. Mol. Biol. Plants** 19, p. 307–321. 2013.

ANDERSEN, C. L.; JENSEN, J. L.; ORNTOFT, T. F. Normalization of real-time quantitative reverse transcription-PCR data: model-based variance estimation to identify genes suited for normalization, applied to bladder and colon cancer data sets. **Cancer Res.**, 64, p. 5245–5250. 2004. Disponível em: < 10.1158/0008-5472.CAN-04-0496>.

ANDRADE, L.M.; DOS SANTOS BRITO, M.; FÁVERO PEIXOTO JUNIOR, R.; MARCHIORI, P.E.R.; NÓBILE, P.M.; MARTINS, A.P.B.; RIBEIRO, R.V.; CRESTE S. Reference genes for normalization of qPCR assays in sugarcane plants under water deficit. **Plant Methods**. 2017 Apr 17;13:28. Disponível em: <10.1186/s13007-017-0178-2>.

ARCENEUX, G. Flowering of sugarcane. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 12., 1965, San Juan. **Anais...** Amsterdam: Elsevier, p. 780-784. 1967.

ASHIKAWA, I. Gene-associated CpG islands in plants as revealed by analyses of genomic sequences. **Plant J**. 26, p. 617-625. 10.1046/j.1365-313x.2001.01062.x. 2001a. Disponível em: <107, 8689-8694. 10.1073/pnas.1002720107>.

ASHIKAWA, I. Surveying CpG methylation at 50-CCGG in the genomes of rice cultivars. **Plant Mol Biol**; 45(1), p. 31–9, 2001b.

ASSELBERGH, B.; ACHUO, A. E.; HÖFTE, M.; VANGIJSEGEM, F. Abscisic acid deficiency leads to rapid activation of tomato defense responses upon infection with *Erwinia chrysanthemi*. **Mol. PlantPathol.** 9, p. 11-24. 2008. Disponível em: <10.1111/j.1364-3703.2007.00437.x>.

AUDENAERT, K.; DeMEYER, G. B.; HÖFTE, M. M. Abscisic acid determines basal susceptibility of tomato to *Botrytis cinerea* and suppresses salicylic acid-dependent signaling mechanisms. **PlantPhysiol.** 128, p. 491–501. 2002. Disponível em: <10.1104/pp.010605>.

AYYAPPAN, V.; KALAVACHARLA, V.; THIMMAPURAM, J. Genome-wide profiling of histone modifications (H3K9me2 and H4K12ac) and gene expression in rust (*Uromyces appendiculatus*) inoculated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), **PLoS ONE**, vol. 10, no. 7, Article ID e0132176, 2015.

BABU, M.; GRIFFITHS, J. S.; HUANG, T. S.; WANG, A. Altered gene expression changes in *Arabidopsis* leaf tissues and protoplasts in response to *Plum pox virus* infection. **BMC Genomics** 9, 325. 2008.

BACHEM, C.W.; VAN DER HOEVEN, R.S.; DE BRUIJN, S.M.; VREUGDENHIL, D.; ZABEAU, M.; VISSER, R.G. Visualization of differential gene expression using a novel method of RNA fingerprinting based on AFLP: analysis of gene expression during potato tuber development. **Plant J** 9, p. 745–753. 1996.

BACHEM, C. W. B.; OOMEN, R. J. F. J.; VISSER R. G. F. Transcript imaging with cDNA-AFLP: a step-by-step protocol. **Plant Molecular Biology Reporter**, vol. 16, no. 2, p. 157–173. 1998.

BAEBLER, S., KRECIC-STRES, H., ROTTER, A., KOGOVSEK, P., CANKAR, K., KOK, E. J., GRUDEN, K., KOVAC, M., ZEL, J.; POMPE-NOVAK, M.; RAVNIKAR, M. PVYNTN elicits a diverse gene expression response in different potato genotypes in the first 12 h after inoculation. **Mol Plant Pathol** 10, p. 263– 275. 2009.

BAIN, D.C. The use of abrassive for inoculating sugarcane seedlings with the mosaic virus. **Phytopathology**, 34, p. 844-845. 1944.

BANNISTER, A.J.; KOUZARIDES, T. Regulation of chromatin by histone modifications. **Cell Research**, 21, p. 381–395. 2011.

BARBER, C. A. The classification of Indian Canes. **The International Sugar Journal**, 24, p. 18-20. 1922.

BARBOSA, M. H. P. Study of genetic divergence in sugarcane varieties grown in Brazil using the parentage coeficiente. **International Sugar Journal**, London, v. 103, n. 1231, p. 294-295. 2001.

BARBOSA, M. H. P; RESENDE, M. D. V; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A; SILVEIRA, L. C. I.; SILVA, F. L.; FIGUEIREDO, I. C. R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breed Appl Biotechnol.**, 4, p. 218–26. 2004.

BARTH, O.; VOGT, S.; UHLEMANN, R.; ZSCHIESCHE, W.; HUMBECK, K. Stress induced and nuclear localized HIPP26 from Arabidopsis thaliana interacts via its heavy metal associated domain with the drought stress related zinc finger transcription factor ATHB29. **Plant Mol Biol** 69, p. 213–226. 2009.

BARTH, O.; ZSCHIESCHE, W.; SIERSLEBEN, S.; HUMBECK, K. Isolation of a novel barley cDNA encoding a nuclear protein involved in stress response and leaf senescence. **Physiol Plant** 121, p. 282–293. 2004.

BASTIAANSE, H.; MUHOVSKI, Y.; PARISI, O.; PARIS, R.; MINGEOT, D.; LATEUR, M. Gene expression profiling by cDNA-AFLP reveals potential candidate genes for partial resistance of 'Président Roulin' against *Venturia inaequalis*. **BMC Genomics** 15:1043. 2014.

BAURLE, I.; DEAN, C. Differential interactions of the autonomous pathway RRM proteins and chromatin regulators in the silencing of Arabidopsis targets. **PLoS One** 3: e2733. 2008.

BEADLE, C. L.; LONG, S. P. Photosynthesis - is it limiting to biomass production. **Biomass**. 8, p. 119-168. 1985. Disponível em: <10.1016/0144-4565(85)90022-8>.

BEHRINGER, C.; SCHWECHHEIMER, C. B-GATA transcription factors – insights into their structure, regulation, and role in plant development. *Front Plant Sci.*, 6:90. 2015. Disponível em: <10.3389/fpls.2015.00090>.

BERDING, N.; B. T. ROACH. Germoplasm collection, maintenance and use. In: HEINZ, D. J. **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier Press, p. 143-210. 1987.

BIGEARD, J.; COLCOMBET, J.; HIRT, H. Signaling mechanisms in pattern-triggered immunity (PTI). **Mol Plant**. 8(4), p. 521–39. 2015.

BIRD, A.P.; SOUTHERN, E.M. Use of restriction enzymes to study eukaryotic DNA methylation: I. The methylation pattern in ribosomal DNA from *Xenopus laevis*. **J Mol Biol** 118, p. 27–47, 1978

BOBIK, K.; BURCH-SMITH, T. M. Chloroplast signaling within, between and beyond cells. **Frontiers in plant science**. October 2015. Disponível em: <10.3389/fpls.2015.00781>.

BOLLER, T.; FELIX, G. A renaissance of elicitors: Perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. **Annu. Rev. Plant Biol.** 60, p. 379–406. 2009.

BONDURIANSKY, R.; DAY, T. Nongenetic inheritance and its evolutionary implications. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics** 40, p. 103–125, 2009

BOTHA, A. M.; SWANEVELDER, Z. H.; LAPITAN, N. L. V. Transcript profiling of wheat genes expressed during feeding by two different biotypes of *Diuraphis noxia*. **Environ Entomol** 39, p. 1206–1231. 2010.

BOYKO, A.; KATHIRIA, P.; ZEMP, F. J.; YAO, Y.; POGRIBNY, I.; KOVALCHUK, I. Transgenerational changes in the genome stability and methylation in pathogen-infected plants (virus-induced plant genome instability). **Nucleic Acids Res.** 35, p. 1714–25. 2007.

BREMER, G. Problems in breeding and cytology of sugar cane. **Euphytica** 10, p. 59–78. 1961.

BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

BRINKMAN, A. B.; SIMMER, F.; MA, K.; KAN A.; ZHU, J.; STUNNENBERG, H. G. Whole-genome DNA methylation profiling using MethylCap-seq. **Methods** 52, p. 232–236. 2010.

BROWN, R. H. A difference in N use efficiency in C3 and C4 plants and its implications in adaptation and evolution. **Crop Sci.** 18, p. 93-98. 1978.

BUTTERFIELD, M. K.; RUTHERFORD, R. S.; CARSON, D. L.; HUCKETT, B. I. Application of gene discovery to varietal improvement in sugarcane. **South African Journal of Botany**, v. 70, n.1, p. 167-172, 2004.

CARANTA, C.; LEFEBVRE, V.; PALLOIX, A. Polygenic resistance of pepper to potyviruses consists of a combination of isolate-specific and broad-spectrum quantitative trait loci. **Mol. Plant Microbe Interact.** 10, p. 872–878. 1997. Disponível em: <10.1094/MPMI.1997.10.7.872>.

CARRINGTON, J. C.; JENSEN, P. E.; SCHAAD, M. C. Genetic evidence for an essential role for potyvirus CI protein in cell-to-cell movement. **Plant J** 14, p. 393–400. 1998.

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

CASSONE, B. J.; CHEN, Z.; CHIERA, J.; STEWART, L. R.; REDINBAUGH, M. G. Responses of highly resistant and susceptible maize to vascular puncture inoculation with Maize dwarf mosaic virus. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 86, p. 19–27. 2014.

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

CASU, R.E.; MANNERS, J. M.; BONNETT, G. D.; JACKSON, P. A.; MCINTYRE, C. L.; DUNNE, R.; CHAPMAN, S. C.; RAE, A. L.; GROF, C. P. L. Genomics approaches for the identification of genes determining important traits in sugarcane. **Field Crops Res** 92, p. 137–147. 2005.

CERVERA, M.T.; RUIZ-GARCIA L.; MARTINEZ-ZAPATER, J.M. Analysis of DNA methylation in *Arabidopsis thaliana* based on methylationsensitive AFLP markers. **Mol Genet Genom**; 268(4), p. 543–52, 2002.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. Breeding of sugarcane. 1st ed. Brasília: Embrapa **Technological Information**, p. 307. 2004.

CHAD, E. N.; ROBERT, J. S. Covering your bases: inheritance of DNA methylation in plant genomes. **Mol Plant**. 7 (3), p. 472-480. 2013. Disponível em: <10.1093/mp/sst165>.

CHAN, S. W. L.; HENDERSON, I. R.; JACOBSEN, S.E. Gardening the genome: DNA methylation in *Arabidopsis thaliana*. **Genetics** 6, p. 351–360. 2005.

CHANDRAN, D.; SHAROPOVA, N.; IVASHUTA, S.; GANTT, J. S.; VANDENBOSCH, K. A.; SAMAC, D. A. Transcriptome profiling identified novel genes associated with aluminum toxicity, resistance and tolerance in *Medicago truncatula*. **Planta** 228, p. 151–166. 2008.

CHANG, W. C.; LEE, T. Y.; HUANG, H. D.; HUANG, H. Y.; PAN, R. L. PlantPAN: plant promoter analysis navigator, for identifying combinatorial *cis*-regulatory elements with distance constraint in plant gene groups. **BMC Genomics** 9, p. 561–574. 2008.

CHARRON, C.; NICOLAÏ, M.; GALLOIS, J. L.; ROBAGLIA, C.; MOURY, B.; PALLOIX, A.; CARANTA, C. Natural variation and function analyses provide evidence for co-evolution between plant eIF4E and potyviral VPg. **Plant J.** 54, p.56–68. 2008. Disponível em: < 10.1111/j.1365-313X.2008.03407.x>.

CHATENET, M.; MAZARIN, C.; GIRARD, J. C.; FERNADEZ, E.; GARGANI, D.; RAO, G. P.; ROYER, M.; LOCKHART, B. E. L.; ROTT, P. Detection of Sugarcane streak mosaic virus in sugarcane from several Asian countries. In: [ISSCT CONGRESS, 25], Jakarta. **Proceedings...** [Quatre-Bornes: ISSCT], v. 25, p. 656-662. 2005.

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

CHEN, L.; ZHANG, L.; LI, D.; WANG, F.; YU, D. WRKY8 transcription factor functions in the TMV-cg defense response by mediating both abscisic acid and ethylene signaling in *Arabidopsis*. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 110, E1963–E1971. 2013. Disponível em: < 10.1073/pnas.1221347110>.

CHOI, C.S.; SANO, H. Abiotic-stress induces demethylation and transcriptional activation of a gene encoding a glycerophosphodiesterase- like protein in tobacco plants. **Mol Genet Genomics**; 277(5), p. 589–600, 2007.

CICATELLI, A.; TODESCHINI, V.; LINGUA, G.; BIONDI, S.; TORRIGIANI, P.; CASTIGLIONE, S. Epigenetic control of heavy metal stress response in mycorrhizal versus non-mycorrhizal poplar plants. **Environmental Science and Pollution Research**, 21, p. 1723–1737. 2014.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Acompanhamento da safra brasileira: cana-de-açúcar, safra 2015/2016, quarto levantamento**. Brasília, DF, 2016. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_12_17_09_03_29_boletim_cana_portugues_-_3o_lev_-_15-16.pdf>. Acesso em: 02 fev. 2017.

COSSON, P.; SCHURDI-LEVRAUD, V.; LE,Q.H.; SICARD, O.; CABALLERO, M.; ROUX, F.; LE GALL, O.; CANDRESSE, T.; REVERS, F. The RTM resistance to potyviruses in *Arabidopsis thaliana*: natural variation of the RTM genes and evidence for the implication of additional genes. **PLoS ONE** 7:e39169. 2012. Disponível em: <10.1371/journal.pone.0039169>.

COTTON, S.; GRANGEON, R.; THIVIERGE, K.; MATHIEU, I.; IDE, C.; WEI, T.; WANG, A.; LALIBERTE, J. F. *Turnip mosaic virus* RNA replication complex vesicles are mobile, align with microfilaments, and are each derived from a single viral genome. **J Virol** 83, p. 10460–10471. 2009.

CUBAS, P.; VINCENT, C; COEN, E. An epigenetic mutation responsible for natural variation in floral symmetry. **Nature** 401, p. 157–161. 1999.

CUI, X.; WEI, T.; CHOWDA-REDDY, R. V.; SUN, G.; WANG, A. The *Tobacco etch virus* P3 protein forms mobile inclusions via the early secretory pathway and traffics along actin microfilaments. **Virology**, 397, p. 56–63. 2010.

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

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J.C.; RAO, S.; BERDING, N. Characterization of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Mol Gen Genet**, 250, p. 405–413. 1996.

D'HONT, A.; ISON, D.; ALIX, K.; ROUX, C.; GLASZMANN, J. C. Determination of basic chromosome numbers in the genus *Saccharum* by physical mapping of ribosomal RNA genes. **Genome** 41, p. 221–225. 1998.

D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C. Sugarcane genome analysis with molecular markers, a first decade of research. **Proc Int Soc Sugar Cane Technol** 24, p. 556–559. 2001.

D'HONT, A.; LU, Y. H.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J. C. Oligoclonal interspecific origin of 'North Indian' and 'Chinese' sugarcanes. **Chromosome Res** 10, p. 253–262. 2002.

DAL-BIANCO, M.; CARNEIRO, M. S.; HOTTA, C. T.; CHAPOLA, R. G.; HOFFMANN, H. P.; GARCIA, A.A.; SOUZA, G. M. Sugarcane improvement: how far can we go? **Curr. Opin. Biotechnol.** 23, p. 1–6. 2011.

DANGL, J. L.; HORVATH, D. M.; STASKAWICZ, B. J. Pivoting the plant immune system from dissection to deployment. **Science** 341(6147), p. 746–51. 2013.

DANIELS, J.; SMITH, P.; PATON, N.; WILLIAMS, C. A. The origin of the genus *Saccharum*. **Sugarcane Breeding Newsletter** 36, p. 24-39. 1975.

DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D. J. (ED). **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier Press, Amsterdam, p. 7–84. 1987.

DAUGROIS, J.; ROQUES, D.; HOARAU, J. Y., LOMBARD, H.; GLASZMANN, J. C.; D'HONT, A. A putative major gene for rust resistance linked with a RFLP marker in sugarcane cultivar 'R570'. **Theor. Appl. Genet.** 92, p. 1059-1064. 1996. Disponível em: <10.1007/BF00224049>.

DE ABREU-NETO, J. B.; TURCHETTO-ZOLET, A. C.; DE OLIVEIRA, L. F. V.; BODANESE ZANETTINI, M. H.; MARGIS-PINHEIRO, M. Heavy metal-associated isoprenylated plant protein (HIPP): characterization of a family of proteins exclusive to plants. **FEBS J.** 280, p. 1604–1616 10.1111/febs.12159. 2013.

DEATON, A. M.; BIRD, A. CpG island and the regulation of transcription. **Genes Dev.** 25, p. 1010-1022. 2011. Disponível em: <1010-1022.10.1101/gad.2037511>.

DE CHASSEY, B.; NAVRATIL, V.; TAFFOREAU, L.; HIET, M. S.; AUBLIN-GEX A.; AGAUGUE, S.; MEIFFREN, G.; PRADEZYNSKI, F.; FABIA, B. F.; CHANTIER, T.; LE BRETON, M.; PELLET, J.; DAVOUST, N.; MANGEOT, P. E.; CHABOUD, A.; PENIN, F.; JACOB, Y.; VIDALIN, P. O.; VIDAL, M.; ANDRÉ, P.; RABOURDIN-COMBEC, C.; LOTTEAU, V. Hepatitis C virus infection protein network. **Mol Syst Biol.**, 4:230. 2008. Disponível em: < 10.1038/msb.2008.66>.

DELERIS, A.; HALTER, T.; NAVARRO, L. DNA methylation and demethylation in plant immunity. **Annu Rev Phytopathol.**, 54, p. 579–603. 2016.

DEREN, C. W. Genetic base of U.S. Mainland sugarcane. **Crop Science** v.35, p. 1195-1199. 1995.

DE RONDE, D.; BUTTERBACH, P.; KORMELINK, R. Dominant resistance against plant viruses. **Front. Plant Sci.** 5:307. 2014. Disponível em: <10.3389/fpls.2014.00307>.

DIATCHENKO, L.; LAU, Y. F.; CAMPBELL, A. P.; CHENCHIK, A.; MOGADAM, F.; HUANG, B.; LUKYANOV, S.; LUKYANOV, K.; GURSKAVA, N.; SVERDLOV, E. D.; SIEBERT, P. D. Suppression subtractive hybridization: a method for generating differentially regulated or tissue-specific cDNA probes and libraries. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, vol. 93, no. 12, p. 6025–6030. 1996.

DIAZ-PENDON, J. A.; TRUNIGER, V.; NIETO, C.; GARCIA-MAS, J.; BENDAHMANE, A.; ARANDA, M. A. Advances in understanding recessive resistance to plant viruses. **Mol. Plant Pathol.** 5, p. 223–233. 2004. Disponível em: <10.1111/J.1364-3703.2004.00223.X>.

DIAZ-VIVANCOS, P.; CLEMENTE-MORENO, M. J.; RUBIO, M.; OLMOS, E.; GARCÍA, J. A.; MARTÍNEZ-GÓMEZ, P.; HERNÁNDEZ, J. A. Alteration in the chloroplastic metabolism leads to ROS accumulation in pea plants in response to *Plum pox virus*, **J. Exp. Bot.** 59 2147e2160. 2008.

DIETRICH, D.; HAMMES, U.; THOR, K.; SUTER-GROTEMEYER, M.; FLUKIGER, R.; SLUSARENKO, A. J.; WARD, J. M.; RENTSCH, D. AtPTR1, a plasma membrane peptide transporter expressed during seed germination and in vascular tissue of *Arabidopsis*. **The Plant Journal** 40, p. 488–499. 2004.

DINARI, A.; NIAZI, A.; AFSHARIFAR, A. R.; RAMEZANI, A. Identification of upregulated genes under cold stress in cold-tolerant chickpea using the cDNA-AFLP approach. **PLoS One**. 2013. Disponível em: <10.1371/journal.pone.0052757>.

DITT, R.F.; NESTER, E.W.; COMAI, L. Plant gene expression response to *Agrobacterium tumefaciens*. **Proc Natl Acad Sci USA** 98, p. 10954–10959, 2001.

DODDS, P.N.; RATHJEN, J.P. Plant immunity: towards an integrated view of plant-pathogen interactions. **Nat. Rev. Genet.** 11, p. 539–548. 2010.

DOHERTY, C. J.; BUSKIRK, H. A. V.; MYERS, S. J.; THOMASHOW, M. F. Roles for *Arabidopsis* CAMTA Transcription Factors in Cold-Regulated Gene Expression and Freezing Tolerance. **Plant Cell**, 21(3), p. 972-984. 2009. Disponível em: <10.1105/tpc.108.063958>.

DOLJA, V. V., HALDEMAN, R., ROBERTSON, N. L., DOUGHERTY, W. G. & CARRINGTON, J. C. Distinct functions of capsid protein in assembly and movement of tobacco etch potyvirus in plants. **EMBO J** 13, p. 1482–1491. 1994.

DONALDSON, R. P.; LUSTER, D. G. Multiple forms of plant cytochromes P450. **Plant Physiol.** 96, p. 669–674. 1991.

DONG, S.; STAM, R.; CANO, L. M.; SONG, J.; SKLENAR, J.; YOSHIDA, K.; BOZKURT, T. O.; OLIVA, R.; LIU, Z.; TIAN, M.; WIN, J.; BANDIED, M. J.; JONES, A. M.; VAN DER HOORN, R. A.; KAMOUN, S. Effector specialization in a lineage of the Irish potato famine pathogen. **Science** 343(6170), p. 552–5. 2014.

DORNEZ, E.; CROES, E.; GEBRUERS, K.; DE CONINCK, B.; CAMMUE, B. P. A.; DELCOUR, J. A.; COURTIN, C. M. Accumulated evidence substantiates a role for three classes of wheat xylanase inhibitors in plant defense. **Crit Rev Plant Sci.** 29, p. 244–264. 2010. Disponível em: < 10.1080/07352689.2010.487780>.

DOS SANTOS, R. S.; KRÜGER, M. M.; PEGORARO, C.; MADABULA, E. P.; MAIA, L. C.; ROMBALDI, C. V.; OLIVEIRA, A. C. Transcriptional regulation of seven ERFs in rice under oxygen depletion and iron overload stress. **Tropical Plant Biol**, 6, p. 16–25. 2013. Disponível em: < 10.1007/s12042-013-9117-1>.

DOWN, T. A.; RAKYAN, V. K.; TURNER, D.J.; FLICEK, P.; LI, H.; KULESHA, E.; GRAF, S.; JOHNSON, N.; HERRERO, J.; TOMAZOU, E. M.; THORNE, N. P.; BACKDAHL, L.; HERBERTH, M.; HOWE, K. L.; JACKSON, D. K.; MIRETTI, M. M.; MARIONI, J. C.; BIRNEY, E.; HUBBARD, T. J.; DURBIN, R.; TAVARÉ, S.; BECK, S. A Bayesian deconvolution strategy for immunoprecipitation-based DNA methylome analysis. **Nat Biotechnol** 26, p. 779–785. 2008.

DUARTE FILHO, L.S.C.; SILVA, P. P.; SANTOS, J. M.; BARBOSA, G. V. S.; RAMALHO NETO, C. E.; SOARES, L.; ANDRADE, J. C. F.; ALMEIDA, C. Genetic similarity among genotypes of sugarcane estimated by SSR and coefficient of parentage. **Sugar Tech** 12, p. 145–149. 2010.

DURRANT, W.E.; ROWLAND, O.; PIEDRAS, P.; HAMMOND-KOSACK, K.E.; JONES J.D. cDNA-AFLP reveals a striking overlap in race-specific resistance and wound response gene expression profiles. **Plant Cell** 12, p. 963–977, 2000.

DZIALO, M.; SZOPA, J.; CZUJ, T.; ZUK, M. Oligodeoxynucleotides can transiently up-and downregulate gene expression in Flax by changing DNA-Methylation in a Sequence-Specific Manner. **Front. Plant Sci.** 8, p. 755. 2017. Disponível em: <10.3389/fpls.2017.00755>.

EBADZAD, G.; CRAVADOR, A. Quantitative RT-PCR analysis of differentially expressed genes in *Quercus suber* in response to *Phytophthora cinnamomi* infection. **Springer Plus**, 3, p. 613. 2014. Disponível em: <10.1186/2193-1801-3-613>.

ELENA, S. F.; RODRIGO, G. Towards an integrated molecular model of plant-virus interactions. **Curr Opin Virol.** 2: 719-724. 10.1016/j.coviro.2012.09.004. 2012.

ENGLER, P.; WENG, A.; STORB, U. Influence of CpG methylation and target spacing on V(D)J recombination in a transgenic substrate. **Mol Cell Biol** 13(1), p. 571–7.1993.

FAOSTAT. Rome: Food and Agriculture Organization of the United States, 2013. Área colhida, produção mundial e produção nos principais países produtores de cana-de-açúcar. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/>>. Acesso em: 02 fev. 2017.

FEIL, R.; FRAGA, M.F. Epigenetics and the environment: emerging patterns and implications. **Nature Reviews in Genetics** 13, p. 97–109. 2012.

FENG, S.; COKU, S. J.; ZHANG, X.; CHEN, P. Y.; BOSICK, M. G.; HETZEL, J.; JAIN, J.; STRAUSS, S. H.; HALPERN, M. E.; UKOMADU, C.; SADLER, K. C.; PRADHAN, S.; PELLEGRINI, M.; JACOBSEN, S. E. Conservation and divergence of methylation patterning in plants and animals. **Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.** 107, 8689-8694. 2010. Disponível em: <[10.1073/pnas.1002720107](https://doi.org/10.1073/pnas.1002720107)>.

FIELDDES, M.A.; SCHAEFFER, S.M.; KRECH, M.J.; BROWN, J. C. DNA hypomethylation in 5-azacytidine-induced early-flowering lines of flax. **Theor Appl Genet**;111(1), p. 136–49, 2005.

FIELDDES, M.A. Heritable effects of 5-azacytidine treatments on the growth and development of flax (*Linum usitatissimum*) genotrophs and genotypes. **Genome** ;37(1), p. 1–11. 1994.

FIGUEIRA, T. R. S.; SERRANO, G. C. M.; ARRUDA, P. Evolution of the genes encoding seed storage proteins in sugarcane and maize. **Trop Plant Biol.**, 1, p. 108–119. 2008.

FRAGA, M. E., ESTELLER, M. DNA methylation: a profile of methods and applications. **BioTechniques**, 33, p. 632–649. 2002.

FREELING, M.; LYONS, E.; PEDERSEN, B.; ALAM, M.; MING, R.; LISCH, D. Many or most genes in *Arabidopsis* transposed after the origin of the order *Brassicales*. **Genome Res.** 18(12), p. 1924–37. 2008.

FULNECEK, J.; KOVARIK, A. How to interpret Methylation Sensitive Amplified Polymorphism (MSAP) profiles? **BMC Genetics**, 15, p. 2–9. 2014.

GENT, J. I.; ELLIS, N. A.; GUO, L.; HARKESS, A. E.; YAO, Y.; ZHANG, X.; DAWE, R. K. CHH islands: de novo DNA methylation in near-gene chromatin regulation in maize. **Genome Res.** 23, p. 628–37. 2013.

GIBBS, A. J.; OHSHIMA, K.; PHILLIPS, M. J.; GIBBS, M. J. The prehistory of potyviruses: their initial radiation was during the dawn of agriculture. **PLoS ONE** 3, e2523. 2008.

GILL, S. S.; TUTEJA, N. Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants. **Plant Physiol. Biochem.** 48, p. 909–930. 2010. Disponível em: <10.1016/j.plaphy.2010.08.016>.

GÓMEZ-DÍAZ, E., JORDÀ, M., PEINADO, M.A. & RIVERO, A. Epigenetics of host–pathogen interactions: the road ahead and the road behind. **PLoS Pathog** 8, e1003007. 2012.

GONÇALVES, M. C.; PINTO, L. R.; SOUZA, S. C.; LANDELL, M. G. A. Virus Diseases of Sugarcane. A Constant Challenge to Sugarcane Breeding in Brazil. **Functional Plant Science & Biotechnology** 6, p. 108-116. 2012.

GONÇALVES, M. C.; SANTOS, A. S.; MAIA, L. G.; CHAGAS, C. M.; HAKAKAVA, R. Caracterização de um isolado do *Sugarcane mosaic virus* que quebra a resistência de variedades comerciais de cana-de-açúcar. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 32, n. 1, p. 32-39, 2007.

GONÇALVES, M.C.; MOREIRA, Y. J. C. B.; MAIA, I. G.; SANTOS, A. S.; FANTIN, G. M.; CHAVES, A. Identificação e caracterização de isolados pertencentes ao subgrupo do Sugarcane mosaic virus no estado de São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, 29, p. 129-129, 2004.

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.; MAUCELI, 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. **Nat. Biotechnol.** 29, p. 644–652. 2011.

GRANGEON, R., JIANG, J., WAN, J., AGBECI, M., ZHENG, H. & LALIBERTE´, J. F. 6K2-induced vesicles can move cell to cell during turnip mosaic virus infection. **Front Microbiol** 4, 351. 2013.

GRATIVOL, C.; REGULSKI, M.; BERTALAN, M.; MCCOMBIE, W. R.; DA SILVA, F. R.; ZERLOTINI, N. 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 J** 79, p. 162-172. 2014.

GREAVES I. K; GROSZMANN, M.; YING, H.; TAYLOR, J. M.; PEACOCK, W. J.; DENNIS, E. S. Trans chromosomal methylation in Arabidopsis hybrids. **Proc Natl Acad Sci USA** 109(9), p. 3570–3575. 2012.

GRECO, M.; CHIAPPETTA, A.; BRUNO, L.; BITONTI, M. B. In *Posidonia oceanica* cadmium induces changes in DNA methylation and chromatin patterning. **Journal of Experimental Botany**, 63, p. 695–709. 2012.

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

GRIVET, L.; DANIELS, C.; GLASZMANN, J. C.; D'HONT, A. A review of recent molecular genetics evidence for sugarcane evolution and domestication. **Ethnobotany Research and Application**, Honolulu, v. 2, p. 9–17, 2004.

GUIMARÃES, C. T. ;HONEYCUTT,R. J. ;SILLS,G. R.;SOBRAL,B. W. S. Genetic maps of *Saccharumofficinarum* L. and *Saccharumrobustum*. **Genet.Mol.Biol.**, 22, p. 125–132. 1999. Disponível em: <10.1590/S1415-47571999000100024>.

GUIMARÃES, C. T.; SILLS, G. R.; SOBRAL, B. W. S. Comparative mapping of Andropogoneae: *Saccharum* L. (sugarcane) and its relation to sorghum and maize. *Proc Natl Acad Sci.*, 94, p.14261–14266. 1997.

GUO, H. M.; LI Z. C.; ZHOU M. L.; CHENG H. M. cDNA-AFLP analysis reveals heat shock proteins play important roles in mediating cold, heat, and drought tolerance in *Ammopiptanthus mongolicus*. **Funct Integr Genomics** 14(1), p. 127–133. 2014.

GUSBERTI, M.; GESSLER, C.; BROGGINI, G. A. RNA-Seq Analysis Reveals Candidate Genes for Ontogenic Resistance in *Malus-Venturia* Pathosystem. **PLoS One** 8: e78457. 2013.

HA, S.; MOORE, P.H.; HEINZ, D.; KATO, S.; OHMIDO, N.; FUKUI, K. Quantitative chromosome map of the polyploid *Saccharum spontaneum* by multicolor fluorescence in situ hybridization and imaging methods. **Plant Mol Biol**, 39, p. 1165–1173. 1999.

HAO, W., COLLIER, S. M., MOFFETT, P.; CHAI, J. Structural basis for the interaction between the potato virus X resistance protein (Rx) and its cofactor Ran GTPase-activating protein 2 (RanGAP2). **J. Biol. Chem.** 288, p. 35868–35876. 2013. Disponível em: <10.1074/jbc.M113.517417>.

HARRISON, A.; PARLE-MCDERMOTT, A. DNA methylation: a timeline of methods and applications. **Front Genet.** v. 2 p. 1-13. 2011.

HASHIDA, S. N.; UCHIYAMA, T.; MARTIN, C.; KISHIMA, Y.; SANO, Y.; MIKAMI, T. The temperature-dependent change in methylation of the *Antirrhinum* transposon Tam3 is controlled by the activity of its transposase. **Plant Cell.** 18, p. 104–118. 2006.

HAYASHIZAKI, Y.; SHIBATA, H.; HIROTSUNE, S.; SUGINO, H.; OKAZAKI, Y.; SASAKI, N.; HIROSE, K.; IMOTO, H.; OKUIZUMI, H.; MURAMATSU, M.; KOMATSUBARA, H.; SHIROISHI, T.; MORIWAKI, K.; KATSUKI, M.; HATANO, N.; SASAKI, H.; UEDA, T.; MISE, N.; TAKAGI, N.; PLASS, C.; CHAPMAN, V. M. Identification of an imprinted U2af binding protein-related sequence on mouse chromosome using the RLGS method. **Nat Genet** 6, p. 33–40, 1994.

HÄMÄLÄINEN, J.H., KEKARAINEN, T., GEBHARDT, C., WATANABE, K. N.; VALKONEN, J. P. Recessive and dominant genes interfere with the vascular transport of potato virus A in diploid potatoes. **Mol. Plant Microbe Interact.** 13, p. 402–412. 2000. Disponível em: <10.1094/MPMI.2000.13.4.402>.

HE, F.; TAKASHI, U.; SAITO, K.; TAKUSHI, H.; WATANABE, S.; YABUKI, T.; KIGAWA, T.; TAKAHASHI, M.; KUWASAKO, K.; TSUDA, K.; MATSUDA, T.; AOKI, M.; SEKI, E.; KOBAYASHI, N.; GÜNTERT, P.; YOKOYAMA, S.; MUTTO, Y. Structural insight into the Zinc Finger CW domain as a histone modification reader. **Structure**, 8;18(9), p. 1127–1139. 2010. Disponível em: <10.1016/j.str.2010.06.012>.

HERMAN, J.G.; GRAFF, J.R.; MYOHANEN, S.; NELKIN, B.D.; BAYLIN, S.B. Methylation-specific PCR: a novel PCR assay for methylation status of CpG islands. **Proc Natl Acad Sci USA** 93, p. 9821–9826. 1996.

HERRERA, C. M.; BAZAGA, P. Untangling individual variation in natural populations: ecological, genetic and epigenetic correlates of long-term inequality in herbivory. **Molecular Ecology**, 20, p. 1675–1688. 2011.

HERRERA, C. M., BAZAGA P. Epigenetic differentiation and relationship to adaptive genetic divergence in discrete populations of the violet *Viola cazorlensis*. **New Phytologist**, 187, p. 867–876. 2010.

HOLESKI, L.M.; JANDER, G.; AGRAWAL, A.A. Transgenerational defense induction and epigenetic inheritance in plants. **Trends Ecol Evol**, 2012.

HONG, Y.; HUNT, A. G. RNA polymerase activity catalyzed by a potyvirus-encoded RNA-dependent RNA polymerase. **Virology** 226, p.146–151. 1996.

HOTTA, C. T.; LEMBKE, C. G.; DOMINGUES, D. S.; OCHOA, E. A.; CRUZ, M. Q.; MELOTTO-PASSARIN, D. M.; MARCONI, T. G.; SANTOS, M. O.; MOLLINARI, M.; MARGARIDO, R. A.; CRIVELLARI, A. C.; SANTOS, W. D.; AMANDA, P.; HOSHINO, A. A.; CARRER, H.; ANETE, P.; GARCIA, A.F.; BUCKERIDGE, M. S.; MENOSSI, M.; VAN SLUYS, M.A.; GLAUCIA, M. The biotechnology roadmap for sugarcane improvement. **Trop Plant Biol** 3, p. 75–87. 2010.

HUA, Z.; ZOU, C.; SHIU, S. H.; VIERSTRA, R. D. Phylogenetic comparison of F-Box (FBX) gene superfamily within the plant kingdom reveals divergent evolutionary histories indicative of genomic drift. **PLoS ONE** 6:e16219. 2011.

HUANG, T.H.; LAUX, D.E.; HAMLIN, B.C.; TRAN, P.; TRAN, H.; LUBAHN, D.B. Identification of DNA methylation markers for human breast carcinomas using the methylation-sensitive restriction fingerprinting technique. **Cancer Res** 57, p. 1030–1034, 1997.

HUANG, T.H.; PERRY, M.R.; LAUX, D.E. Methylation profiling of CpG islands in human breast cancer cells. **Hum Mol Genet** 8, p. 459–470, 1999.

HUBANK, M.; SCHATZ, D. G. Identifying differences in mRNA expression by representational difference analysis of cDNA. **Nucleic Acids Research**, vol. 22, no. 25, p. 5640–5648. 1994.

IRVINE, J. E. *Saccharum* species as horticultural classes. **Theor Appl Genet** 98, p. 186–194. 1999.

IVANOV, K. I.; ESKELIN, K.; LÖHMUS, A.; MÄKINEN, K. Molecular and cellular mechanisms underlying potyvirus infection. **J. Gen. Virol.** 10.1099/vir.0.064220-0. 10 April 2014.

IWASAKI, M.; PASZKOWSKI, J. Identification of genes preventing transgenerational transmission of stress-induced epigenetic states. **Proc Natl Acad Sci U S A** 111, p. 8547–52. 2014.

JALMI S. K., SINHA A. K. Functional involvement of a mitogen activated protein kinase module, OsMKK3-OsMPK7-OsWRK30 in mediating resistance against *Xanthomonas oryzae* in rice. **Scientific Reports** 6: 37974. 2016.

JIA, F.; WU, B.; LI, H.; HUANG, J.; ZHENG, C. Genome-wide identification and characterisation of F-box family in maize. **Mol Genet Genomics** 288, p. 559–577. 2013.

JING, Y.; LIN, R. The VQ Motif-Containing Protein Family of Plant-Specific Transcriptional Regulators. *Plant Physiol.*, 169(1), p. 371–378. 2015. Disponível em: <10.1104/pp.15.00788>.

JONES, J. D. G.; DANGL, J. L. The plant immune system. **Nature** 444, p. 323–329. 2006.

JOSHI, R. K.; NAYAK S. Perspectives of genomic diversification and molecular recombination towards R-gene evolution in plants. **Physiol Mol Biol Plants** 19(1), p. 1–9. 2013.

JULIO, E.; COTUCHEAU, J.; DECORPS, C.; VOLPATTI, R.; SENTENAC, C.; CANDRESSE, T.; DE BORNE, F. D. A eukaryotic translation initiation factor 4E (eIF4E) is responsible for the “va” tobacco recessive resistance to potyviruses. **Plant Mol. Biol. Rep.**, v. 33, p. 609-623. 2014. Disponível em: < 10.1007/s11105-014-0775-4>.

KADER, M. A.; LINDBERG, S. Cytosolic calcium and pH signaling in plants under salinity stress. **Plant Signal Behav** 5, p.233–238. 2010.

KANKEL, M. W.; RAMSEY, D. E.; STOKES, T. L.; FLOWERS, S. K.; HAAG, J. R.; JEDDELOH, J. A.; RIDDLE, N. C.; VERBSKY, M. L.; RICHARDS, E. J. Arabidopsis MET1 cytosine methyltransferase mutants. *Genetics* 163, p. 1109–1122. 2003.

KARLSSON M, WEBER W, FUSSENEGGER M. *De novo* design and construction of an inducible gene expression system in mammalian cells. **Methods Enzymol** 497, p. 239–253. 2011.

KASCHANI, F., SHABAB, M., BOZKURT, T., SHINDO, T., SCHORNACK, S., GU C.; ILYAS, M.; WIN, J.; KAMOUN, S.; VAN DER HOORN, R. A. An effector-targeted protease contributes to defense against *Phytophthora infestans* and is under diversifying selection in natural hosts. **Plant Physiol.** 154(4), p. 1794–804. 2010.

KAUR, J.; SEBASTIAN, J.; SIDDIQI, I. The *Arabidopsis*-mei2-like genes play a role in meiosis and vegetative growth in *Arabidopsis*. **Plant Cell.** 18, p. 545–559. 2006.

KEYTE, A.L.; PERCIFIELD, R.; LIU, B.; WENDEL, J. F. Intraspecific DNA methylation polymorphism in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **J Hered**; 97(5), p. 444–50. 2006.

KNIGHT, H.; KNIGHT, M. R. Abiotic stress signaling pathways: specificity and cross-talk. **TrendsPlantSci.**, 6, p. 262–267. 2001. Disponível em: <10.1016/S1360-1385(01)01946-X>.

KOIKE, H.; GILLASPIE, A. G. Mosaic. In: RICAUD, C.; EGAN, B. T.; GILLASPIE, A. G.; HUGHES, C. G. (EDS). **Diseases of Sugarcane—Major Diseases**. Science Publishers, Amsterdam, p. 301-322. 1989.

KOVALCHUK, I.; KOVALCHUK, O.; KALCK, V.; BOYKO, V.; FILKOWSKI, J.; HEINLEIN, M.; HOHN, B. Pathogen-induced systemic plant signal triggers DNA rearrangements. **Nature** 423(6941), p. 760–2. 2003.

KUDLA, J.; XU, Q.; HARTER, K.; GRUISSEM, W.; LUAN, S. Genes for calcineurin B-like proteins in Arabidopsis are differentially regulated by stress signals. **Proc Natl Acad Sci U S A** 96, p. 4718–4723. 1999.

KURODA, H.; TAKAHASHI, N.; SHIMADA, H.; SEKI, M.; SHINOZAKI, K.; MATSUI, M. Classification and expression analysis of Arabidopsis F-boxcontaining protein genes. **Plant Cell Physiol** 43, p. 1073–1085. 2002.

LAIRD, P.W. Principles and challenges of genomewide DNA methylation analysis. **Nature Reviews Genetics**, 11, p. 191–203. 2010.

LAKSHMANAN, P.; GEIJSKES, R. J.; AITKEN, K. S.; GROF, C. L. P.; BONNETT, G. D.; SMITH, G. R. Invited review: Sugarcane biotechnology: the challenges and opportunitis. **In Vitro Cell Developmental Biology Plant**, v.41, p. 345-63, 2005.

LAMMERINK, J.; MACGIBBON, D. B.; WALLACE, A. R. Effect of the cabbage aphid (*Brevicoryne brassicae*) on total glucosinolate in the seed of oilseed rape (*Brassica napus*). **N. Z. J. Agr. Res.** 27, p. 89–92, 1984.

LANDELL, M. G. de A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC 2008. Cap. 5, p. 101-127, 149.

LAW, J. A., JACOBSEN S. E. Establishing, maintaining and modifying DNA methylation patterns in plants and animals. **Nat Rev Genet.** 11, p. 204–20. 2010.

LECHNER, E.; ACHARD, P.; VANSIRI, A.; POTUSCHAK, T.; GENSHIK, P. F-box proteins everywhere. **Curr Opin Plant Biol** 9, p. 631–638. 2006.

LE CUNFF, L.; GARSMEUR, O.; RABOIN, L. M.; PAUQUET, J.; TELISMART, H.; SELVI, A.; GRIVET, L.; PHILIPPE, R.; BEGUM, D.; DEU, M.; COSTE, L.; WING, R.; GLASZMANN, J. C.; D'HONT, A. Diploid/polyploid syntenic shuttle mapping and haplotype-specific chromosome walking toward a rust resistance gene (Bru1) in highly polyploid sugarcane (2n approximately 12x approximately 115). **Genetics**, 180, p. 649–60. 2008.

LEI, C. P.; JIUN, K. S.; CHOO, C. S.; SINGH, R. Analysis of tissue culture-derived regenerants using methylation sensitive AFLP. **As. Pac. J. Mol. Biol. Biotechnol.**, v.14 (2), p. 47-55. 2006.

LEWIS, J. D.; LAZAROWITZ, S. G. Arabidopsis synaptotagmin SYTA regulates endocytosis and virus movement protein cell-to-cell transport. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 107, p. 2491–2496. 2010.

LI, X. H.; VALDEZ, P.; OLVERA, R. E.; CARRINGTON, J. C. Functions of the tobacco etch virus RNA polymerase (NIb): subcellular transport and protein–protein interaction with VPg/proteinase (NIa). **J Virol** 71, p.1598–1607. 1997.

LI, Q.; WANG, X.; SUN, H.; ZENG, J.; CAO, Z.; LI, Y.; QIAN, W. Regulation of Active DNA Demethylation by a Methyl-CpG-Binding Domain Protein in *Arabidopsis thaliana*. **Plos Genet.** 1;11(5):e1005210. 2015. Disponível em: <10.1371/journal.pgen.1005210>.

LICAUSI, F.; OHME-TAKAGI, M.; PERATA, P. APETALA2/Ethylene Responsive Factor (AP2/ERF) transcription factors: mediators of stress responses and developmental programs. *New Phytol.*, 199, p. 639–649 .2013. Disponível em: < 10.1111/nph.12291>.

LIRA-MEDEIROS, C. F.; PARISOD, C.; FERNANDES, R. A.; MATA, C. S.; CARDOSO, M. A.; FERREIRA, P. C. G. Epigenetic variation in mangrove plants occurring in contrasting natural environment. **PLoS ONE**, 5, e10326. 2010.

LOVE, A. J.; LAVAL, V.; GERI, C.; LAIRD, J.; TOMOS, A.D.; HOOKS, M. A.; MILNER, J. J. Components of Arabidopsis defense- and ethylene-signaling pathways regulate susceptibility to cauliflower mosaic virus by restricting long-distance movement. **Mol. Plant Microbe Interact.** 20, p. 659–670. 2007. Disponível em: <10.1094/MPMI-20-6-0659>.

MA, H.M.; SCHULZE, S.; LEE, S.; YANG, M.; MIRKOV, E.; IRVINE, J.; MOORE, PATERSON A. An EST survey of the sugarcane transcriptome. **Theor Appl Genet** 108, p. 851–863. 2004.

MANNERS, J. M.; CASU R. E. Transcriptome analysis and functional genomics of sugarcane. **Trop Plant Biol**, 4, p. 9-21. 2011.

MARCONI, G.; PACE, R.; TRAINI, A.; RAGGI, L.; LUTTS, S.; CHIUSANO, M.; GUIDUCCI, M.; FALCINELLI, M.; BENINCASA, P.; ALBERTINI, E. Use of MSAP Markers to Analyse the Effects of Salt Stress on DNA Methylation in Rapeseed (*Brassica napus* var. *oleifera*). **PLoS ONE** 8(9): e75597. pmid:24086583. 2013.

MARTÍNEZ, F.; RODRIGO, G.; ARAGONÉS, V.; RUIZ, M; RODRIGO, G.; ARAGONÉS, V.; RUIZ, M.; LODEWIJK, I.; FERNÁNDEZ, U.; ELENA, S., F.; DARÒS, J., A. Interaction network of tobacco etch potyvirus NIa protein with the host proteome during infection. **BMC Genomics** 17, 87. 2016. Disponível em: <10.1186/s12864-016-2394-y>.

MATZKE, M. A.; MOSHER, R. A. RNA-directed DNA methylation: an epigenetic pathway of increasing complexity. **Nature Rev. Genet.** 15, p. 394–408, 2014.

MAUNAKEA, A. K.; NAGARAJAN, R. P.; BILENKY, M.; BALLINGER, T. J.; D'SOUZA, S.; FOUSE, S. D.; JOHNSON, B. E.; HONG, C.; NIELSEN, C.; ZHAO, Y.; TURECKI, G.; DELANEY, A.; VARHOL, R.; THIESSEN, N.; SHCHORS, K.; HEINE, V. M.; ROWITCH, D. H.; XING, X.; FIORE, C.; SCHILLEBEECKX, M.; JONES, S. J. M.; HAUSSLER, D.; MARRA, M. A.; HIRST, M.; WANG, T.; COSTELLO, J. F. Conserved role of intragenic DNA methylation in regulating alternative promoters. **Nature** 466(7303), p. 253–257. 2010.

MCGREW, M.J.; ROSENTHAL, N. Quantitation of genomic methylation using ligation-mediated PCR. **Biotechniques** 15, p. 722–729, 1993.

MEDEIROS, C. N. F.; GONCALVES, M. C.; HARAKAVA, R.; CRESTE, S.; NOBILE, P. M.; PINTO, L. R.; PERECIN, D.; LANDELL, M. G. A. Sugarcane transcript profiling assessed by cDNA-AFLP analysis during the interaction with *Sugarcane mosaic virus*. **Adv Microbiol** 4, p. 511–520. 2014.

MEDRANO, M.; HERRERA, C. M.; BAZAGA, P. Epigenetic variation predicts regional and local intraspecific functional diversity in a perennial herb. **Molecular Ecology**, 23, p. 4926–4938. 2014.

MEDVEDEVA, Y.A.; KHAMIS, A.M.; KULAKOVSKIY, I.V.; BA-ALAWI, W.; BHUYAN, M.S.; KAWAJI, H.; LASSMANN, T.; HARBERS, M.; FORREST, A.R.; BAJIC, V.B.; CONSORTIUM, F. Effects of cytosine methylation on transcription factor binding sites. **BMC Genomics** 15(1):119, 2014

MEDZHITOV, R.; JANEWAY, C.A., Jr. Innate immunity: The virtues of a nonclonal system of recognition. **Cell** 91, p. 295–298. 1997.

MELOTTO, M.; UNDERWOOD, W.; KOCZAN, J.; NOMURA, K.; HE, S. Y. Plant stomata function in innate immunity against bacterial invasion. **Cell** 126, p.969–980. 2006. Disponível em: <10.1016/j.cell.2006.06.054>.

MERITS, A.; GUO, D.; JARVEKU, L. G., L.; SAARMA, M. Biochemical and genetic evidence for interactions between *potato A potyvirus* encoded proteins P1 and P3 and proteins of the putative replication complex. **Virology** 263, p.15–22. 1999.

MERITS, A.; RAJAMA, K.I, M. L.; LINDHOLM, P.; RONEBERG-ROOS, P.; KEKARAINEN, T.; PUUSTINEN, P.; MA KELAINEN, K.; VALKONEN, J. P. ; SAARMA, M. Proteolytic processing of potyviral proteins and polyprotein processing intermediates in insect and plant cells. **J Gen Virol** 83, p.1211–1221. 2002.

MEYERS, B. C. Genome-wide analysis of NBS-LRR-encoding genes in Arabidopsis. **Plant Cell**. 15(4), p. 809–34. 2003.

MING, R.; LIU, S-C; LIN, Y-R; DA SILVA, J.; WILSON, W.; BRAGA, D.; VAN DEYNZE, A.; WENSLAFF, T. F.; WU, K. K.; MOORE, P. H.; BURNQUIST, W.; SORRELLS, M. E.; IRVINE, J. E.; PATERSON, A. H. Detailed alignment of *Saccharum* and *Sorghum* Chromosomes: Comparative organisation of closely related diploid and polyploidy genomes. **Genetics** 150, p. 1663–1682. 1998.

MIROUZE, M.; PASZKOWSKI, J. Epigenetic contribution to stress adaptation in plants. **Curr Opin Plant Biol.** 14, p. 267–74. 2011.

MOFFETT, P. Mechanisms of recognition in dominant R gene mediated resistance. **Adv. Virus Res.** 75, p. 1–33. 2009. Disponível em: <10.1016/S0065-3527(09)07501-0>.

MOGHADAM, P. K.; JACKSON, M. B. The functional significance of synaptotagmin diversity in neuroendocrine secretion. **Front. Endocrinol.** 4:124. 2013.

MOHR, P. G.; CAHILL, D. M. Abscisic acid influences the susceptibility of *Arabidopsis thaliana* to *Pseudomonas syringae* pv. Tomato and *Peronospora parasitica*. **Funct.PlantBiol** 30, p. 461–469. 2003. Disponível em:< 10.1071/FP02231>.

MONAGHAN, J.; ZIPFEL, C. Plant pattern recognition receptor complexes at the plasma membrane. **Curr Opin Plant Biol.** 15(4), p. 349–57. 2012.

MORAIS, L. K.; AGUIAR, M., S.; ALBUQUERQUE E SILVA, P.; CÂMARA, T., M., M.; CURSI, D., E.; FERNANDES JÚNIOR, A., R.; CHAPOLA, R., G.; CARNEIRO, M., S.; BESPALHOK FILHO, J.,C. Breeding of Sugacane. In: CRUZ, V., M., V.; DIERIG, D., A. (EDS). **Industrial Crops: Breeding for BioEnergy and Bioproducts**. Springer, p. 29-42. 2015.

MORALES-RUIZ T, ORTEGA-GALISTEO AP, PONFERRADA-MARIN MI, MARTINEZ- MACIAS MI, ARIZA RR, ROLDAN-ARJONA T. DEMETER and REPRESSOR OF SILENCING 1 encode 5-methylcytosine DNA glycosylases. **Proc Natl Acad Sci USA** 103, p. 6853–6858. 2006.

MUKHERJEE, S. K. Origin and distribution of *Saccharum*. **Botanical Gazette** 19, p. 55- 61. 1957.

MULLER, K.; DOUBNEROVA, V.; SYNKOVA, H.; CEROVSKA, N.; RYSLAVA, H. Regulation of phosphoenolpyruvate carboxylase in PVYNTN-infected tobacco plants, **Biol. Chem.** 390, p. 245–251. 2009.

NARUSAKA, Y.; NARUSAKA, M.; SEKI, M.; UMEZAWA, T.; ISHIDA, J.; NAKAJIMA, M.; ENJU, A.; SHINOZAKI, K. Crosstalk in the responses to abiotic and biotic stresses in Arabidopsis: analysis of gene expression in cytochrome P450 gene superfamily by cDNA microarray. **Plant Mol. Biol.** 55, p. 327–342. 2004.

NICAISE, V. Crop immunity against viruses: outcomes and future challenges. **Front. Plant Sci.** 5, 660. 2014.

NICAISE, V.; CANDRESSE, T. *Plum pox virus* capsid protein suppresses plant pathogen-associated molecular pattern (PAMP)-triggered immunity. **Mol Plant Pathol**, 18 p. 878–886. 2017.

NICAISE, V.; GERMAN-RETANA, S.; SANJUÁN, R.; DUBRANA, M.; MAZIER, M.; MAISONNEUVE, B.; CANDRESSE, T.; CARANTA, C.; LEGALL, O. The eukaryotic translation initiation factor 4E controls lettuce susceptibility to the potyvirus lettuce mosaic virus. **Plant Physiol.** 132, p. 1272–1282. 2003. Disponível em: <10.1104/pp.102.017855.1>.

NISHIYAMA, M. Y. Jr; VICENTE, F. F. R.; LEMBKE, C. G.; SATO, P. M.; DAL-BIANCO, M. L.; FANDINˆO, R. A.; HOTTA, C. T.; SOUZA, G. M. The SUCEST-FUN regulatory network database: designing and energy grass. **International Society of Sugarcane Technologists.** 2010.

NURNBERGER, T.; BRUNNER, F. Innate immunity in plants and animals: emerging parallels between the recognition of general elicitors and pathogen-associated molecular patterns. **Curr. Opin. Plant Biol.** 5, p. 318–324. 2002.

NURUZZAMAN, M.; SHARONI, A. M.; KIKUCHI, S. Roles of NAC transcription factors in the regulation of biotic and abiotic stress responses in plants. **Front Microbiol.**, 3;4:248. 2013. Disponível em: <10.3389/fmicb.2013.00248>.

O'LEARY, B.; PARK, J.; PLAXTON, W.C. The remarkable diversity of plant PEPC (phosphoenolpyruvate carboxylase): Recent insights into the physiological functions and post-translational controls of nonphotosynthetic PEPCs. **Biochem J.** 436, p. 15–34. 2011.

OKA, K.; KOBAYASHI, M.; MITSUHARA, I.; SEO, S. Jasmonic acid negatively regulates resistance to tobacco mosaicvirus in tobacco. **Plant Cell Physiol.** 54, p. 1999–2010. 2013. Disponível em: <10.1093/pcp/pct137>.

OKURA, V. K.; DE SOUZA, R. S.; DE SIQUEIRA TADA, S. F.; ARRUDA, P. BAC-Pool Sequencing and Assembly of 19 Mb of the Complex Sugarcane Genome. **Frontiers in plant science** 7, p. 342. 2016. Disponível em: <10.3389/fpls.2016.00342>.

OLIVEIRA, K. M.; PINTO, L. R.; MARCONI, T. G.; MARGARIDO, G. R. A.; PASTINA, M. M.; TEIXEIRA, L. H. M.; FIGUEIRA, A. V.; ULIAN, E. C.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, A. P. Functional integrated genetic linkage map based on EST-markers for a sugarcane (*Saccharum* spp.) commercial cross. **Mol Breed** 20, p.189–208. 2007. Disponível em: < 10.1007/s11032-007-9082-1>.

OUIBRAHIM, L., MAZIER, M., ESTEVAN, J., PAGNY, G., DECROOCCQ, V., DESBIEZ, C.; MORETTI, A.; GALLOIS, J. L.; CARANTA, C. Cloning of the Arabidopsis rwm1 gene for resistance to watermelon mosaic virus points to a new function for natural virus resistance genes. **Plant J.** 79, p. 705–716. 2014. Disponível em: <10.1111/tpj.12586>.

PALHARES, A.C.; RODRIGUES-MORAIS, T. B.; VAN SLUYS, M. A.; DOMINGUES, D. S.; MACCHERONI, W.; JORDÃO, H.; SOUZA, A. P.; MARCONI, T. G.; MOLLINARI, M.; GAZAFFI, R.; GARCIA, A. A. F.; CARNEIRO VIEIRA, M. L. A novel linkage map of sugarcane with evidence for clustering of retrotransposon-based markers. **BMC Genet** 13:51. 2012. Disponível em: < 10.1186/1471-2156-13-51>.

PANDEY, P.; RAMEGOWDA, V.; SENTHIL-KUMAR, M. Shared and unique responses of plants to multiple individual stresses and stress combinations: physiological and molecular mechanisms. **Front. Plant Sci.** 6:723. 2015. Disponível em: <10.3389/fpls.2015.00723>.

PAPA, C. M.; SPRINGER, N. M.; MUSZYNSKI, M. G.; MEELEY, R.; KAEPLER, S. M. Maize chromomethylase *Zea methyltransferase2* is required for CpNpG methylation. **Plant Cell**, 13, p. 1919–1928. 2001.

PAPINI-TERZI, F. S.; ROCHA, F. R.; VENCIO, R. Z.; OLIVEIRA, K. C.; FELIX, J. de M.; VICENTINI, R.; ROCHA, C. de S.; SIMOES, A. C.; ULIAN, E. C.; DI MAURO, S. M.; DA SILVA, A. M.; PEREIRA, C. A.; MENOSSI, M.; SOUZA, G. M. Transcription profiling of signal transduction-related genes in sugarcane tissues. **DNA Res** 12, p. 27-38. 2005.

PAPINI-TERZI, F. S.; ROCHA, F. R.; VENCIO, R. Z.; FELIX, J. M.; BRANCO, D. S.; WACLAWOVSKY, A. J.; DEL BEM, L. E. V.; LEMBKE, C. G.; COSTA, M. D. L.; NISHIYAMA, M. Y.; VICENTINI, R.; VINCENTZ, M. G. A.; ULIAN, E. C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G. M. Sugarcane genes associated with sucrose content. **BMC Genomics** 10:120. 2009.

PARIDA, S. K.; PANDIT, A.; GAIKWAD, K.; SHARMA, T. R.; SRIVASTAVA, P. S.; SINGH, N. K.; MOHAPATRA, T. Functionally relevant microsatellites in sugarcane unigenes. **BMC Plant Biol** 10: 251. 2010.

PARK, C. J.; SEO, Y. S. Heat Shock Proteins: A Review of the Molecular Chaperones for Plant Immunity. *Plant Pathol J.*, 31(4), p. 323–333. 2015. Disponível em: <10.5423/PPJ.RW.08.2015.0150>.

PATERSON, A. H.; BOWERS, J. E.; BRUGGMANN, R.; DUBCHAK, I.; GRIMWOOD, J.; GUNDLACH, H.; HABERER, G.; HELLSTEN, U.; MITROS, T.; POLIAKOV, A.; SCHMUTZ, J.; SPANNAGL, M.; TANG, H.; WANG, X.; WICKER, T.; BHARTI, A. K.; CHAPMAN, J.; FELTUS, F. A.; GOWIK, U.; GRIGORIEV, I. V.; LYONS, E.; MAHER, C. A.; MARTINS, M.; NARECHANIA, A.; OTILLAR, R. P.; PENNING, B. W.; SALAMOV, A. A.; WANG, Y.; ZHANG, L.; CARPITA, N. C.; FREELING, M.; GINGLE, A. R.; HASH, C. T.; KELLER, B.; KLEIN, P.; KRESOVICH, S.; MCCANN, M. C.; MING, R.; PETERSON, D. G.; MEHBOOB-UR-RAHMAN; WARE, D.; WESTHOFF, P.; MAYER, K. F.; MESSING, J.; ROKHSAR, D. S. The *Sorghum bicolor* genome and the diversification of grasses. **Nature** 457, p. 551–556. 2009. Disponível em: <10.1038/nature07723>.

PAUN, O.; BATEMAN, R. M.; FAY, M. F.; HEDRÉN, M.; CIVEYREL, L.; CHASE, M. W. Stable epigenetic effects impact adaptation in allopolyploid orchids (*Dactylorhiza*: Orchidaceae). **Molecular Biology and Evolution**, 27, p. 2465–2473. 2010.

PENG, H.; ZHANG, J. Plant genomic DNA methylation in response to stresses: potential applications and challenges in plant breeding. **Proc Natl Acad Sci U S A** 19, p. 1037–1045, 2009.

PENTERMAN, J.; ZILBERMAN, D.; HUH, J. H.; BALLINGER, T.; HENIKOFF, S.; FISCHER, R. L. DNA demethylation in the Arabidopsis genome. **Proc Natl Acad Sci USA** 104, p. 6752–6757. 2007.

PERERA, M.F.; FILIPPONE, M.P.; RAMALLO, C.J.; CUENYA, M.I.; GARCÍA, M.L.; PLOPER, L.D.; CASTAGNARO, A.P. Genetic diversity among viruses associated with sugarcane mosaic disease in Tucumán, Argentina. **Phytopathology**, v.99, p. 38-49, 2009.

PÉREZ-FIGUEROA A. msap: a tool for the statistical analysis of methylation-sensitive amplified polymorphism data. **Molecular Ecology Resources**. 2013 Disponível em: <10.1111/1755-0998.12064>.

PERRY, J.; ZHAO, Y. The CW domain, a structural module shared amongst vertebrates, vertebrate-infecting parasites and higher plants. **Trends Biochem. Sci.** 28, p. 576-580. 2003.

PESTOVA, T. V.; KOLUPAEVA, V. G.; LOMAKIN, I. B.; PILIPENKO, E. V.; SHATSKY, I. N.; AGOL, V. I.; HELLEN, C. U. Molecular mechanisms of translation initiation in eukaryotes. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 98, p. 7029–7036. 2001. Disponível em: <10.1073/pnas.111145798>.

PFAFFL, M.W. A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. **Nucleic Acids Res.** , 29:E45. 2001.

PFAFFL, M. W.; HORGAN, G. W.; DEMPFLER, L. Relative expression software tool (REST) for group-wise comparison and statistical analysis of relative expression results in real-time PCR. **Nucleic Acids Res** 30, e36. 2002.

PICHLMAIR, A.; KANDASAMY, K.; ALVISI, G.; MULHERN, O.; SACCO, R.; HABJAN, M.; BINDER, M.; STEFANOVIC, A.; EDERLE, C. A.; GONÇALVES, A.; BURCKSTUMMER, T.; MULLER, A. C.; FAUSTER, A.; HOLZE, C.; LINDSTEN, K.; GOODBOURN, S.; KOCHS, G.; WEBER, F.; BARTENSCHLAGER, R.; BOWIE, A. G.; BENNETT, K. L.; COLINGE, J.; SUPERTI-FURGA, G. Viral immune modulators perturb the human molecular network by common and unique strategies. **Nature** 487, p.486–90. 2012. Disponível em: <10.1038/nature11289>.

PIKAARD, C. S.; MITTELSTEN SCHEID, O. Epigenetic regulation in plants. *Cold Spring Harb Perspect Biol.*, 1;6(12):a019315. 2014. Disponível em: <10.1101/cshperspect.a019315>.

PIPERIDIS, N.; JACKSON, P.A.; D'HONT, A., BESSE, P.; HOARAU, J. Y.; COURTOIS, B.; AITKEN, K. S.; MCINTYRE, C. L. Comparative genetics in sugarcane enables structured map enhancement and validation of marker–trait associations. **Mol Breed** 21, p. 233-247. 2008.

PLONGTHONGKUM, N.; DIEP, D. H.; ZHANG, K. Advances in the profiling of DNA modifications: cytosine methylation and beyond. **Nat Rev Genet** 15, p. 647–661. 2014.

POULIN, R.; THOMAS, F. Epigenetic effects of infection on the phenotype of host offspring: parasites reaching across host generations. **Oikos** 117, p. 331–335, 2008.

PRASCH, C. M. & SONNEWALD, U. Simultaneous application of heat, drought, and virus to *Arabidopsis* plants reveals significant shifts in signaling networks. **Plant Physiol** 162, p.1849–1866. 2013.

RABOIN, L. M.; OLIVEIRA, K. M.; LECUNFF, L.; TELISMART, H.; ROQUES, D.; BUTTERFIELD, M.; HOARAU, J. Y.; D'HONT, A. Genetic mapping in sugarcane, a high polyploidy, using bi-parental progeny: identification of a gene controlling stalk colour and a new rust resistance gene. **Theor Appl Genet** 113, p.1382–1391. 2006. Disponível em: < 10.1007/s00122-006-0240-3>.

RAIRDAN, G. J., COLLIER, S. M., SACCO, M. A., BALDWIN, T. T., BOETTRICH, T., ANDMOFFETT, P. The coiled-coil and nucleotide binding domains of the potato Rx disease resistance protein function in pathogen recognition and signaling. **Plant Cell** 20, p. 739–751. 2008. Disponível em: <10.1105/tpc.107.056036>.

RAMAKERS, C.; RUIJTER, J.M.; DEPREZ, R.H.; MOORMAN, A.F. Assumption free analysis of quantitative real-time polymerase chain reaction (PCR) data. **Neurosci Lett** 13, p. 62–66. 2003.

RAMEGOWDA, V., and SENTHIL-KUMAR, M. The interactive effects of simultaneous biotic and abiotic stresses on plants: mechanistic understanding from drought and pathogen combination. **J. Plant Physiol** 176, p. 47–54. 2015. Disponível em: <10.1016/j.jplph.2014.11.008>.

RAMSAHOYE, B. H., BINISZKIEWICZ, D.; LYKO, F.; CLRK, V.; BIRD, A. P.; JAENISCH, R. Non-CpG methylation is prevalent in embryonic stem cells and may be mediated by DNA methyltransferase 3a. *Proc Natl Acad Sci USA* 97, p. 5237–5242. 2000.

RANDO, O.J.; VERSTREPEN, K.J. Timescales of genetic and epigenetic inheritance. **Cell** 128, p. 655–668. 2007.

RAPP, R.A.; WENDEL, J.F. Epigenetics and plant evolution. **New Phytol.** 168, p. 81–91, 2005.

RAVENSDALE, M.; NEMRI, A.; THRALL, P. H.; ELLIS, J. G.; DODDS, P. N. Co-evolutionary interactions between host resistance and pathogen effector genes in flax rust disease. **Mol Plant Pathol.** 12(1), p. 93–102. 2011.

RESTREPO, M. A.; FREED, D. D.; CARRINGTON, J. C. Nuclear transport of plant potyviral proteins. **Plant Cell** 2, p. 987–998. 1990.

REVERS, F.; NICAISE, V. “Plant resistance to infection by viruses,” in **Encyclopedia of Life Sciences**, ed. Wiley-Blackwell (Chichester: John Wiley & Sons Ltd). 2014. Disponível em: <10.1002/9780470015902.a0000757.pub3>.

RICHARDS, C. L.; SCHREY, A. W.; PIGLIUCCI, M. Invasion of diverse habitats by few Japanese knotweed genotypes is correlated with epigenetic differentiation. **Ecology Letters**, 15, p. 1016–1025. 2012.

RICHARDS, E.J. Natural epigenetic variation in plant species: a view from the field. **Curr. Opin. Plant Biol.** 14, p. 204–209, 2011.

RICHARDS, E.J. Quantitative epigenetics: DNA sequence variation need not apply. **Genes Dev.** 23, p. 1601–1605, 2009.

RIGAS, S.; DARAS, G.; TSITSEKIAN, D.; ALATZAS, A.; HATZOPOULOS, P. Evolution and significance of the Lon gene family in Arabidopsis organelle biogenesis and energy metabolism. **Frontiers in plant science**. Volume 5. Article 145. 2014. Disponível em: < 10.3389/fpls.2014.00145>.

ROACH, B. Nobilisation of sugarcane. **Proc Int Soc Sugar Cane Technol** 14, p.206–216. 1972.

ROBERTS, D. Acquired resistance to tobacco mosaic virus transmitted to the progeny of hypersensitive tobacco. **Virology** 124, p. 161–163, 1983.

ROCHA, F. R.; PAPINI-TERZI, F. S.; NISHIYAMA, M. Y. Jr; VENCIO, R. Z.; VICENTINI, R.; DUARTE, R. D.; DE ROSA, V. E. Jr; VINAGRE, F.; BARSALOBRES, C.; MEDEIROS, A. H.; RODRIGUES, F. A.; ULIAN, E. C.; ZINGARETTI, S. M.; GALBIATTI, J. A.; ALMEIDA, R. S.; FIGUEIRA, A. V. O.; HEMERLY, A. S.; SILVA-FILHO, M. C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G. M. Signal transduction-related responses to phytohormones and environmental challenges in sugarcane. **BMC Genomics** 8:71. 2007.

ROMANEL, E.; SILVA, T. F.; CORRÊA, R. L.; FARINELLI, L.; HAWKINS, J. S.; SCHRAGO, C. E.; VASLIN, M. F. Global alteration of microRNAs and transposon-derived small RNAs in cotton (*Gossypium hirsutum*) during *Cotton leafroll dwarf polerovirus* (CLRVD) infection. **Plant Mol. Biol.** 80, p. 443–460. 2012.

ROOSSINCK, M. J. Plant virus metagenomics: biodiversity and ecology. **Annu Rev Genet** 46, p. 359–369. 2012.

ROSE, N. R.; KLOSE, R. J. Understanding the relationship between DNA methylation and histone lysine methylation. **Biochim. Biophys. Acta** 1839, p. 1362–1372, 2014.

RUIZ-FERRER, V.; VOINNET, O. Roles of plant small RNAs in biotic stress responses. **Annu. Rev. Plant Biol.** 60, p. 485–510. 2009.

SAHU, P.P.; PANDEY, G.; SHARMA, N.; PURANIK, S.; MUTHAMILARASAN, M.; PRASAD, M. Epigenetic mechanisms of plant stress responses and adaptation. **Plant Cell Rep** 32 p.1151–1159, 2013.

SALMON, A. ; CLOTAULT, J. ; JENCZEWSKI, E. ; CHABLE, V.; MANZANARES-DAULEUX, M. J. *Brassica oleracea* displays a high level of DNA methylation polymorphism. **Plant Sci**;174(1), p. 61–70, 2008.

SANCHEZ, R.; ZHOU, M. M. The PHD Finger: A Versatile Epigenome Reader. *Trends Biochem Sci.*, 36(7), p. 364-372. 2011. Disponível em: <10.1016/j.tibs.2011.03.005>.

SANGUINO, A. "As principais doenças da cana-de-açúcar" in **Curso à Distância Tópicos Da Cultura de Cana-De-Açúcar**, Ribeirão Preto, Brazil:Instituto Agrônômico, 2012.

SARRIS, P. F.; CEVIK, V.; DAGDAS, G.; JONES, J. D. G.; KRASILEVA, K. V. Comparative analysis of plant immune receptor architectures uncovers host proteins likely targeted by pathogens. **BMC Biol.** 14: 8. 2016.

SCHAEFER M. RNA 5-methylcytosine analysis by bisulfite sequencing. **Methods Enzymol** 560, p. 297–329. 2015.

SCHENA, M.; SHALON, D.; DAVIS, R.W.; BROWN, P. O. Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. **Science** 270, p. 467–470.1995.

SCHÜBELER, D. Function and information content of DNA methylation. **Nature** 517, p. 321-326. 2015.

SCHULZ, B.; ECKSTEIN, R. L.; DURKA W. Scoring and analysis of methylation-sensitive amplification polymorphisms for epigenetic population studies. **Molecular Ecology Resources**, 13, p. 642–653. 2013.

SCHWESSINGER, B.; RONALD,P. C. Plant innate immunity: perception of conserved microbial signatures. **Annu. Rev. PlantBiol.** 63, p. 451–482. 2012. Disponível em: < 10.1146/annurev-arplant-042811-105518>.

SEO, Y. S.; ROJAS, M. R.; LEE, J. Y.; LEE, S. W.; JEON, J. S., RONALD, P.; LUCAS, W. J.; GILBERTSON, R. L. A viral resistance gene from common bean functions across plant families and is up-regulated in a non-virus-specific manner. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 103, p. 11856–11861. Disponível em: <10.1073/pnas.0604815103>.

SEO, J. S.; JOO, J.; KIM, M. J.; KIM, Y. K.; NAHM, B. H.; SONG, S. I.; CHEONG, J. J.; LEE, J. S.; KIM, J. K.; CHOI, Y. D. OsbHLH148, a basic helix-loop-helix protein, interacts with OsJAZ proteins in a jasmonate signaling pathway leading to drought tolerance in rice. **Plant J.**, 65, p. 907–921. 2011.

SERRE, D.; LEE, B. H.; TING, A.H. MBD-isolated genome sequencing provides a high-throughput and comprehensive survey of DNA methylation in the human genome. **Nucleic Acids Res** 38, p. 391–399. 2010.

SETTA, N.; MONTEIRO-VITORELLO, C. B.; METCALFE, C. J.; CRUZ, G. M. Q.; DEL BEM, L. E. V.; VICENTINI R.; NOGUEIRA, F. T.; CAMPOS, R. A.; NUNES, S. L.; TURRINI, P. C.; VIEIRA, A. P.; OCHOA CRUZ, E. A.; CORRÊA, T. C.; HOTTA, C. T.; DE MELLO, V. A.; VAUTRIN, S.; DA TRINDADE, A. S.; DE MENDONÇA, V. M.; LEMBKE, C. G.; SATO, P. M.; DE ANDRADE, R. F.; NISHIYAMA, M. Y.; CARDOSO-SILVA, C. B.; SCORTECCI, K. C.; GARCIA, A. A.; CARNEIRO, M. S.; KIM, C.; PATERSON, A. H.; BERGÈS, H.; D'HONT, A.; DE SOUZA, A. P.; SOUZA, G. M.; VINCENTZ, M.; KITAJIMA, J. P.; VAN SLUYS, M. A. Building the sugarcane genome for biotechnology and identifying evolutionary trends. **BMC Genomics** 15, p. 540. 10.1186/1471-2164-15-540. 2014.

SHATTUCK, V.I. Glucosinolates and glucosinolate degradation in seeds from turnip mosaic virus-infected rapid cycle *Brassica campestris* L. plants. **J. Exp. Bot.** 44, p. 963–970. 1993.

SHUKLA, S.; KAVAK, E.; GREGORY, M.; IMASHIMIZU, M.; SHUTINOSKI, B.; KASHLEV, M.; OBERDOERFFER, P.; SANDBERG, R.; OBERDOERFFER, S. CTCF-promoted RNA polymerase II pausing links DNA methylation to splicing. **Nature** 479(7371), p. 74–79. 2011.

SHUKLA, D. D.; WARD, C. W.; BRUNT, A. A. **The potyviridae**. Cambridge: Cambridge University Press, 1994. 516 p.

SJÖGREN, L. L.; MACDONALD, T. M.; SUTINEN, S.; CLARKE, A. K. Inactivation of the *clpC1* gene encoding a chloroplast Hsp100 molecular chaperone causes growth retardation, leaf chlorosis, lower photosynthetic activity, and a specific reduction in photosystem activity, and a specific reduction in photosystem content. **Plant Physiol.**, 136(4), p. 4114-26. 2004. Disponível em: <10.1104/pp.104.053835>.

SMEKALOVA, V.; DOSKOCILOVA, A.; KOMIS, G.; SAMAJ, J. Cross talk between secondary messengers, hormones and MAPK modules during abiotic stress signaling in plants. **Biotechnol. Adv.** 32, p. 2–11. 2014. Disponível em: <10.1016/j.biotechadv.2013.07.009>.

SPARKS, A. N. *Schizaphis graminum* adults on *Sorghum bicolor*, USA. "Purple coloration of leaf is typical of greenbug infestation." **University of Georgia, Bugwood.org.** 2004. Disponível em: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Schizaphis_graminum_adults_on_sorghum_bicolor.jpg>.

SPOEL, S. H.; DONG, X. How do plants achieve immunity? Defence without specialized immune cells. **Nat. Rev. Immunol.** 12, p. 89–100. 2012. Disponível em: <10.1038/nri3141>.

STAVRINIDES, J.; MCCANN, H.C.; GUTTMAN, D.S. Host-pathogen interplay and the evolution of bacterial effectors. **Cell Microbiol.** 10(2), p. 285–92. 2008.

SUNTIO, T. ; MÄKINEN, K. Abiotic stress responses promote *Potato virus A* infection in *Nicotiana benthamiana*. *Mol Plant Pathol* 13, p. 775–784. 2012.

SUZUKI, N.; YAMAGUCHI, Y.; KOIZUMI, N.; SANO, H. Functional characterization of a heavy metal binding protein Cdl19 from *Arabidopsis*. **Plant J** 32, p. 165–173. 2002.

SUZUKI, M.M.; BIRD, A. DNA methylation landscapes: provocative insights from epigenomics. **Nature Reviews in Genetics** 9, p. 465–476, 2008.

SWAMINATHAN, K.; ALABADY, M.; VARALA, K.; DE PAOLI, E.; HO, I.; ROKHSAR, D. S.; ARUMUGANATHAN, A. K.; MING, R.; GREEN, P. J.; MEYERS, B. C.; MOOSE, S. P.; HUDSON, M. E. Genomic and small RNA sequencing of *Miscanthus x giganteus* shows the utility of sorghum as a reference genome sequence for *Andropogoneae* grasses, **Genome Biol**, vol.11 p. R12. 2010.

SZYMCZYK, P.; GRABKOWSKA, R.; SKAŁA, E.; ZEBROWSKA, M.; BALCERCZAK, E.; JELEN, A. Isolation and characterization of a 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase 2 promoter from *Salvia miltiorrhiza*. **J. Plant Biochem. Biotechnol.**, p. 1-14. 2017. Disponível em: < <https://doi.org/10.1007/s13562-017-0434-6>>.

TAKEDA, S.; PASZKOWSKI, J. DNA methylation and epigenetic inheritance during plant gametogenesis. **Chromosoma** 115, p. 27–35, 2006.

TANI, E.; POLIDOROS, A.N.; NIANIOU-OBEIDAT, I.; TSAFTARIS, A. S. DNA methylation patterns are differentially affected by planting density in maize inbreds and their hybrids. **Maydica** 50, p. 19–23. 2005.

TEAKLE, D.S.; SHUKLA, D.D.; FORD, R.E. *Sugarcane mosaic virus*. In:_____. **AAB descriptions of plant viruses**. UK, Wellesbourne: Warwick, 1989. n. 342.

TEHSEEN, M.; CAIRNS, N.; SHERSON, S.; COBBETT, C. S. Metallochaperone-like genes in *Arabidopsis thaliana*. **Metallomics** 2, p. 556–564. 2010.

THALER, J.S., HUMPHREY, P.T.; WHITEMAN, N. K. Evolution of jasmonate and salicylate signal crosstalk. **Trends Plant Sci.** 17, p. 260–270. 2012. Disponível em: < [10.1016/j.tplants.2012.02.010](https://doi.org/10.1016/j.tplants.2012.02.010)>.

THOMMA, B. P. H. J.; NÜRNBERGER, T.; JOOSTEN, M. H. A. J. Of PAMPs and effectors: The blurred PTI-ETI dichotomy. **Plant Cell** 23, p. 4–15. 2011.

TON, J.; MAUCH-MANI, B. Gamma-amino-butyric acid-induced resistance against necrotrophic pathogens is based on ABA-dependent priming for callose. **PlantJ** 38, p.119–130. 2004. Disponível em: <[10.1111/j.1365-313X.2004.02028.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2004.02028.x)>.

TOYOTA, M.; HO, C.; AHUJA, N.; JAIR, K.W.; LI, Q.; OHE-TOYOTA, M.; BAYLIN, S.B.; ISSA, J.P. Identification of differentially methylated sequences in colorectal cancer by methylated CpG island amplification. **Cancer Res** 59:2307–2312, 1999.

TRIPATHI, L. P., SOWDHAMINI, R. Cross genome comparisons of serine proteases in *Arabidopsis* and rice. **BMC Genomics**. 7, p. 200–231. 2006.

TRUNIGER, V.; ARANDA, M. A. Recessive resistance to plant viruses. **Adv. Virus Res.** p.119–159. 2009. Disponível em: <10.1016/S0065-3527(09)07504-6>.

TSUDA, K.; SATO, M.; GLAZEBROOK, J.; COHEN, J. D.; KATAGIRI, F. Interplay between MAMP-triggered and SA-mediated defense responses. **Plant J.** 53, p. 763–775. 2008. Disponível em: <10.1111/j.1365-313X.2007.03369.x>.

UCHIYAMA, A.; SHIMADA-BELTRAN, H.; LEVY, A.; ZHENG, J. Y.; JAVIA, P. A.; LAZAROWITZ, S. G. The *Arabidopsis* synaptotagmin SYTA regulates the cell-to-cell movement of diverse plant viruses. **Front. Plant Sci.** 5, p. 584. 2014.

UEDA, H.; YAMAGUCHI, Y.; SANO, H. Direct interaction between the tobacco mosaic virus helicase domain and the ATP-bound resistance protein, N factor during the hypersensitive response in tobacco plants. **Plant Mol. Biol.** 61, p. 31–45. 2006. Disponível em: <10.1007/s11103-005-5817-8>.

UZAROWSKA, A.; DIONISIO, G.; SARHOLZ, B.; PIEPHO, H. P.; XU, M.; INGVARSEN, C. R.; WENZEL, G.; LUBBERSTEDT, T. Validation of candidate genes putatively associated with resistance to SCMV and MDMV in maize (*Zea mays* L.) by expression profiling. **BMC Plant Biol.** 9, p. 15-10. 2009. Disponível em: <1186/1471-2229-9-15>.

VALLI, A.; GARCÍA, J. A.; LÓPEZ-MOYA, J. J. Potyviridae. **eLS**, p. 1–10. 2015.

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

VISWANATHAN , R.; KARUPPAIAH , R.; BALAMURALIKRISHNAN, M. Impact of Mosaic Infection on Growth and Yield of Sugarcane. **Sugar tech**, Gandharva Mahavidyalaya, v. 7, n. 1, p. 61-65. 2005.

VISWANATHAN, R.; BALAMURALIKRISHNAN, M.; KARUPPAIAH, R. Characterization and genetic diversity of sugarcane streak mosaic virus causing mosaic in sugarcane. **Virus Genes** 36, p. 553–564, 2008.

VISWANATHAN, R.; MOHANRAJ, D. Detection of sugarcane viral diseases by serological, techniques. In: RAO, G. P.; FORD, R. E.; TOSIC, M. S.; TEAKLE, D. S. (Ed.). **Sugarcane pathology**. Enfield (NH): Virus and Phytoplasma Diseases, Science Publishers, v. 11, p.195-208. 2

VOS, P., HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; VAN DE LEE, T.; HORNES, M.; FRIKTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, 23, p. 4407–4414.1995.

VUYLSTEKE, M.; PELEMAN, J. D.; VAN EIJK, M. J. T. AFLP-based transcript profiling (cDNA-AFLP) for genome-wide expression analysis. **Nat Protoc** 2, p.1399–1413. 2007.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H.; SOUZA, G. M. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnol J** 8, p.263-276. 2010.

WADA, Y.; MIYAMOTO, K.; KUSANO, T.; SANO, H. Association between upregulation of stress-responsive genes and hypomethylation of genomic DNA in tobacco plants. **Mol Genet Genom**; 271(6), p. 658–66, 2004.

WANG, A.; KRISHNASWAMY, S. Eukaryotic translation initiation factor 4E- mediated recessive resistance to plant viruses and its utility in crop improvement. **Mol. Plant Pathol.** 13, p. 795–803. 2012. Disponível em: <10.1111/j.1364-3703.2012.00791.x>.

WANG, W.; VINOCUR, B.; SHOSEYOV, O.; ALTMAN, A. Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. **TRENDS in Plant Science.** Vol.9 No.5. May, 2004

WATERWORTH, W. M.; BRAY, C. M. Enigma variations for peptides and their transporters in higher plants. **Ann Bot** (Lond) 98, p. 1–8. 2006.

WEI, T.; HUANG, T. S.; MCNEIL, J.; LALIBERTE´, J. F.; HONG, J.; NELSON, R. S.; WANG, A. Sequential recruitment of the endoplasmic reticulum and chloroplasts for plant potyvirus replication. **J Virol** 84, p.799–809. 2010a.

WEI, T.; ZHANG, C.; HONG, J.; XIONG, R.; KASSCHAU, K. D.; ZHOU, X.; CARRINGTON, J. C.; WANG, A. Formation of complexes at plasmodesmata for potyvirus intercellular movement is mediated by the viral protein P3N-PIPO. **PLoS Pathog** 6, e1000962. 2010b.

WEI, T.; WANG, A. Biogenesis of cytoplasmic membranous vesicles for plant potyvirus replication occurs at endoplasmic reticulum exit sites in a COPI- and COPII-dependent manner. **J Virol** 82, p.12252– 12264. 2008.

WU, L.; HAN, Z.; WANG, S.; WANG, X.; SUN, A.; ZU, X.; CHEN, Y. Comparative proteomic analysis of the plant–virus interaction in resistant and susceptible ecotypes of maize infected with sugarcane mosaic virus. *Jour Proteomics* 89, p. 124–140. 2013.

XIONG, Y.; EICKBUSH, T. H. Origin and evolution of retroelements based upon their reverse transcriptase sequences. **EMBO J.** 9, p. 3353–3362. 1990.

XIONG, Z.; LAIRD, P.W. COBRA: a sensitive and quantitative DNA methylation assay. **Nucleic Acids Res** 25, p. 2532–2534. 1997.

XU, Y.; GAN, E. S.; ITO, T. The AT-hook/PPC domain protein TEK negatively regulates floral repressors including MAF4 and MAF5. *Plant Signal Behav.*, 1, 8(8), e25006. 2013. Disponível em: <10.4161/psb.25006>.

XU, W.; ZHANG, N.; JIAO, Y.; LI, R.; XIAO, D.; WANG, Z. The grapevine basic helix-loop-helix (bHLH) transcription factor positively modulates CBF-pathway and confers tolerance to cold-stress in Arabidopsis. *Mol Biol Rep.*, 41(8), p. 5329-42. 2014. Disponível em: <10.1007/s11033-014-3404-2>.

YAMAMOTO, M.; WAKATSUKI, T.; HADA, A. ; RYO, A. Use of serial analysis of gene expression (SAGE) technology. **Journal of Immunological Methods**, vol. 250, no. 1-2, p. 45–66. 2001.

YAMAMOTO, F.; YAMAMOTO, M. A DNA microarray-based methylation-sensitive (MS)-AFLP hybridization method for genetic and epigenetic analyses **Mol. Genet. Genomics**, 2004.

YANAGISAWA, S. The Dof family of plant transcription factors. *Trends Plant Sci.*, 7(12), p. 555-60. 2002.

YANG, C. Y.; HUANG, Y. B.; TANG, Z. X.; LU, L. M.; LIU, L. Analysis of DNA methylation variation in sibling tobacco (*Nicotiana tabacum*) cultivars. **Afr J Biotechnol** 10, p. 874–881. 2011.

YANG, P.; LÜPKEN, T.; HABEKUSS, A.; HENSEL, G.; STEUERNAGEL, B.; KILIAN, B.; ARIYADASA, R.; HIMMELBACH, A.; KUMLEHN, J.; SCHOLZ, U.; ORDON, F.; STEIN, N. PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE LIKE 5–1 is a susceptibility factor to plant viruses. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 111, p. 2104–2109. 2014. Disponível em: < 10.1073/pnas.1320362111>.

YI, S. Y.; SHIRASU, K.; MOON, J.S.; LEE, S.G.; KWON, S. Y. The activated SA and JA signaling pathways have an influence on flg22-triggered oxidative burst and callose deposition. **PLoS ONE** 9:e88951. 2014. Disponível em: <10.1371/journal.pone.0088951>.

YILMAZ, A.; NISHIYAMA, M. Y. Jr; FUENTES, B. G.; SOUZA, G. M.; JANIES, D.; GRAY, J.; GROTEWOLD, E. GRASSIUS: a platform for comparative regulatory genomics across the grasses. **Plant Physiol** 149, p.171-180. 2009.

YU, S. W.; ZHANG, L. D.; ZUO, K. J.; TANG, D. Q.; SUN, X. F.; TANG, K. X. Brassica napus L. homeodomain leucine zipper gene BnHB6 responds to abiotic and biotic stresses. *J. Integr. Plant Biol.*, 47, p.1236–1248. 2005. Disponível em: < 10.1111/j.1744-7909.2005.00100.x>.

ZAGO, E.; MORSA, S.; DAT, J.F.; ALARD, F.; FERRARINI, A.; INZE', D.; DELLEDONNE, M.; VAN BREUSEGEM, F. Nitric oxide- and hydrogen peroxidereponsive gene regulation during cell death induction in tobacco. **Plant Physiol** 141, p.404–411. 2006.

ZEMACH, A.; GRAFI, G. Methyl-CpG-binding domain proteins in plants: interpreters of DNA methylation. **Trends Plant Sci.** 2007.

ZEMACH, A.; McDANIEL, I. E.; SILVA, P.; ZILBERMAN, D. Genome-wide evolutionary analysis of eucaryotic DNA methylation. *Science* 14, p. 916–9. 2010.

ZHANG, K.; NIU, S.; DI, D.; SHI, L.; LIU, D.; CAO, X.; MIAO, H.; WANG, X.; HAN, C.; YU, J.; LI, D.; ZHANG, Y. Selection of reference genes for gene expression studies in virus-infected monocots using quantitative real-time PCR. **J Biotechnol** 168, p. 7–14. 2013a.

ZHANG, X.; FU, J.; HIROMASA, Y.; PAN, H.; BAI, G. Differentially Expressed Proteins Associated with *Fusarium* Head Blight Resistance in Wheat. **PlosOne**. Volume 8 Issue 12. 2013b.

ZHU, B.; ZHENG, Y.; ANGLIKER, H.; SCHWARZ, S.; THIRY, S.; SIEGMANN, M.; JOST, J.P. 5-Methylcytosine DNA glycosylase activity is also present in the human MBD4 (G/T mismatch glycosylase) and in a related avian sequence. **Proc Natl Acad Sci USA** 28, p. 4157– 4165. 2000.

ZHU, J.; KAPOOR, A.; SRIDHAR, V.V.; AGIUS, F.; ZHU, J. K. The DNA glycosylase/lyase ROS1 functions in pruning DNA methylation patterns in Arabidopsis. **Curr Biol** 17, p. 54–59. 2007.

ZHU, F.; XI, D. H.; YUAN, S.; XU, F.; ZHANG, D.W.; LIN, H. H. Salicylic acid and jasmonic acid are essential for systemic resistance against tobacco mosaic virus in *Nicotiana benthamiana*. **Mol. Plant Microbe Interact.** 27, p. 567–577. 2014. Disponível em: < 10.1094/MPMI-11-13-0349-R>.

ZILBERMAN, D.; GEHRING, M.; TRAN, R. K.; BALLINGER, T.; HENIKOFF, S. Genome-wide analysis of *Arabidopsis thaliana* DNA methylation uncovers an interdependence between methylation and transcription. **Nat Genet** 39(1), p. 61–69. 2007.