



República Federativa do Brasil
Ministério da Economia
Instituto Nacional da Propriedade Industrial

(11) BR 122020005664-9 B1



(22) Data do Depósito: 19/12/2013

(45) Data de Concessão: 22/02/2022

(54) Título: MÉTODO PARA AUMENTAR A TAXA DE CRESCIMENTO, BIOMASSA, VIGOR, CAPACIDADE FOTOSSINTÉTICA E/OU TOLERÂNCIA AO ESTRESSE ABIÓTICO DE UMA PLANTA E CONSTRUÇÃO DE ÁCIDO NUCLEICO

(51) Int.Cl.: A01H 5/00; C07K 14/415; C12N 15/29; C12N 15/82.

(30) Prioridade Unionista: 26/12/2012 US 61/745,877; 28/05/2013 US 61/827,801.

(73) Titular(es): EVOGENE LTD..

(72) Inventor(es): ADI ETZIONI; HAGAI KARCHI.

(86) Pedido PCT: PCT IL2013051043 de 19/12/2013

(87) Publicação PCT: WO 2014/102774 de 03/07/2014

(85) Data do Início da Fase Nacional: 20/03/2020

(62) Pedido Original do Dividido: BR112015015577-4 - 19/12/2013

(57) Resumo: Fornece polipeptídeos isolados que são, pelo menos, 80% homólogos às SEQ ID NO 496-794, 2898-3645 e 3647-4855, polinucleotídeos isolados que são, pelo menos, 80% idênticos às SEQ ID NO 1-495 e 795-2897, estruturas de ácido nucleico compreendendo os mesmos, células transgênicas expressando os mesmos, plantas transgênicas expressando os mesmos e um método para uso dos mesmos para aumentar a eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso de nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, capacidade fotossintética, produção de sementes, produção de fibra, qualidade de fibra, comprimento da fibra e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

MÉTODO PARA AUMENTAR A TAXA DE CRESCIMENTO, BIOMASSA, VIGOR, CAPACIDADE FOTOSSINTÉTICA E/OU TOLERÂNCIA AO ESTRESSE ABIÓTICO DE UMA PLANTA E CONSTRUÇÃO DE ÁCIDO NUCLEICO

DIVIDIDO DO BR112015015577-4, DE 19/12/2013

CAMPO DE APLICAÇÃO E HISTÓRICO

[001] O presente pedido de patente de invenção, em algumas aplicações respectivas, refere-se a polinucleotídeos e polipeptídeos isolados, estruturas de ácido nucleico compreendendo os mesmos, células transgênicas compreendendo os mesmos, plantas transgênicas expressando de forma exógena os mesmos e, mais particularmente, mas não exclusivamente, a métodos de uso dos mesmos para aumentar a eficiência no uso de fertilizantes (por exemplo, a eficiência de uso do nitrogênio), a produção (por exemplo, produção de sementes, produção do óleo), biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[002] Uma abordagem comum para promover o crescimento das plantas foi e continua a ser o uso de nutrientes naturais, bem como sintéticos (fertilizantes). Assim, os fertilizantes são o combustível por trás da “revolução verde”, diretamente responsáveis pelo aumento excepcional da produção das culturas durante os últimos 40 anos e são considerados a despesa geral número um na agricultura. Por exemplo, os fertilizantes nitrogenados inorgânicos, tais como o nitrato de amônio, nitrato de potássio ou ureia, normalmente são responsáveis por 40% dos custos relacionados a culturas como o milho e o trigo. Dos três macronutrientes fornecidos como fertilizantes principais [nitrogênio (N), fósforo (P) e potássio (K)], o nitrogênio é frequentemente o elemento limitante no crescimento das plantas e todas as culturas têm uma dependência fundamental em fertilizantes

nitrogenados inorgânicos. O nitrogênio é responsável pela biossíntese de aminoácidos e ácidos nucleicos, grupos prostéticos, hormônios vegetais, defesas químicas das plantas, etc. e, geralmente, ele precisa ser reabastecido a cada ano, particularmente nos cereais, os quais compõem mais da metade das áreas cultivadas em todo o mundo. Assim, o nitrogênio é translocado para o rebento, onde é armazenado nas folhas e no caule durante a etapa rápida do desenvolvimento da planta e até a floração. No milho, por exemplo, as plantas acumulam a maior parte de seu nitrogênio orgânico durante o período de germinação de grãos e até a floração. Uma vez que ocorre a fecundação da planta, os grãos começam a se formar e se tornam os principais coletores do nitrogênio da planta. O nitrogênio armazenado pode ser redistribuído em seguida a partir das folhas e do caule que serviram como compartimentos de armazenamento até a formação de grãos.

[003] Uma vez que o fertilizante se esgota rapidamente da maioria dos tipos de solo, ele deve ser fornecido para o crescimento das colheitas duas ou três vezes durante a estação de crescimento. Além disso, a baixa eficiência no uso de nitrogênio (NUE | *nitrogen use efficiency*) das principais culturas (por exemplo, no intervalo de apenas 30-70%), afeta negativamente as despesas de entrada para o agricultor, devido ao excesso de fertilizantes aplicados. Além disso, o uso ineficiente ou sobreuso de fertilizantes são os principais fatores responsáveis pelos problemas ambientais, tais como a eutrofização das águas subterrâneas, lagos, rios e mares, poluição de nitratos na água potável, podendo causar a metemoglobinemia, a poluição de fosfato, a poluição atmosférica e afins. No entanto, apesar do impacto negativo dos fertilizantes no meio ambiente e os limites na utilização de fertilizantes, que foram legislados em vários países, o uso de fertilizantes deverá aumentar a fim de apoiar a produção de alimentos e fibras para um rápido crescimento populacional sobre os recursos limitados da terra. Por exemplo, estima-se que em 2050, mais de 150 milhões toneladas de fertilizantes azotados serão

usadas em todo o mundo anualmente.

[004] O aumento da eficiência no uso de nitrogênio pelas plantas deve permitir que as culturas sejam cultivadas com baixa entrada de fertilizantes ou, alternativamente, sejam cultivadas em solos de pior qualidade e, portanto, tenha um impacto econômico significativo em sistemas agrícolas desenvolvidos e em desenvolvimento.

[005] O melhoramento genético da eficiência no uso de fertilizantes (FUE|*fertilizer use efficiency*) em plantas pode ser gerado através do cultivo tradicional ou através de engenharia genética.

[006] Tentativas de geração de plantas com FUE melhorada foram descritas na Publicação de Pedido de Patente Norte-americano N° 20020046419 (Pedido de Patente Norte-americano N° 7.262.055, de Choo, et al.); N° de Pedido de Patente Americano 20050108791, de Edgerton et al.; N° de Pedido de Patente Americano 20060179511, de Chomet et al.; Good, A, et al. 2007 (*Engineering nitrogen use efficiency with alanine aminotransferase*. Canadian Journal of Botany 85: 252-262); e Good AG et al. 2004 (Trends Plant Sci. 9:597-605).

[007] Yanagisawa et al. (Proc. Natl. Acad. Sci.

[008] U.S.A. 2004 101:7833-8) descreve plantas transgênicas Dof1 que apresentam um crescimento melhorado sob condições de baixo nível de nitrogênio.

[009] O N° de Patente Americano 6.084.153, de Good et al. divulga o uso de um promotor sensível ao estresse para controlar a expressão da Alanina Aminotransferase (AlaAT| *Alanine Amine Transferase*) e das plantas de canola transgênica com resistência à seca e deficiência de nitrogênio melhorada quando comparadas às plantas de controle.

[0010] A produção é afetada por vários fatores, tais como o número e tamanho dos órgãos da planta, arquitetura da planta (p.ex., o número de ramificações), comprimento definido dos grãos, número de grãos cheios,

vigor (p.ex., a muda), taxa de crescimento, desenvolvimento da raiz, utilização de água, nutrientes (p.ex., nitrogênio) e fertilizantes e tolerância ao estresse.

[0011] Culturas, tais como as do milho, arroz, trigo, canola e soja respondem por mais da metade da ingestão calórica total humana, seja através do consumo direto das próprias sementes ou através do consumo de produtos de carne de animais criados com sementes processadas ou forragem. As sementes também são uma fonte de açúcares, proteínas e óleos e metabólitos utilizados em processos industriais. A habilidade de aumentar a produção de planta, seja através do aumento da taxa de acúmulo de matéria seca, modificando a celulose ou a composição da lignina, aumento da resistência do caule, aumento do tamanho do meristema, mudança do padrão de ramificação da planta, firmeza das folhas, aumento na eficiência da fertilização, aumento da taxa de acúmulo de matéria seca, modificação do desenvolvimento da semente, melhora do enchimento da semente ou o aumento do teor de óleo, amido ou proteína nas sementes teria muitas aplicações na utilização agrícola e não- agrícola tais como na produção biotecnológica de produtos farmacêuticos, anticorpos ou vacinas.

[0012] Os óleos de semente ou vegetais são a fonte principal de energia e nutrição na dieta humana e animal. Eles também são utilizados para a produção de produtos industriais, tais como pinturas, tintas e lubrificantes. Além disso, os óleos da planta representam fontes renováveis de hidrocarbonetos de cadeia longa, os quais podem ser utilizados como combustível. Uma vez que os combustíveis fósseis utilizados atualmente são fontes limitadas e estão sendo esgotadas gradualmente, as safras de biomassa de crescimento rápido podem ser utilizadas como combustíveis alternativos ou para matérias-primas de energia e podem reduzir a dependência dos fornecimentos de energia fóssil. No entanto, o obstáculo principal para o aumento do consumo de óleos de planta como biocombustível é o preço do

óleo, o qual ainda é mais alto que o combustível fóssil. Além disso, a taxa de produção do óleo da planta é limitada através da disponibilidade de território agrícola e água. Desse modo, o aumento nas produções de óleo de planta da mesma área de crescimento pode superar efetivamente a escassez no espaço de produção e pode diminuir os preços do óleo vegetal ao mesmo tempo.

[0013] Estudos que visam o aumento das produções de óleo de planta focam-se na identificação dos genes envolvidos no metabolismo do óleo, bem como em genes capazes de aumentar as produções de semente e planta nas plantas transgênicas. Genes conhecidos por estar envolvidos no aumento das produções de óleo de planta incluem aqueles que participam na síntese ou captura do ácido graxo, tal como dessaturase [p.ex., DELTA6, DELTA12 ou acil-ACP (Ssi2; Fonte de Informação de *Arabidopsis* (TAIR; arabidopsis (ponto) org/), TAIR N° AT2G43710)], OleosinA (TAIR N°. AT3G01570) ou FAD3 (TAIR N°. AT2G29980) e vários fatores de transcrição e ativadores, tal como Lec1 [TAIR N°. AT1G21970, Lotan *et al.* 1998. *Cell.* 26;93(7):1195-205], Lec2 [TAIR N°. AT1G28300, Santos Mendoza *et al.* 2005, *FEBS Lett.* 579(21):4666-70], Fus3 (TAIR No. AT3G26790), ABI3 [TAIR N°. AT3G24650, Lara *et al.* 2003. *J Biol Chem.* 278(23): 21003-11] e Wri1 [TAIR N°. AT3G54320, Cernac e Benning, 2004. *Plant J.* 40(4): 575-85].

[0013] Esforços da engenharia genética que visam o aumento no teor de óleo nas plantas (p.ex., em sementes) incluem a regulação ascendente do retículo endoplasmático (FAD3) e plasmidial (FAD7), ácido graxo desaturase em batata (Zabrouskov V., *et al.*, 2002; *Physiol Plant.* 116:172-185); superexpressando os fatores de transcrição GmDof4 e GmDof11 (Wang HW *et al.*, 2007; *Plant J.* 52:716-29); superexpressando glicerol-3-fosfato desidrogenase em leveduras sob o controle de um promotor específico de planta (Vigeolas H, *et al.* 2007, *Plant Biotechnol J.* 5:431-41; Pedido de Patente Norte- Americana N° 20060168684); utilizando genes FAE1 de *Arabidopsis* e SLC1-1 de leveduras para melhorias no ácido erúico e teor de

óleo em colza (Katavic V, et al., 2000, Biochem Soc Trans. 28:935-7).

[0014] Diversos pedidos de patente revelam genes e proteínas que podem aumentar o teor de óleo em plantas. Estes incluem, por exemplo, o Pedido de Patente Norte- Americana Nº 20080076179 (proteína de metabolismo lipídico); o Pedido de Patente Norte-Americana Nº 20060206961 (polipeptídeo Ypr140w); o Pedido de Patente Norte-Americana Nº 20060174373 [síntese de triacilgliceróis que reforçam a proteína (TEP)]; os Pedidos de Patente Norte-Americana Nº 20070169219, 20070006345, 20070006346 e 20060195943 (que revelam plantas transgênicas com aumento da eficiência no uso de nitrogênio que podem ser utilizadas para conversão em combustível ou matérias-primas químicas) e o WO2008/122980 (polinucleotídeos para aumento do teor de óleo, taxa de crescimento, biomassa, produção e/ou vigor de uma planta).

[0015] Condições de estresse abiótico (ABS| *Abiotic stress*; também conhecido como “estresse ambiental”) tais como salinidade, seca, inundação, temperatura subaproveitada e poluição química tóxica, causam danos substanciais às plantas agrícolas. A maioria das plantas desenvolveu estratégias para se proteger contra essas condições. No entanto, se a gravidade e a duração das condições do estresse forem grandes demais, os efeitos no desenvolvimento da planta, no crescimento e na produção da maioria das espécies vegetais são profundos. Além disso, a maioria das espécies vegetais é altamente suscetível ao estresse abiótico e, portanto, exigem condições de cultivo ideal para as safras da cultura comercial. A exposição contínua ao estresse causa alterações importantes no metabolismo vegetal que em última análise, leva à morte celular e, conseqüentemente, gera perdas. A seca é um fenômeno gradual, que envolve períodos de tempo anormalmente secos que duram o suficiente para produzir desequilíbrios hidrológicos sérios, como danos à cultura, falta de abastecimento de água e aumento da suscetibilidade a várias doenças. Em casos graves, a seca pode durar muitos anos e resulta em

efeitos devastadores na agricultura e abastecimento de água. Além disso, a seca está associada com o aumento da suscetibilidade a várias doenças. [0017] Para a maioria das plantas de cultivo, as regiões de plantio do mundo são muito áridas. Além disso, o uso excessivo de água disponível resulta em maior perda de terra agrícola utilizável (desertificação), e aumento da acumulação de sal em solos adiciona à perda de água disponível em solos.

[0016] A salinidade, níveis elevados de sal, afeta um em cada cinco hectares de terra irrigada. Nenhuma das cinco principais culturas alimentares, i.e. trigo, milho, arroz, batatas e soja, consegue tolerar o excesso de sal. Os efeitos prejudiciais do sal sobre as plantas resultam tanto da deficiência de água, que leva ao estresse osmótico (semelhante ao estresse causado pela seca), quanto do efeito do excesso de íons de sódio sobre processos bioquímicos importantes. Assim como o congelamento e a seca, quantidades elevadas de sal causam déficit de água; e a presença de níveis elevados de sal torna difícil para as raízes das plantas extraírem água de seu ambiente. A salinidade do solo, portanto, é uma das variáveis mais importantes que determinam se uma planta pode prosperar. Em muitas partes do mundo, áreas de terra consideráveis são incultiváveis devido à salinidade do solo ser naturalmente alta. Assim, a salinização dos solos que são utilizados para a produção agrícola é um problema significativo e crescente nas regiões que dependem fortemente da agricultura e está a agravar-se pelo excesso de utilização, excesso de fertilização e escassez de água, geralmente causado por alterações climáticas e pelas demandas do aumento da população. A tolerância ao sal é de particular importância no início do ciclo de vida da planta, já que a evaporação da superfície do solo faz com que o movimento ascendente de água e sal se acumule na camada superior do solo, onde as sementes são colocadas. Por outro lado, a germinação normalmente ocorre em uma concentração de sal que é maior do que o nível médio de sal em todo o perfil do solo.

[0017] A transdução do sinal de estresse do sal e da seca consiste em caminhos de sinalização da homeostase iônica e osmótica. O aspecto iônico do estresse do sal é sinalizado através do caminho SOS, onde um complexo de quinase de proteína SOS3-SOS2 responsiva a cálcio controla a expressão e a atividade dos transportadores de íons, como o SOS1. O componente osmótico do estresse de sal envolve reações complexas da planta que se sobrepõem com respostas de estresse da seca e/ou do frio.

[0018] As temperaturas subótimas afetam o crescimento e o desenvolvimento da planta durante todo o seu ciclo de vida. Dessa forma, baixas temperaturas reduzem a taxa de germinação e temperaturas elevadas resultam na necrose da folha. Além disso, plantas maduras expostas ao excesso de calor podem experimentar o choque de calor, que pode surgir em vários órgãos, incluindo as folhas e, principalmente, os frutos, quando a transpiração é insuficiente para superar o estresse causado pelo calor. O calor também danifica as estruturas celulares, incluindo as organelas e o citoesqueleto e prejudica a função da membrana. O choque de calor pode produzir uma diminuição na síntese geral das proteínas, acompanhada pela expressão de proteínas de choque de calor, p.ex., as chaperonas, que estão envolvidas no rearranjo das proteínas desnaturadas pelo calor. O dano causado pela alta temperatura ao pólen quase sempre ocorre em conjunto com o estresse causado pela seca e, raramente, ocorre sob boas condições de irrigação. O estresse combinado pode alterar o metabolismo da planta de novas maneiras. Condições de frio excessivo, p.ex., temperaturas baixas, mas acima do ponto de congelamento, afetam as culturas de origem tropical, como a soja, o arroz, o milho e o algodão. O dano típico causado pelo frio inclui emurchecimento, a necrose, a clorose ou perda de íons das membranas celulares. Os mecanismos subjacentes de sensibilidade ao frio não são completamente compreendidos ainda, mas provavelmente envolvem o nível de saturação de membrana e outras deficiências fisiológicas. Condições de luz

excessiva, que ocorrem sob condições atmosféricas claras subsequentes às noites frias do final do verão/outono, podem levar à fotoinibição da fotossíntese (interrupção da fotossíntese). Além disso, o frio pode levar a perdas de produção e à qualidade inferior do produto através do amadurecimento tardio do milho.

[0019] Aspectos comuns da seca, resposta ao estresse do frio e sal [Revisto em Xiong e Zhu (2002) *Plant Cell Environ.* 25:131-139] incluem:

(a) alterações transitórias nos níveis de cálcio citoplasmático prévio no evento de sinalização;

(b) sinal de transdução através de quinase de proteína dependente de cálcio (CDPKs | *calcium dependent protein kinases*) e/ou ativada por mitógeno e fosfatases da proteína;

(c) aumentos nos níveis de ácido abscísico em resposta ao estresse, desencadeando um subconjunto das respostas;

(d) fosfatos de inositol como moléculas de sinal (pelo menos para um subconjunto das alterações transitórias responsivas ao stress);

(e) ativação de fosfolipases, que por sua vez, geram um leque diversificado de moléculas do segundo mensageiro, alguns dos quais podem regular a atividade das quinases responsivas ao stress;

(f) a indução dos genes do tipo abundantes na embriogênese tardia (LEA | *late embryogenesis abundant*), incluindo os genes responsivos CR/RD CRT/DRE;

(g) aumento dos níveis de antioxidantes e osmólitos compatíveis como prolina e açúcares solúveis; e

(h) a acumulação de espécies reativas de oxigênio, como superóxido, peróxido de hidrogênio e radicais hidroxila. A biossíntese do ácido abscísico é regulada por estresse osmótico em várias etapas. A sinalização do estresse osmótico, tanto dependente da ABA quanto independente, modificam primeiramente os fatores de transcrição

constitutivamente expressos, levando à expressão dos ativadores transcricionais de resposta prévia, que em seguida, ativam os genes efetores de tolerância ao estresse a jusante.

[0020] Vários genes que aumentam a tolerância ao estresse do frio ou sal também podem melhorar a proteção ao estresse de seca, incluindo, por exemplo, o fator de transcrição AtCBF/DREB1, OsCDPK7 (Saijo et al. 2000, *Plant J.* 23: 319-327) ou AVP1 (*a vacuolar pyrophosphatase-proton pump*, Gaxiola et al. 2001, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98: 11444-11449).

[0021] Estudos demonstraram que adaptações da planta a condições ambientais adversas são traços genéticos complexos de natureza poligênica. Meios convencionais de cultura e melhoras de horticulturas utilizam técnicas de melhoramento seletivas para identificar plantas que apresentem características desejáveis. No entanto, o melhoramento seletivo é tedioso, consome tempo e apresenta resultado imprevisível. Além disso, recursos germoplasmáticos limitados para melhora da produção e a incompatibilidade nos cruzamentos entre espécies de plantas distantemente relacionadas representam problemas significativos encontrados no melhoramento convencional. Avanços na engenharia genética permitiram que o homem modificasse o germoplasma das plantas pela expressão de genes de interesse nas plantas. Essa tecnologia tem a capacidade de gerar culturas ou plantas com traços econômicos, agrônômicos ou horticulturais melhorados.

[0022] Os esforços da engenharia genética, focados em conferir tolerância ao estresse abiótico às culturas transgênicas, foram descritos em várias publicações [Apse e Blumwald (*Curr Opin Biotechnol.* 13:146-150, 2002), Quesada *et al.* (*Plant Physiol.* 130:951-963, 2002), Holmström *et al.* (*Nature* 379: 683-684, 1996), Xu *et al.* (*Plant Physiol* 110: 249-257, 1996), Pilon-Smits e Ebskamp (*Plant Physiol* 107: 125-130, 1995) e Tarczyński *et al.* (*Science* 259: 508- 510, 1993)].

[0023] Várias patentes e pedidos de patente divulgam os genes e as

proteínas que podem ser utilizados para aumentar a tolerância das plantas ao estresse abiótico. Estas incluem, por exemplo, as Patentes Norte-Americanas N° 5.296.462 e 5.356.816 (para aumentar a tolerância ao estresse ao frio); a Patente Norte-Americana N° 6.670.528 (para aumentar a ABST); a Patente Norte-Americana N° 6.720.477 (para aumentar a ABST); N° de Série de Pedido de Patente Norte-Americana 09/938842 e 10/342224 (para aumentar a ABST); N° de Série de Pedido de Patente Norte-Americana 10/231035 (para aumentar a ABST); WO2004/104162 (para aumentar a ABST e biomassa); WO2007/020638 (para aumentar a ABST, biomassa, vigor e/ou produção); WO2007/049275 (para aumentar a ABST, biomassa, vigor e/ou produção); WO2010/076756 (para aumentar a ABST, biomassa e/ou produção); WO2009/083958 (para aumentar a eficiência no uso da água, eficiência no uso de fertilizantes, tolerância ao estresse biótico-abiótico, produção e/ou biomassa); WO2010/020941 (para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, tolerância ao estresse abiótico, produção e/ou biomassa); WO2009/141824 (para aumentar a utilidade da planta); WO2010/049897 (para aumentar a produção da planta).

[0024] A deficiência de nutrientes causa adaptações da arquitetura da raiz, particularmente notável, por exemplo, é a proliferação da raiz dentro de áreas ricas em nutrientes para aumentar a absorção dos nutrientes. A deficiência de nutrientes causa, também, a ativação de caminhos metabólicos da planta que maximizam os processos de absorção, assimilação e distribuição como pela ativação de mudanças da arquitetura. A engenharia da expressão dos genes desencadeados pode fazer com que a planta mostre as mudanças em sua arquitetura e o metabolismo melhorado, também, sob outras condições.

[0025] Além disso, é amplamente conhecido que as plantas geralmente respondem à deficiência de água criando um sistema de raízes mais profundas que permitem o acesso à umidade localizada em camadas

mais profundas do solo. O desencadeamento desse efeito permitirá às plantas acessarem os nutrientes e a água localizados em horizontes mais profundos do solo, particularmente, aqueles prontamente dissolvidos na água, como os nitratos.

[0026] O algodão e subprodutos do algodão fornecem matérias-primas que são utilizadas para produzir uma grande variedade de produtos com base nos consumidores, além de têxteis, incluindo gêneros alimentícios do algodão, ração animal, fertilizante e papel. A produção, comercialização, consumo e comércio de produtos baseados em algodão geram um excesso de 100 bilhões de dólares anualmente apenas nos EUA, fazendo do algodão a cultura número um em termos de valor acrescentado.

[0027] Apesar de 90% do valor do algodão como uma cultura residir na fibra (fiapo), a produção e qualidade da fibra diminuiu devido à erosão geral na diversidade genética de variedades de algodão e uma vulnerabilidade acrescida da cultura às condições ambientais.

[0028] Existem muitas variedades de algodoeiros, das quais fibras de algodão com uma gama de características podem ser obtidas e utilizadas para várias aplicações. As fibras de algodão podem ser caracterizadas de acordo com uma variedade de propriedades, algumas das quais são consideradas altamente desejáveis dentro da indústria têxtil para a produção de produtos de qualidade cada vez mais alta e exploração otimizada de tecnologias de fiação modernas. Propriedades comercialmente desejáveis incluem comprimento, uniformidade do comprimento, finura, relação de maturidade, produção reduzida da fibra, micronário, resistência do feixe e resistência da fibra única. Muito esforço tem sido posto na melhoria das características das fibras de algodão, principalmente focando o comprimento da fibra e a finura da fibra. Em particular, há uma grande demanda de fibras de algodão de comprimentos específicos.

[0029] Uma fibra de algodão é composta de uma única célula que se

diferenciou de uma célula epidérmica da cobertura da semente, desenvolvendo-se através de quatro estágios, ou seja, iniciação, alongamento, estágios de espessamento e maturação de parede celular secundária. Mais especificamente, o alongamento de uma fibra de algodão começa na célula epidérmica do óvulo imediatamente após o florescimento, depois do qual a fibra de algodão rapidamente se alonga por cerca de 21 dias. O alongamento da fibra é então finalizado, e uma parede celular secundária é formada e crescida através de maturação, tornando-se uma fibra de algodão madura.

[0030] Vários genes candidatos que estão associados ao alongamento, à formação, à qualidade e à produção das fibras de algodão foram divulgados em vários pedidos de patentes, tais como a Patente Norte-Americana N° 5.880.100 e N° de Série de Pedido de Patente Norte-Americana 08/580.545, 08/867.484 e 09/262.653 (que descrevem os genes envolvidos na fase de alongamento da fibra de algodão); WO0245485 (que melhoram a qualidade da fibra, modulando a sintase de sacarose); Patentes Norte-Americanas N° 6.472.588 e WO0117333 (que aumentam a qualidade da fibra por transformação com sintase de codificação de fosfato de sacarose do DNA); WO9508914 (que utiliza um promotor específico da fibra e uma sequência de codificação que codifica a peroxidase de algodão); WO9626639 (que utiliza uma sequência de promoção específica do ovário para expressar o cultivo da planta, modificando os hormônios no tecido do óvulo do algodão, alterando características de qualidade da fibra, tais como dimensão de fibra e força); Patente Norte-Americana N° 5.981.834, Patente Norte-Americana N° 5.597.718, Patente Norte-Americana N° 5.620.882, Patente Norte-Americana N° 5.521.708 e Patente Norte-Americana N° 5.495.070 (sequências de codificação para alterar as características das plantas que produzem fibras transgênicas); Pedido de Patente Norte-Americana N° 2002049999 e Patente Norte-Americana N° 2003074697 (que expressam um código genético para transferase endoxiloglucana, catalase ou peroxidase para melhorar as

características da fibra de algodão); WO 01/40250 (que melhora a qualidade da fibra do algodão, modulando a expressão genética do fator de transcrição); WO 96/40924 (uma região reguladora da iniciação transcricional da fibra de algodão associada, a qual é expressa em fibra de algodão); EP0834566 (um gene que controla o mecanismo de formação da fibra no algodoeiro); WO2005/121364 (que melhora a qualidade da fibra do algodão, modulando a expressão do gene); WO2008/075364 (que melhora a tolerância de qualidade, produção/biomassa/vigor e/ou tolerância estresse abiótico da fibra das plantas).

[0031] A publicação WO N° 2004/104162 revela métodos para aumentar a tolerância ao estresse abiótico e/ou a biomassa em plantas geradas deste modo.

[0032] A publicação WO N° 2004/111183 divulga sequências de nucleotídeos para regular a expressão do gene em tricomas e estruturas de plantas e métodos utilizando os mesmos.

[0033] A publicação WO N° 2004/081173 divulga novas sequências e estruturas regulatórias derivadas da planta e métodos de utilização de tais sequências para direcionar a expressão das sequências de polinucleotídeo exógeno nas plantas.

[0034] A publicação WO N° 2005/121364 revela polinucleotídeos e polipeptídeos envolvidos no desenvolvimento de fibras vegetais e método de uso dos mesmos, a fim de aumentar a qualidade das fibras, a produção e/ou biomassa de uma planta produtora de fibras.

[0035] A publicação WO N° 2007/049275 revela polipeptídeos isolados, polinucleotídeos que codificam os mesmos, plantas transgênicas que expressam os mesmos e método de uso dos mesmos para aumentar a eficiência no uso de fertilizantes, a tolerância ao estresse abiótico da planta e biomassa.

[0036] A publicação WO N° 2007/020638 revela métodos para

aumentar a tolerância ao estresse abiótico e/ou a biomassa em plantas e plantas geradas desse modo.

[0037] A publicação WO N° 2008/122980 revela estruturas de genes e métodos para aumentar o teor de óleo, taxa de crescimento e biomassa de plantas.

[0038] A publicação WO N° 2008/075364 revela polinucleotídeos envolvidos no desenvolvimento da fibra da planta e métodos de uso dos mesmos.

[0039] A publicação WO N° 2009/083958 revela métodos para aumentar a eficiência no uso de água, eficiência no uso de fertilizantes, tolerância ao estresse biótico/abiótico, produção e biomassa em plantas e em plantas geradas desse modo.

[0040] A publicação WO N° 2009/141824 revela polinucleotídeos isolados e métodos para uso dos mesmos para aumentar a utilidade da planta.

[0041] A publicação WO N° 2009/013750 revela genes, estruturas e métodos para aumentar a tolerância ao estresse abiótico, biomassa e / ou produção em plantas geradas desse modo.

[0042] A publicação WO N° 2010/020941 revela métodos para aumentar a eficiência no uso de nitrogênio, tolerância ao estresse abiótico, produção e biomassa em plantas e em plantas geradas desse modo.

[0043] A publicação WO N° 2010/076756 divulga polinucleotídeos isolados para aumentar a tolerância ao estresse abiótico, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção da fibra, qualidade da fibra e/ou eficiência no uso de nitrogênio de uma planta.

[0044] A publicação WO2010/100595 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a produção da planta e/ou características agrícolas.

[0045] A publicação WO N° 2010/049897 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a

produção da planta, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico de plantas e eficiência no uso de nitrogênio.

[0046] A publicação WO2010/143138 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a eficiência no uso de nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água.

[0047] A publicação WO N° 2011/080674 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a produção da planta, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico de plantas e eficiência no uso de nitrogênio.

[0048] A publicação WO2011/015985 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos para aumentar as qualidades desejáveis da planta.

[0049] A publicação WO2011/135527 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados para aumentar a produção da planta e/ou características agrícolas.

[0050] A publicação WO2012/028993 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar da eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico.

[0051] A publicação WO2012/085862 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para melhorar as propriedades da planta.

[0052] A publicação WO2012/150598 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a produção da planta, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico das plantas e eficiência no uso do nitrogênio.

[0053] A publicação WO2013/027223 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a

produção da planta e/ou características agrícolas.

[0054] A publicação WO2013/080203 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico.

[0055] A publicação WO2013/098819 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a produção das plantas.

[0056] A publicação WO2013/128448 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos isolados e métodos de uso dos mesmos para aumentar a produção da planta, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico das plantas e eficiência no uso do nitrogênio.

RESUMO DA INVENÇÃO

[0057] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, pelo menos, 80% idêntico à ID SEQ. N° [*Identificação de Sequência N°*]: 496-794, 2898-3645, 3647-4854 ou 4855, aumentando, desta forma, a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico da planta.

[0058] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo,

produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855, aumentando, desta forma, a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico da planta.

[0059] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para produzir uma colheita, compreendendo o cultivo de uma planta de colheita transformada com um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, pelo menos, 80% homólogo à sequência de aminoácidos selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855, caracterizado pela planta de colheita ser derivada de plantas selecionadas para aumento da eficiência no uso do nitrogênio, aumento da produção, aumento da taxa de crescimento, aumento da biomassa, aumento de vigor, aumento do teor de óleo, aumento da produção de semente, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que foi cultivada sob as mesmas condições de cultivo, e a planta de colheita tendo aumento da eficiência no uso do nitrogênio, aumento da produção, aumento da taxa de crescimento, aumento da biomassa, aumento de vigor, aumento do teor de óleo, aumento da produção de semente, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da tolerância ao estresse abiótico, produzindo, desta forma, a colheita.

[0060] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico, pelo menos, 80% idêntica à ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 ou 2897, aumentando, desta forma, a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico da planta.

[0061] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico selecionado de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897, aumentando, desta forma, a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico da planta.

[0062] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para produzir uma colheita, compreendendo o cultivo de uma planta de colheita transformada com um polinucleotídeo exógeno que compreende uma sequência de ácido nucleico, a qual é, pelo menos, 80% idêntica à sequência de ácido nucleico selecionada de um grupo

consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897, caracterizado pela planta de colheita ser derivada de plantas (plantas progenitoras) selecionadas para aumento da eficiência no uso do nitrogênio, aumento da produção, aumento da taxa de crescimento, aumento da biomassa, aumento de vigor, aumento do teor de óleo, aumento da produção de semente, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que foi cultivada sob as mesmas condições de cultivo, e a planta de colheita tendo aumento da eficiência no uso do nitrogênio, aumento da produção, aumento da taxa de crescimento, aumento da biomassa, aumento de vigor, aumento do teor de óleo, aumento da produção de semente, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da tolerância ao estresse abiótico, produzindo, desta forma, a colheita.

[0063] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, o qual compreende uma sequência de aminoácidos, pelo menos, 80% homóloga à sequência de aminoácidos estabelecida nas ID SEQ. N° 496- 794, 2898-3645, 3647-4854 ou 4855, caracterizado pela sequência de aminoácidos ser capaz de aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta.

[0064] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, o qual compreende a sequência de aminoácidos selecionada de um grupo consistindo das ID

SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[0065] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de ácido nucleico, pelo menos, 80% idêntica à ID SEQ. N° 1-495, 795- 2896 ou 2897, caracterizado pela sequência de ácido nucleico ser capaz de aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta.

[0066] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de ácido nucleico selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[0067] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecida uma estrutura de ácido nucleico compreendendo o polinucleotídeo isolado de algumas aplicações da invenção e um promotor para direcionar a transcrição da sequência de ácido nucleico em uma célula hospedeira.

[0068] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um polipeptídeo isolado compreendendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos, 80% homóloga à ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647- 4854 ou 4855, caracterizado pela sequência de aminoácidos ser capaz de aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância estresse abiótico de uma planta.

[0069] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um polipeptídeo isolado compreendendo a sequência de aminoácidos selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794,

2898-4854 e 4855.

[0070] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecida uma célula de planta que expressa de forma exógena o polinucleotídeo de algumas aplicações da invenção ou a estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção.

[0071] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecida uma célula de planta que expressa de forma exógena o polipeptídeo de algumas aplicações da invenção.

[0072] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido uma planta transgênica, compreendendo a estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção, ou a célula de planta de algumas aplicações da invenção.

[0073] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método de cultivo de uma cultura, o método compreendendo a semeadura de sementes e/ou plantio de mudas de uma planta transformada com o polinucleotídeo isolado de algumas aplicações da invenção ou a estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção, caracterizado pela planta ser derivada de plantas selecionadas com, pelo menos, um traço selecionado do grupo consistindo em aumento da eficiência no uso de nitrogênio, aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da biomassa, aumento da taxa de crescimento, aumento do vigor, aumento da produção e aumento da produção da fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e aumento do teor de óleo se comparada a uma planta não transformada, aumentando, desse modo, a colheita.

[0074] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método de seleção de uma planta transformada tendo aumento da eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da

fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie cultivada sob as mesmas condições de cultivo, o método compreendendo:

(a) fornecer plantas transformadas com um polinucleotídeo exógeno que codifica um polipeptídeo, compreendendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos, 80% homóloga à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855,

(b) selecionar, a partir das plantas, uma planta tendo aumento da eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico, selecionando, deste modo, a planta tendo aumento da eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada sob as mesmas condições de cultivo.

[0075] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método de seleção de uma planta transformada, tendo aumento de eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie cultivada sob as mesmas condições de cultivo, o método compreendendo:

(a) fornecer plantas transformadas com um polinucleotídeo exógeno que codifica um polipeptídeo, compreendendo uma sequência de

aminoácidos, pelo menos, 80% idêntica à sequência de ácido nucleico selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ N° 1-495, 795-2896 e 2897,

(b) selecionar, a partir das plantas, uma planta tendo aumento da eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico, selecionado, deste modo, a planta tendo aumento de eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada sob as mesmas condições de cultivo.

[0076] De acordo com algumas aplicações da invenção, a sequência de ácido nucleico codifica uma sequência de aminoácidos de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[0077] De acordo com algumas aplicações da invenção, a sequência de ácido nucleico é selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[0078] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo consiste da sequência de ácido nucleico selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[0079] De acordo com algumas aplicações da invenção, a sequência de ácido nucleico codifica a sequência de aminoácidos selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[0080] De acordo com algumas aplicações da invenção, a célula hospedeira é uma célula de planta.

[0081] De acordo com algumas aplicações da invenção, a célula da planta forma parte de uma planta.

[0082] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método

compreende, ainda, o cultivo da planta que expressa o polinucleotídeo exógeno em estresse abiótico.

[0083] De acordo com algumas aplicações da invenção, o estresse abiótico é selecionado de um grupo consistindo de salinidade, seca, estresse osmótico, privação de água, inundação, etiolação, baixa temperatura, alta temperatura, toxicidade por metais pesados, anaerobiose, deficiência de nutrientes, deficiência de nitrogênio, excesso de nutrientes, poluição atmosférica e irradiação UV.

[0084] De acordo com algumas aplicações da invenção, a produção compreende a produção de semente ou produção de óleo.

[0085] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método compreende, ainda, o cultivo da planta que expressa o polinucleotídeo exógeno sob condições limitantes de nitrogênio.

[0086] De acordo com algumas aplicações da invenção, o promotor é heterólogo ao polinucleotídeo isolado e/ou à célula hospedeira.

[0087] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo isolado é heterólogo à célula da planta.

[0088] De acordo com algumas aplicações da invenção, a planta não transformada é uma planta do tipo selvagem de base genética idêntica.

[0089] De acordo com algumas aplicações da invenção, a planta não transformada é uma planta do tipo selvagem da mesma espécie.

[0090] De acordo com algumas aplicações da invenção, a planta não transformada é cultivada sob condições de cultivo idênticas.

[0091] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método compreende, ainda, selecionar uma planta tendo aumento de eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada

sob as mesmas condições de cultivo.

[0092] A menos que definido de outra forma, todos os termos técnicos e/ou científicos utilizados aqui apresentam o mesmo significado que o comumente compreendido por uma pessoa com habilidade comum na técnica à qual a invenção pertence. Embora métodos e materiais semelhantes ou equivalentes àqueles descritos aqui possam ser utilizados na prática ou no teste das aplicações da invenção, métodos e/ou materiais exemplares são descritos abaixo. Em caso de conflito, o quadro reivindicatório da patente, incluindo as definições, prevalecerá. Além disso, os materiais, métodos e exemplos são apenas ilustrativos e não pretendem ser necessariamente limitantes.

BREVE DESCRIÇÃO DOS DESENHOS

[0093] Algumas aplicações da invenção são descritas aqui, apenas como exemplos, com referência aos desenhos anexos. Agora, com referência específica aos desenhos em detalhes, enfatiza-se que as particularidades mostradas são exemplares e para os propósitos de discussão ilustrativa das aplicações da invenção. Nesse sentido, a descrição que acompanha os desenhos torna aparente àqueles com habilidade na técnica como as aplicações da invenção podem ser praticadas. Nos desenhos:

A Figura 1 é uma ilustração esquemática de um plasmídeo binário pGI modificado contendo o novo promotor At6669 (ID SEQ. N° 4880) e o GUSintron (pQYN_6669) utilizado para expressar as sequências do polinucleotídeo isolado da invenção. RB - borda direita do T-DNA; LB - borda esquerda do T-DNA; MCS - Sítio de clonagem múltipla; RE - qualquer enzima de restrição; NOS pro = promotor da nopalina sintase; NPT-II = gene da neomicina fosfotransferase; NOS ter = terminador da nopalina sintase; Sinal Poli-A (sinal de poliadenilação); GUSintron – o gene repórter da GUS (sequência codificadora e intron). As sequências do polinucleotídeo isolado da invenção foram clonadas no vetor enquanto substituíam o gene repórter

GUSintron.

[0094] A Figura 2 é uma ilustração esquemática do plasmídeo binário pGI modificado contendo o novo promotor At6669 (ID SEQ. N° 4880) (pQFN ou pQFNc) utilizado para expressar as sequências do polinucleotídeo isolado da invenção. RB [*right border*] - borda direita do T-DNA; LB [*left border*] - borda esquerda do T-DNA; MCS [*multiple cloning site*]- Local de clonagem múltipla; RE [*restriction enzyme*] - qualquer enzima de restrição; NOS pro [*nopalina synthase promoter*] = promotor da nopalina sintase; NPT-II [*neomycin phosphotransferase*] = gene da neomicina fosfotransferase; NOS ter [*nopalina synthase terminator*] = terminador da nopalina sintase; Sinal Poli-A (sinal de poliadenilação). As sequências do polinucleotídeo isolado da invenção foram clonadas no MCS do vetor.

[0095] As Figuras 3A-F são imagens que descrevem a visualização do desenvolvimento da raiz de plantas transgênicas de forma exógena expressando o polinucleotídeo de algumas aplicações da invenção quando cultivadas em placas de ágar transparentes sob condições normais (Figuras 3A-B), estresse osmótico (15% de PEG. Figs. 3C-D) ou limitação de nitrogênio (Figuras 3E-F). Os diferentes transgenes foram cultivados em placas de ágar transparente por 17 dias (7 dias de viveiro e 10 dias após a transplantação). As placas foram fotografadas a cada 3-4 dias iniciando no dia 1 após a transplantação Fig. 3A - Uma imagem de uma fotografia de plantas tiradas depois de 10 dias após a transplantação em placas de ágar quando cultivadas sob condições normais (padrão). Fig. 3B - Uma imagem da análise da raiz das plantas mostradas na Fig. 3A na qual os comprimentos das raízes medidas são representados por setas. Fig. 3C - Uma imagem de uma fotografia de plantas tiradas depois de 10 dias após a transplantação em placas de Agar, cultivadas sob condições altamente osmóticas (PEG 15%). Fig. 3D - Uma imagem da análise da raiz das plantas mostradas na Fig. 3C na qual os comprimentos das raízes medidas são representados por setas. Fig. 3E - Uma

imagem de uma fotografia de plantas tiradas depois de 10 dias após a transplantação em placas de ágar, cultivadas sob condições de baixo teor de nitrogênio. Fig. 3F - Uma imagem da análise da raiz das plantas mostradas na Fig. 3E na qual os comprimentos das raízes medidas são representados por setas.

[0096] A Figura 4 é uma ilustração esquemática do plasmídeo binário pGI modificado contendo o Promotor de Raiz (pQNa RP) utilizado para expressar as sequências do polinucleotídeo isolado da invenção. RB - borda direita do T-DNA; LB - borda esquerda do T-DNA; NOS pro = promotor da nopalina sintase; NPT-II = gene da neomicina fosfotransferase; NOS ter = terminador da nopalina sintase; Sinal Poli-A (sinal de poliadenilação; as sequências do polinucleotídeo isolado, de acordo com algumas aplicações da presente invenção, foram clonadas no MCS [Local de clonagem múltipla] do vetor.

[0097] A Figura 5 é uma ilustração esquemática do plasmídeo pQYN.

[0098] A Figura 6 é uma ilustração esquemática do plasmídeo pQFN.

[0099] A Figura 7 é uma ilustração esquemática do plasmídeo pQFYN.

[00100] A Figura 8 é uma ilustração esquemática do plasmídeo binário modificado pGI (pQXNc) utilizado para expressar as sequências de polinucleotídeo isolado de algumas aplicações da invenção. RB - T-DNA borda direita; LB - T-DNA borda esquerda; NOS pro = promotor de nopalina sintase; NPT-II = gene de neomicina fosfotransferase; NOS ter = terminador de nopalina sintase; RE = qualquer enzima de restrição; sinal de Poli-A (sinal de poliadenilação); 35S – o promotor 35S (pqfnc; ID SEQ. N° 4876). As sequências de polinucleotídeo isolado de algumas aplicações da invenção foram clonadas no MCS (local de clonagem múltipla) do vetor.

[00101] As Figuras 9A-B são ilustrações esquemáticas dos plasmídeos pEBbVNi tDNA (Figura 9A) e pEBbNi tDNA (Figura 9B),

utilizados nos experimentos com *Brachypodium*. O pEBbVNi tDNA (Figura 9A) foi utilizado para expressão das sequências de polinucleotídeos isolados de algumas aplicações da invenção em *Brachypodium*. O pEBbNi tDNA (Figura 9B) foi utilizado para a transformação em *Brachypodium* como um controle negativo. “RB [*right border*]” = borda direita; “2LBregion” = 2 repetições de borda esquerda; “35S” = promotor 35S (ID SEQ. N°: 4892); “NOS ter” = terminador da sintase de nopalina; “Bar ORF” - estrutura de leitura de abertura BAR (N° de Acesso GenBank JQ293091.1; ID SEQ. N°: 5436); A sequência de polinucleotídeo isolado das mesmas aplicações da invenção foi clonada no sítio de Clonagem Múltipla do vetor utilizando um ou mais do(s) sítio(s) de enzimas de restrição indicado(s).

DESCRIÇÃO DAS APLICAÇÕES ESPECÍFICAS DA INVENÇÃO

[00102] Os presentes inventores identificaram novos polipeptídeos e polinucleotídeos que podem ser utilizados para gerar estruturas de ácido nucleico, plantas transgênicas e aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água de uma planta.

[00103] Dessa forma, conforme mostrado na seção Exemplos a seguir, os presentes inventores utilizam ferramentas de bioinformática para identificar polinucleotídeos que aprimoram/aumentam a eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., eficiência no uso do nitrogênio), produção (p.ex., produção de sementes, produção de óleo, teor de óleo), taxa de crescimento, biomassa, vigor, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta. Os genes que afetam o traço de interesse foram identificados (ID SEQ. N° 496-794 para polipeptídeos; e ID SEQ. N° 1-495 para polinucleotídeos), com base nos perfis de expressão dos genes de diversos ecotipos de *Arabidopsis*,

Cevada, Sorgo, Milho, tomate e Milho-Painço, e acessos em vários tecidos e condições de cultivo, homologia com genes conhecidos por afetarem o traço de interesse e utilizarem o perfil de expressão digital em tecidos e condições específicas (Tabelas 1 e 3-99, Exemplos 1 e 3-11 da secção de Exemplos a seguir). Polipeptídeos e polinucleotídeos homólogos (p.ex., ortólogos) com a mesma função também foram identificados [ID SEQ. N° 2898-4855 (para polipeptídeos) e ID SEQ. N° 795-2897 (para polinucleotídeos); Tabela 2, Exemplo 2 da seção de Exemplos que se segue]. Os polinucleotídeos de algumas aplicações da invenção foram clonados em vetores binários (Exemplo 12, Tabela 100) e foram, ainda, transformados em plantas *Arabidopsis* e *Brachypodium* (Exemplos 13-15). Descobriu-se que as plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos identificados exibem um aumento da biomassa, da taxa de crescimento, do vigor e da produção em condições normais de cultivo ou em condições de cultivo limitantes de nitrogênio (Tabelas 101-128; Exemplos 16-20) e aumento da tolerância nas condições de estresse abiótico (p.ex., deficiência de nutriente) em comparação com o crescimento controlado das plantas nas mesmas condições de cultivo. Em conjunto, esses resultados sugerem o uso dos novos polinucleotídeos e polipeptídeos da presente invenção (p.ex., ID SEQ. N° 496-794 e 2898-4855 e ID SEQ. N° 1-495 e 795-2897) para aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção (p.ex., produção de óleo, produção de semente e teor de óleo), taxa de crescimento, biomassa, vigor, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, eficiência no uso da água e/ou tolerância ao estresse abiótico, de uma planta.

[00104] Desse modo, de acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., eficiência no uso do nitrogênio), teor de óleo, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, produção da fibra, qualidade

da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno, compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, ou, digamos, 100% homólogo à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855, aumentando, dessa forma, a eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., eficiência no uso do nitrogênio), teor de óleo, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[00105] Conforme utilizada aqui, a expressão “produção da planta” refere-se ao montante (p.ex., conforme determinado por peso ou tamanho) ou quantidade (números) de tecidos ou órgãos produzidos por plantas ou por estação de crescimento. Portanto, o aumento de produção de semente por planta pode afetar o benefício econômico que alguém pode obter da planta em uma determinada área de cultivo e/ou época de cultivo.

[00106] É importante observar que a produção da planta pode ser afetada por vários parâmetros, incluindo, mas não se limitando à biomassa da planta; vigor da planta; taxa de crescimento; produção de sementes; quantidade de sementes ou grãos; qualidade da semente ou grão; produção de óleo; teor de óleo, amido e/ou proteína em órgãos colhidos (p.ex., sementes ou partes vegetais da planta); número de flores (florezinhas) por panícula

(expressado como uma proporção do número de sementes preenchidos sobre o número de panículas primárias); índice de colheita; número de plantas cultivadas por área; número e tamanho dos órgãos colhidos por planta e por área; número de plantas por área de crescimento (densidade); número de órgãos colhidos em campo; área total da folha; assimilação de carbono e particionamento de carbono (a distribuição/alocação de carbono dentro da planta); resistência à sombra; número de órgãos coletáveis (p.ex., sementes), sementes por vagem, peso por semente; e arquitetura modificada [como aumento do diâmetro do caule, espessura ou melhoria das propriedades físicas (p.ex., elasticidade)].

[00107] Conforme utilizada aqui, a expressão “produção de semente” refere-se ao número ou ao peso das sementes por planta, sementes por vagem ou por área de cultivo ou ao peso de uma única semente, ou ao óleo extraído por semente. Portanto, a produção de semente pode ser afetada pelas dimensões da semente (p.ex., comprimento, largura, perímetro, área e/ou volume), pelo número de sementes (cheias) e pela taxa de enchimento da semente e pelo teor de óleo da semente. Portanto, o aumento de produção de semente por planta pode afetar o benefício econômico que alguém pode obter da planta em uma determinada área de cultivo e/ou época de cultivo; e o aumento da produção de semente por área de cultivo pode ser alcançado aumentando a produção de semente por planta, e/ou aumentando o número de plantas cultivadas em uma determinada área.

[00108] O termo “semente” (também referido como “grão” ou “núcleo”), conforme utilizado aqui, refere-se a uma planta embriônica pequena confinada em uma cobertura chamada de revestimento de semente (normalmente com algum alimento armazenado), o produto do óvulo amadurecido de plantas gimnosperma e angiosperma que ocorre após a fertilização e algum crescimento dentro da planta mãe.

[00109] A expressão “teor de óleo”, conforme utilizada aqui, refere-se

à quantidade de lipídeos de um determinado órgão da planta, sejam as sementes (teor de óleo da semente) ou a porção vegetal da planta (teor de óleo vegetal) e é expressa como um percentual de peso seco (10% de umidade das sementes) ou peso úmido (para a porção vegetal).

[00110] Deve-se observar que o teor de óleo é afetado pela produção intrínseca de óleo de um tecido (p.ex., semente, parte vegetal), bem como a massa ou tamanho do tecido de produção de óleo por planta ou por período de crescimento.

[00111] Em uma aplicação, o aumento do teor de óleo da planta pode ser atingido aumentando o tamanho/massa de tecido(s) de uma planta, que compreende o óleo por período de cultivo. Dessa forma, o aumento do teor de óleo de uma planta pode ser alcançado aumentando a produção, a taxa de crescimento, a biomassa e o vigor da planta.

[00112] Conforme utilizada aqui, a expressão “biomassa da planta” refere-se à quantidade (p.ex., medida em gramas de tecido secado pelo ar) de um tecido produzido a partir da planta em um período de cultivo, que também pode determinar ou afetar a produção da planta ou a produção por área de cultivo. Um aumento da biomassa da planta pode ocorrer em toda a planta ou em partes dela como partes acima do nível do solo (passível de colheita), biomassa vegetal, raízes e sementes.

[00113] Conforme utilizada aqui, a expressão “taxa de crescimento” refere-se ao aumento do tamanho do órgão/tecido da planta por período (pode ser medida em cm^2 por dia ou cm/dia).

[00114] Conforme utilizada aqui, a expressão “capacidade fotossintética” (também conhecida como “ $A_{\text{máx}}$ ”) é uma medida da taxa máxima na qual as folhas são capazes de fixar o carbono durante a fotossíntese. É tipicamente medida como a quantidade de dióxido de carbono que é fixada por metro quadrado por segundo, por exemplo, como $\mu\text{mol m}^{-2} \text{seg}^{-1}$. As plantas são capazes de aumentar sua capacidade fotossintética por

vários modos de ação, tais como por meio do aumento da área total de folhas (p.ex., por aumento da área de folhas, aumento do número de folhas e aumento do vigor da planta, p.ex., capacidade de a planta produzir novas folhas ao longo do curso de tempo), bem como por meio do aumento da capacidade da planta de executar de maneira eficiente a fixação do carbono nas folhas. Assim, o aumento da área total de folhas pode ser utilizado como um parâmetro de medição confiável para o aumento da capacidade fotossintética.

[00115] Conforme utilizada aqui, a expressão “vigor da planta” refere-se à quantidade (medida pelo peso) ou tecido produzido pela planta em um determinado período. Portanto o aumento do vigor pode determinar ou afetar a produção da planta ou a produção por período de cultivo ou por área de cultivo. Além disso, o vigor prematuro (semente e/ou muda) resulta em melhor posição no campo.

[00116] Melhorar o vigor precoce é um objetivo importante de modernos programas de reprodução de arroz em cultivares de arroz temperado e tropical. Raízes longas são importantes para fixação adequada do solo em arroz pré-germinado. Quando o arroz é diretamente semeado em campos alagados e onde as plantas devem emergir rapidamente através da água, brotos mais longos são associados com vigor. Onde a semeadura de perfuração é praticada, mesocótilos e coleótilos mais longos são importantes para bom surgimento das mudas. A habilidade de projetar vigor precoce nas plantas seria de grande importância na agricultura. P.ex., baixo vigor precoce tem sido uma limitação na introdução do milho (*Zea mays L.*) híbrido com base no germoplasma do Cinturão do Milho na Atlântica Europeia.

[00117] Deve-se observar que uma produção de planta pode ser determinada sob estresse (p.ex., estresse abiótico, condições limitantes de nitrogênio) e/ou condições de não estresse (normal).

[00118] Conforme utilizada aqui, a expressão “condições de não

estresse” refere-se às condições de cultivo (p.ex., água, temperatura, ciclos claro-escuro, umidade, concentração de sal, concentração de fertilizante no solo, fornecimento de nutriente tal como nitrogênio, fósforo e/ou potássio), que não significativamente vão além das condições climáticas diárias e outras abióticas que as plantas podem encontrar e que permitem o crescimento ideal, metabolismo, reprodução e/ou viabilidade de uma planta em qualquer estágio em seu ciclo de vida (p.ex., em uma planta de cultura da semente para uma planta madura e de volta para a semente novamente). Os técnicos no assunto estão cientes das condições normais do solo e climáticas para uma dada planta em uma dada localização geográfica. Deve ser notado que enquanto as condições de não estresse podem incluir algumas variações suaves das condições ideais (que variam de um tipo/espécie de uma planta para outra), tais variações não fazem com que a planta cesse o crescimento sem a capacidade de retomar o crescimento.

[00119] A expressão “estresse abiótico”, conforme utilizada aqui, refere-se a qualquer efeito adverso sobre o metabolismo, o crescimento, a reprodução e/ou a viabilidade da planta. Conseqüentemente, o estresse abiótico pode ser induzido por condições de cultivo ambiental subótimas como, p.ex., salinidade, estresse osmótico, privação de água, seca, inundação, congelamento, temperatura baixa ou elevada, toxicidade por metais pesados, anaerobiose, deficiência de nutrientes (p.ex., deficiência de nitrogênio ou nitrogênio limitado), poluição atmosférica ou irradiação UV. As implicações do estresse abiótico são discutidas na seção Histórico.

[00120] A expressão “tolerância ao estresse abiótico”, conforme utilizada aqui, refere-se à capacidade de uma planta em resistir a um estresse abiótico sem sofrer uma alteração substancial no metabolismo, crescimento, produtividade e/ou viabilidade.

[00121] As plantas são submetidas a uma gama de desafios ambientais. Diversos desses desafios, incluindo estresse salino, estresse osmótico geral,

estresse por aridez e estresse por congelamento, têm a habilidade de impactar na planta integral e na disponibilidade de água celular. Não é de surpreender, então, que as respostas da planta a essa coleção de estresses sejam relacionadas. Zhu (2002) *Ann. Rev. Planta Biol.* 53: 247-273 et al. Observe que “a maioria dos estudos na sinalização de estresse hídrico focou no estresse salino primariamente porque as respostas da planta ao sal e estiagem estão intimamente relacionadas e os mecanismos se sobrepõem”. Muitos exemplos de respostas similares e caminhos para esse conjunto de estresses foram documentados. For exemplo, os fatores de transcrição de CBF demonstraram condicionamento de resistência ao sal, congelamento e estiagem (Kasuga et al. (1999) *Nature Biotech.* 17: 287-291). O gene *Arabidopsis* rd29B é induzido em resposta ao estresse de sal e desidratação, um processo que é mediado amplamente através de um processo de transdução de sinal ABA (Uno et al. (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 97: 11632-11637), resultando em atividade alterada de fatores de transcrição que se ligam a um elemento a montante dentro do promotor rd29B. Em *Mesembryanthemum crystallinum* (planta de gelo), Patharker e Cushman mostraram que uma proteína cinase dependente do cálcio (McCDPK1) é induzida pela exposição aos estresses de estiagem e sal (Patharker e Cushman (2000) *Plant J.* 24: 679-691). A cinase induzida por estresse também demonstraram fosforilar um fator de transcrição, provavelmente alterando sua atividade, embora os níveis transcrições do fator de transcrição alvo não sejam alterados em resposta ao estresse de sal ou estiagem. Similarmente, Saijo et al. demonstraram que uma proteína cinase dependente de calmodulina induzida por sal/estiagem de arroz (OsCDPK7) conferiu tolerância elevada ao sal e estiagem para o arroz quando superexpressa (Saijo et al. (2000) *Planta J.* 23: 319-327).

[00122] A exposição à desidratação evoca estratégias similares de sobrevivência em plantas, assim como o estresse de congelamento (vide,

p.ex., Yelenosky (1989) *Planta Physiol* 89: 444-451) e o estresse de estiagem induz tolerância de congelamento (vide, p.ex., Siminovitch et al. (1982) *Planta Physiol* 69: 250-255; e Guy et al. (1992) *Plant* 188: 265-270). Além da indução de proteínas de aclimatação fria, estratégias que permitem que as plantas sobrevivam em baixas condições de água podem incluir, p.ex., área de superfície reduzida, ou produção de óleo ou cera da superfície. Em outro exemplo, o teor de soluto elevado da planta previne a evaporação e a perda de água devido ao calor, estiagem, salinidade, osmótico e similares, portanto provendo uma melhor tolerância aos estresses acima.

[00123] Será entendido que alguns caminhos envolvidos na resistência a um estresse (conforme descrito acima), também serão envolvidos em resistência a outros estresses, regulados pelos mesmos genes ou homólogos. Certamente, os caminhos de resistência estão relacionados, não idênticos e, portanto, nem todos os genes que controlam a resistência a um estresse controlarão a resistência a outros estresses. Não obstante, se uma resistência de condições de gene a um desses estresses, estaria evidente ao especialista na técnica o teste para resistência a esses estresses relacionados. Os métodos de avaliação da resistência ao estresse também São fornecidos na seção de Exemplos a seguir.

[00124] Conforme utilizada aqui, a expressão “eficiência no uso da água (WUE|*water use efficiency*)” refere-se ao nível de matéria orgânica produzido por unidade de água consumida pela planta, isto é, o peso seco de uma planta em relação à utilização de água da planta, p.ex., a biomassa produzida por transpiração unitária.

[00125] Conforme utilizada aqui, a expressão “eficiência no uso de fertilizante” refere-se ao(s) processo(s) metabólico(s) que leva(m) a um aumento na produção da planta, biomassa, vigor e taxa de crescimento por unidade de fertilizante aplicada. O processo metabólico pode ser a captação, propagação, absorção, acúmulo, realocação (dentro da planta) e utilização de

um ou mais minerais e porções orgânicas absorvidas pela planta, tais como nitrogênio, fosfatos e/ou potássio.

[00126] Conforme utilizada aqui, a expressão “condições limitantes de fertilizante” refere-se às condições de cultivo que incluem um nível (p.ex., concentração) de um fertilizante aplicado que está abaixo do nível necessário para o metabolismo normal da planta, crescimento, reprodução e/ou viabilidade.

[00127] Conforme utilizada aqui, a expressão “eficiência no uso de nitrogênio (NUE)” refere-se ao(s) processo(s) metabólico(s) que leva(m) a um aumento na produção da planta, biomassa, vigor e taxa de crescimento por unidade de nitrogênio aplicada. O processo metabólico pode ser a captação, propagação, absorção, acúmulo, realocação (dentro da planta) e utilização de nitrogênio absorvido pela planta.

[00128] Conforme utilizada aqui, a expressão “condições limitantes de nitrogênio” refere-se às condições de cultivo que incluem um nível (p.ex., concentração) de nitrogênio (isto é, amônia ou nitrato) aplicado que está abaixo do nível necessário para o metabolismo normal da planta, crescimento, reprodução e/ou viabilidade.

[00129] A NUE e FUE melhorada da planta são traduzidas no campo em quantidades semelhantes de colheita da produção, enquanto implementam menos fertilizantes, ou produções melhoradas adquiridas pela implementação dos mesmos níveis de fertilizantes. Assim, NUE ou FUE melhorada tem um efeito direto na produção de planta no campo. Assim, os polinucleotídeos e polipeptídeos de algumas aplicações da invenção afetam positivamente a produção de planta, produção de semente e biomassa de planta. Além disso, o benefício da NUE melhorada de planta certamente melhorará a qualidade da cultura e constituintes bioquímicos da semente tais como produção de proteína e produção de óleo.

[00130] Deve-se observar que um ABST melhorado conferirá às

plantas vigor melhorado também em condições de não estresse, resultando em culturas que possuem biomassa e/ou produção melhorada, p.ex., fibras alongadas para a indústria de algodão, teor de óleo mais alto.

[00131] O termo “fibra” é normalmente inclusivo de células de condução de parede espessa, tais como vasos e traqueídeos, e para fibrilares agregados de muitas células de fibra individual. Por isso, o termo “fibra” refere-se a (a) células de condução e não condução de parede espessa do xilema; (b) fibras de origem extraxilar, incluindo aquelas de floema, casca, tecido do solo e epiderme; e (c) fibras dos caules, folhas, raízes, sementes e flores ou inflorescências (tais como aquelas de *Sorghum vulgare* utilizadas na fabricação de escovas e vassouras).

[00132] Exemplos de planta que produz fibra, incluem, entre outros, culturas agrícolas tais como algodão, árvore de seda de algodão (Paina, *Ceiba pentandra*), salgueiro do deserto, arbusto de creosoto, *winterfat*, balsa, quenafe, rosala, juta, sisal abaca, linho, milho, cana de açúcar, cânhamo, rami, paina, fibra de coco, bambu, musgo espanhol e *Agave spp.* (p.ex., sisal).

[00133] Conforme utilizada aqui, a expressão “qualidade da fibra” refere-se a pelo menos um parâmetro de fibra que é agricolamente desejado, ou requerido na indústria de fibra (também descrito adiante). Exemplos de tais parâmetros incluem, entre outros, comprimento da fibra, resistência da fibra, adequação da fibra, peso da fibra por comprimento da unidade, proporção de maturidade e uniformidade (também descrito adiante).

[00134] A qualidade da fibra de algodão (gaze) é tipicamente medida de acordo com o comprimento, resistência e delicadeza da fibra. Conseqüentemente, a qualidade da gaze é considerada mais alta quando a fibra é mais longa, mais forte e mais fina.

[00135] Conforme utilizada aqui, a expressão “produção da fibra” refere-se à quantidade ou qualidade das fibras produzidas da planta que produz fibra.

[00136] Conforme utilizado aqui, o termo “aumento” refere-se a, pelo menos cerca de 2%, pelo menos cerca de 3%, pelo menos cerca de 4%, pelo menos cerca de 5%, pelo menos cerca de 10%, pelo menos cerca de 15%, pelo menos cerca de 20%, pelo menos cerca de 30%, pelo menos cerca de 40%, pelo menos cerca de 50%, pelo menos cerca de 60%, pelo menos cerca de 70%, pelo menos cerca de 80% de aumento na eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, produção de semente, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta comparada a uma planta nativa ou planta do tipo selvagem [*isto é*, uma planta não modificada com as biomoléculas (polinucleotídeo ou polipeptídeos) da invenção, p.ex., um planta não transformada da mesma espécie que é cultivada sob as mesmas condições (p.ex., idênticas) de crescimento].

[00137] A expressão “expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno”, conforme utilizada aqui, refere-se à regulação ascendente do nível de expressão de um polinucleotídeo exógeno dentro da planta, introduzindo o polinucleotídeo exógeno em uma planta ou célula da planta e expressando-o por meios recombinantes, conforme também descrito logo abaixo.

[00138] Conforme utilizado aqui, “expressar” refere-se à expressão no mRNA e, opcionalmente, no nível de polipeptídeo.

[00139] Conforme utilizada aqui, a expressão “polinucleotídeo exógeno” refere-se a uma sequência de ácido nucleico heterólogo que pode não ser naturalmente expressa dentro da planta (p.ex., uma sequência de ácido nucleico de espécies diferentes) ou na qual a superexpressão na planta é desejada. O polinucleotídeo exógeno pode ser introduzido na planta em uma maneira estável ou transitória, de modo a produzir uma molécula de ácido ribonucleico (RNA | *ibonucleic acid*) e/ou uma molécula de polipeptídeo. Deve-se observar que o polinucleotídeo exógeno pode compreender uma

sequência de ácido nucleico que é idêntica ou parcialmente homóloga a uma sequência de ácido nucleico endógena da planta.

[00140] O termo “endógeno”, conforme utilizado aqui, refere-se a qualquer polinucleotídeo ou polipeptídeo que está presente e/ou naturalmente expresso dentro de uma planta ou uma célula da mesma.

[00141] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno da invenção compreende uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo tendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, ou, digamos, 100% homóloga à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consiste das ID SEQ. N° 496-794, 2898- 3645, 3647-4854 e 4855.

[00142] As sequências homólogas incluem ambas as sequências, ortólogas e parálogas. O termo “parálogo” refere-se às duplicações de gene dentro do genoma de uma espécie, conduzindo aos genes parálogos. O termo “ortólogo” refere-se aos genes homólogos em diferentes organismos devido à relação ancestral. Assim, ortólogos são contrapartes evolucionárias derivadas de genes ancestrais únicos no último ancestral comum de duas espécies dadas (Koonin EV e Galperin MY (*Sequence - Evolution - Function: Computational Approaches in Comparative Genomics*. Boston: Kluwer Academic; 2003. Capítulo 2, Evolutionary Concept in Genetics e Genomics. Disponível em: [ncbi \(ponto\) nlm \(ponto\) nih \(ponto\) gov/books/NBK20255](http://ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK20255)) e, portanto, possuem grande possibilidade de terem a mesma função.

[00143] Uma opção para identificar ortólogos em espécies de plantas monocotiledôneas é a realização de uma pesquisa de explosão recíproca. Isso pode ser feito através de uma primeira explosão, envolvendo explodir a sequência de interesse contra qualquer base de dados da sequência, tal como a base de dados do NCBI publicamente disponível que pode ser encontrada em: [ncbi \(ponto\) nlm \(ponto\) nih \(ponto\) gov](http://ncbi.nlm.nih.gov). Se forem procurados ortólogos no arroz, a sequência de interesse seria detonada novamente, p.ex., os 28.469 clones de cDNA de comprimento total de *Oryza Sativa Nipponbare* disponível em NCBI. Os resultados da explosão podem ser filtrados. As sequências de comprimento total dos resultados filtrados ou dos resultados não filtrados são então detonadas de volta (segunda explosão) contra as sequências do organismo das quais a sequência de interesse é derivada. Os resultados das primeira e segunda explosões são, então, comparados. Um ortólogo é identificado quando a sequência resultando na maior pontuação (melhor acerto) na primeira explosão identifica na segunda explosão a sequência de consulta (a sequência de interesse original) como o melhor acerto. Utilizando o mesmo racional, um parólogo (homólogo a um gene no mesmo organismo) é encontrado. No caso de grandes famílias de sequência, o programa ClustalW pode ser utilizado [[ebi \(ponto\) ac \(ponto\) uk/Tools/clustalw2/index \(ponto\) html](http://ebioinformatics.org/Tools/clustalw2/index.html)], seguido por uma árvore de união vizinha ([wikipedia \(ponto\) org/wiki/Neighbor-joining](http://wikipedia.org/wiki/Neighbor-joining)) que ajuda na visualização do agrupamento.

[00144] A homologia (p.ex., homologia percentual, identidade de sequência + similaridade de sequência) pode ser determinada utilizando qualquer software para comparação de homologia que calcule o alinhamento de sequência em pares.

[00145] Conforme utilizado aqui, “identidade de sequência” ou “identidade”, no contexto de duas sequências de ácidos nucleicos ou polipeptídeos, inclui referência aos resíduos nas duas sequências, que são os

mesmos quando alinhados. Quando a porcentagem de identidade de sequência é utilizada em referência às proteínas, reconhece-se que as posições dos resíduos que não são idênticos diferem frequentemente por substituições conservativas de aminoácidos, nas quais os resíduos de aminoácidos são substituídos por outros resíduos de aminoácidos com propriedades químicas semelhantes (p.ex., carga ou hidrofobicidade) e, portanto, não alteram as propriedades funcionais da molécula. Quando as sequências diferem em substituições conservativas, a porcentagem de identidade de sequência pode ser ajustada para cima para corrigir a natureza conservadora da substituição. As sequências que diferem por tais substituições conservativas são referidas como tendo “similaridade de sequência” ou “similaridade”. Os meios para fazer esse ajuste são bem conhecidos dos especialistas na técnica. Tipicamente, isso envolve atingir uma substituição conservativa como uma parcial em vez de uma incompatibilidade total, aumentando, desse modo, a porcentagem de identidade de sequência. Assim, por exemplo, quando for atribuída uma pontuação de 1 a um aminoácido idêntico e quando for atribuída uma pontuação de zero a uma substituição não conservativa, será atribuída uma pontuação entre zero e 1 a uma substituição conservativa. A pontuação de substituições conservativas é calculada, p.ex., de acordo com o algoritmo de Henikoff S e Henikoff JG. [*Amino acid substitution matrices from protein blocks*. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 1992, 89(22): 10915-9].

[00146] A identidade (p.ex., percentual de homologia) pode ser determinada utilizando qualquer software para comparação de homologia, incluindo, por exemplo, o software BlastN do National Center of Biotechnology Information [NCBI *Centro Nacional de Informação de Biotecnologia*], tal como utilizando parâmetros padrões.

[00147] De acordo com algumas aplicações da invenção, a identidade é uma identidade global, ou seja, uma identidade sobre toda a sequência de aminoácidos ou de ácido nucleico da invenção e não apenas sobre partes

respectivas.

[00148] De acordo com algumas aplicações da invenção, o termo “homologia” ou “homólogo” refere-se à identidade de duas ou mais sequências de ácido nucleico; ou identidade de duas ou mais sequências de aminoácidos; ou a identidade de uma sequência de aminoácidos para uma ou mais sequências de ácido nucleico.

[00149] De acordo com algumas aplicações da invenção, a homologia é uma homologia global, ou seja, uma homologia sobre toda a sequência de aminoácidos ou de ácido nucleico da invenção e não apenas sobre partes respectivas.

[00150] O grau de homologia ou de identidade entre duas ou mais sequências pode ser determinado usando várias ferramentas de comparação de sequências conhecidas. Na sequência há uma descrição não limitante de tais ferramentas, que podem ser utilizadas juntamente com algumas aplicações da invenção.

[00151] O alinhamento global em pares foi definido por S. B. Needleman e C. D. Wunsch, “*A general method applicable to the search of similarities in the amino acid sequence of two proteins*” *Journal of Molecular Biology*, 1970, páginas 443-53, volume 48).

[00152] Por exemplo, ao começar com uma sequência polipeptídica e comparar com outras sequências polipeptídicas, o algoritmo EMBOSS-6.0.1 de Needleman-Wunsch (disponível em [emboss\(dot\)sourceforge\(dot\)net/apps/cvs/emboss/apps/needle\(dot\)html](http://emboss(dot)sourceforge(dot)net/apps/cvs/emboss/apps/needle(dot)html)) pode ser utilizado para encontrar o alinhamento ideal (incluindo as lacunas) de duas sequências juntamente com seus comprimentos totais – um “Alinhamento global”. Os parâmetros padrões para o algoritmo de Needleman-Wunsch (EMBOSS-6.0.1) incluem: `gapopen=10; gapextend=0.5; datafile=EBLOSUM62; brief=YES`.

[00153] De acordo com algumas aplicações da invenção, os parâmetros

utilizados com a ferramenta EMBOSS- 6.0.1 (para a comparação proteína-proteína) incluem: gapopen=8; gapextend=2; datafile= EBLOSUM62; brief=YES.

[00154] De acordo com algumas aplicações da invenção, o limite utilizado para determinar a homologia utilizando o algoritmo EMBOSS-6.0.1 de Needleman-Wunsch é 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou 100%.

[00155] Ao começar com uma sequência polipeptídica e comparar a sequências polinucleotídicas, o algoritmo OneModel FramePlus (Halperin, E., Faigler, S. e Gill-More, R. (1999) - *FramePlus: aligning DNA to protein sequences*. *Bioinformatics*, 15, 867–873) (disponível em [bioceleration\(ponto\)com/Products\(ponto\)html](#)) pode ser utilizado com os seguintes parâmetros padrões: model=frame+_p2n.model mode=local.

[00156] De acordo com algumas aplicações da invenção, os parâmetros utilizados com o algoritmo OneModel FramePlus são model=frame+_p2n.model, mode=qglobal.

[00157] De acordo com algumas aplicações da invenção, o limite utilizado para determinar a homologia usando o algoritmo OneModel FramePlus é 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou 100%.

[00158] Ao começar com uma sequência polinucleotídica e comparar com outras sequências polinucleotídicas, o algoritmo EMBOSS-6.0.1 de Needleman-Wunsch (disponível em [emboss\(ponto\)sourceforge\(ponto\)net/apps/cvs/emboss/apps/needle\(ponto\)html](#)) pode ser utilizado com os seguintes parâmetros padrões. (EMBOSS-6.0.1) gapopen=10; gapextend=0.5; datafile= EDNAFULL; brief=YES.

[00159] De acordo com algumas aplicações da invenção, os parâmetros utilizados com o algoritmo EMBOSS- 6.0.1 de Needleman-Wunsch são

gapopen=10; gapextend=0.2; datafile= EDNAFULL; brief=YES.

[00160] De acordo com algumas aplicações da invenção, o limite utilizado para determinar a homologia usando o algoritmo EMBOSS-6.0.1 de Needleman-Wunsch para a comparação de polinucleotídeos com polinucleotídeos é 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou 100%.

[00161] De acordo com algumas aplicações, as determinações do grau de homologia requerem adicionalmente o emprego do algoritmo de Smith-Waterman (para a comparação proteína-proteína ou comparação nucleotídeo-nucleotídeo).

[00162] Os parâmetros padrões para o algoritmo GenCore 6.0 Smith-Waterman incluem: modelo =sw.model.

[00163] De acordo com algumas aplicações da invenção, o limite utilizado para determinar a homologia usando o algoritmo de Smith-Waterman é 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou 100%.

[00164] De acordo com algumas aplicações da invenção, a homologia global é realizada sobre as sequências pré-selecionadas por homologia local para o polipeptídeo ou polinucleotídeo de interesse (p.ex., 60% de identidade sobre 60% do comprimento da sequência) antes da realização da homologia global para o polipeptídeo ou polinucleotídeo de interesse (p.ex., 80% de homologia global sobre toda a sequência). Por exemplo, as sequências homólogas são selecionadas usando o software BLAST com os algoritmos Blastp e tBlastn agindo como filtros para o primeiro estágio e a agulha (pacote EMBOSS) ou o alinhamento Estrutura+algorítmico para o segundo estágio. A identidade local (alinhamentos Blast) é definida com um corte bastante permissivo – 60% de Identidade em um intervalo de 60% dos comprimentos de sequências, porque é utilizada tão somente como um filtro para a fase de alinhamento global. Nesta aplicação específica (quando a

identidade local é utilizada) a filtragem padrão do pacote Blast não é utilizada (estabelecendo o parâmetro “-F F”).

[00165] No segundo estágio, os homólogos são definidos com base na identidade global de, pelo menos, 80% para a sequência polipeptídica principal.

[00166] De acordo com algumas aplicações da invenção, duas formas distintas para a descoberta do alinhamento global ideal para as sequências de proteína ou nucleotídica são utilizadas:

1. Entre duas proteínas (seguindo o filtro blastp):

Algoritmo EMBOSS-6.0.1 de Needleman-Wunsch com os seguintes parâmetros modificados: gapopen=8 gapextend=2. O restante dos parâmetros permanece inalterado a partir das opções padrões listadas aqui:

Qualificadores padrões (Obrigatórios):

[-asequence] sequência Nome do arquivo da sequência e formato opcional, ou referência (entrada EUA).

[-bsequence] seqall Nome do arquivo da(s) sequência(s) e formato opcional, ou referência (entrada EUA)

-gapopen flutuante [10,0 para qualquer sequência]. A penalidade da lacuna aberta é uma classificação tomada quando uma lacuna é criada. O melhor valor depende da escolha do arranjo de comparação. O valor padrão pressupõe que você está usando o arranjo EBLOSUM62 para as sequências de proteína e a matriz EDNAFULL para as sequências nucleotídicas (número de vírgula flutuante de 1,0 a 100,0).

-gapextend flutuante [0,5 para qualquer sequência]. A penalidade pela extensão da lacuna, é adicionada à penalidade da lacuna padrão para cada base ou resíduo na lacuna. Esta é o tempo pelo qual a lacuna é penalizada. Normalmente espera-se poucas lacunas grandes e não muitas lacunas pequenas, assim a penalidade sobre a extensão da lacuna deveria ser menor que a penalidade da lacuna. Uma exceção se dá quando uma ou mais sequências são lidas sozinhas com possíveis erros de sequência em cujo caso você esperaria muitas lacunas de base simples. Pode-se obter este resultado estabelecendo a penalidade por lacuna aberta para zero (ou muito baixa) e usando a penalidade de extensão da lacuna para controlar a classificação da lacuna. (número de vírgula flutuante de 0,0 a 10,0).

[-outfile] alinhamento [*needle] Nome do arquivo de alinhamento de saída

Qualificadores Adicionais (Opcional):

-datafile matrixf [EBLOSUM62 para proteína, EDNAFULL para DNA]. Este é um arquivo do arranjo de classificação utilizado ao comparar as sequências. Por padrão, este é o arquivo 'EBLOSUM62' (para proteínas) ou o arquivo 'EDNAFULL' (para sequências nucleicas) Estes arquivos são encontrados no diretório 'data' da instalação EMBOSS.

Qualificadores Avançados (Espontâneos):

-[no]brief booleano [Y] Breve identidade e similaridade.

Qualificadores Associados:

"-asequence" Qualificadores Associados.

-sbegin1 inteiro Inicia a sequência a ser utilizada.

-send1 inteiro Finaliza a sequência a ser utilizada.

-sreverse1 booleano Reverso (se DNA).

-sask1	booleano	Pede para iniciar/finalizar/reverter.
-snucleotide1	booleano	A sequência é nucleotídica.
-sprotein1	booleano	A sequência é de proteína.
-slower1	booleano	Faz minúsculas.
-supper1	booleano	Faz maiúsculas.
-sformat1	cadeia	Formato de sequência de entrada.
-sdbname1	cadeia	Nome da base de dados.
-sid1	cadeia	Nome da entrada.
-ufo1	cadeia	Recursos UFO.
-fformat1	cadeia	Formato dos Recursos.
-fopenfile1	cadeia	Nome do arquivo dos recursos.
"-bsequence"	Qualificadores Associados.	
-sbegin2	inteiro	Inicia cada sequência a ser utilizada.
-send2	inteiro	Finaliza cada sequência a ser utilizada.
-sreverse2	booleano	Reverso (se DNA).
-sask2	booleano	Pede para iniciar/finalizar/reverter.
-snucleotide2	booleano	A sequência é nucleotídica.
-sprotein2	booleano	A sequência é de proteína.
-slower2	booleano	Faz minúsculas.
-supper2	booleano	Faz maiúsculas.
-sformat2	cadeia	Formato de sequência de entrada.
-sdbname2	cadeia	Nome da base de dados.
-sid2	cadeia	Nome da entrada.
-ufo2	cadeia	Recursos UFO.
-fformat2	cadeia	Formato dos Recursos.
-fopenfile2	cadeia	Nome do arquivo dos recursos.
-outfile"	Qualificadores Associados.	
-aformat3	cadeia	Formato dos Alinhamentos.
-aextension3	cadeia	Extensão do nome do arquivo.
-adirectory3	cadeia	Diretório de Saída.
-aname3	cadeia	Nome do arquivo de base.
-awidth3	inteiro	Largura do alinhamento.
-aaccshow3	booleano	Mostra o número de acesso no cabeçalho.
-adesshow3	booleano	Mostra a descrição no cabeçalho.
-ausashow3	booleano	Mostra o USA completo no alinhamento.
-aglobal3	booleano	Mostra a sequência completa no alinhamento.
Qualificadores Gerais:		
-auto	booleano	Desliga as solicitações.
-stdout	booleano	Escreve o primeiro arquivo para a saída padrões.
-filtro	booleano	Lê o primeiro arquivo a partir da entrada padrão, escreve o primeiro arquivo para a saída padrão.
-Opções	booleano	Solicita os valores padrão e adicionais.
-debug	booleano	Escreve a saída de depuração do programa .dbg
-verbose	booleano	Registra algumas/todas as opções de linha de comando.
-help	booleano	Registra as opções de linha de comando. Maiores informações sobre os qualificadores associados e gerais podem ser encontradas com - help -verbose.
-warning	booleano	Registra as advertências.
-error	booleano	Registra os erros.
-fatal	booleano	Registra os erros fatais.
-die	booleano	Registra as mensagens de expiração do programa.

2. Entre uma sequência de proteína e uma sequência nucleotídica (segundo o filtro rblastn) Aplicação de Gencore 6.0 Onemodel utilizando a estrutura+algoritmo com os seguintes parâmetros: model=frame+_p2n.model mode=qglobal - q=protein.sequence -db= nucleotide.sequence. O restante dos parâmetros permanece inalterado a partir das opções padrões:

Uso:

```
om -model=<model_fname> [-q=query] [-db=]database [options].
-model=<model_fname> Especifica o modelo que quer executar. Todos os modelos fornecidos pela CompuGen estão localizados no diretório $CGNROOT/models/.
```

Parâmetros válidos de linha de comando:

```
-dev=<dev_name> Seleciona o dispositivo a ser utilizado pela aplicação.
```

Os dispositivos válidos são:

```
bic - Bioccelerator (válido para SW, XSW, FRAME N2P, e modelos FRAME_P2N).
xlg - BioXL/G (válido para todos os modelos, exceto XSW).
xlp - BioXL/P (válido para SW, FRAME+_N2P, e modelos FRAME_P2N).
xlh - BioXL/H (válido para SW, FRAME+_N2P, e modelos FRAME_P2N).
soft - Dispositivo do software (para todos os modelos).

-q=<query> Define o conjunto de consultas. As consultas podem ser um arquivo de sequência ou uma referência à base de dados. Você pode especificar uma consulta pelo nome ou por número de acesso. O formato é detectado automaticamente. Entretanto, pode-se especificar um formato usando o parâmetro -qfmt. Se uma consulta não for especificada, o programa solicita uma. Se o conjunto de consultas for uma referência à base de dados, um arquivo de saída é produzido para cada sequência na consulta.

-db=<database name> Escolha o conjunto de base de dados. O conjunto de base de dados pode ser um arquivo de sequência ou uma referência à base de dados. O formato da base de dados é detectado automaticamente. Entretanto, pode-se especificar um formato usando o parâmetro -dfmt.

-qacc Adiciona este parâmetro à linha de comando se uma consulta for especificada usando os números de acesso.

-dacc Adiciona este parâmetro à linha de comando se uma base de dados for especificada usando os números de acesso.

-dfmt/-qfmt=<format_type> Escolhe o tipo do formato da base de dados/consulta. Os formatos possíveis são:
pe>
fasta - fasta com o tipo de sequência autodetectada.
fastap - sequência de proteína fasta.
fastan - sequência nucleica fasta.
gcg - formato gcg, o tipo é autodetectado.
```

```

gcg9seq          formato   gcg9,   o   tipo   é
                  autodetectado.
gcg9seqp -      sequência de proteína de formato
                  gcg9.
gcg9seqn -      sequência nucleica de formato
                  gcg9.
nbrf -          sequência   nbrf,   o   tipo   é
                  autodetectado.
nbrfp -         sequência de proteína nbrf.
nbrfn -         sequência nucleica nbrf.
embl -         formato embl e swissprot.
genbank -      formato genbank (nucleico).
blast -        formato blast.
nbrf_gcg -     sequência   nbrf_gcg,   o   tipo   é
                  autodetectado.
nbrf_gcgp -    sequência de proteína nbrf-gcg.
nbrf_gcgn -    sequência nucleica nbrf-gcg.
raw -          sequência raw ascii, o tipo é
                  autodetectado.
rawp -         sequência de proteína raw ascii.
rawn -         sequência nucleica raw ascii.

pir -          formato pir codata, o tipo é
                  autodetectado.
Profile -      perfil gcg (válido somente para
                  -qfmt em SW, XSW, FRAME P2N e
                  FRAME+_P2N).

-out=<out_fname> O nome do arquivo de saída.
-suffix=<name>   O sufixo do nome do arquivo de saída.
-gapop=<n>       Penalidade sobre a abertura de lacuna. Este
                  parâmetro não é válido para a FRAME+. Para a
                  FrameSearch o padrão é 12,0. Para outras
                  pesquisas o padrão é 10,0.
-gapext=<n>     Penalidade por extensão de lacuna. Este
                  parâmetro não é válido para FRAME+. Para a
                  FrameSearch o padrão é 4,0. Para outros
                  modelos: o padrão para as pesquisas de
                  proteína é 0,05 e o padrão para as pesquisas
                  nucleicas é 1,0.
-qgapop=<n>     A penalidade pela abertura de uma lacuna na
                  sequência de consultas. O padrão é 10,0.
                  Válido para XSW.
-qgapext=<n>    A penalidade para a extensão de uma lacuna na
                  sequência de questões. O padrão é 0,05.
                  Válido para XSW.
-start=<n>      A posição na sequência de consulta para
                  iniciar a pesquisa.
-end=<n>        A posição na sequência de consulta para
                  interromper a pesquisa.
-qtrans        Realiza uma pesquisa traduzida, relevante
                  para uma consulta nucleica contra uma base de
                  dados de proteína. A consulta nucleica é
                  traduzida para seis estruturas de leitura e
                  um resultado é fornecido para cada estrutura.
                  Válido para o SW e XSW.
-dtrans        Realiza uma pesquisa traduzida,
                  relevante para uma consulta proteica contra
                  uma base de dados de DNA. Cada entrada da
                  base de dados é traduzida para seis quadros
                  de leitura e um resultado é dado para cada
                  quadro.

```


Válido para o SW e XSW.
 Nota: as opções "-gtrans" e "-dtrans" são mutuamente exclusivas.

-matrix=<matrix_file> Especifica o arranjo de comparação a ser utilizada na pesquisa. O arranjo deve estar em formato BLAST. Se o arquivo do arranjo não for localizado em \$CGNROOT/tables/matrix, especifique o caminho completo como o valor do -matrix parameter.

-trans=<transtab_name> Tabela de tradução. A localização padrão para a tabela é \$CGNROOT/tables/trans.

-onestrand Restringe a pesquisa para somente a vertente superior da consulta/base de dados da sequência nucleica.

-list=<n> O tamanho máximo da lista de acertos de saída. O padrão é 50.

-docalign=<n> O número das linhas de documentação precedente a cada alinhamento. O padrão é 10.

-thr_score=<score_name> A classificação que coloca um limite à exibição dos resultados. Classificações menores que o valor mínimo de -thr min ou maiores que o valor -thr_max não são mostradas. As opções válidas são: qualidade. Escore. Escore.

-thr_max=<n> O limite mais alto da classificação. Resultados maiores que o valor -thr max não são mostrados.

-thr_min=<n> O menor limite da classificação. Resultados menores que o valor -thr min não são mostrados.

-align=<n> O número de alinhamentos registrados no arquivo de saída.

-noalign Não exibe o alinhamento.

Nota: os parâmetros "-align" e "-noalign" são mutuamente exclusivos.

-outfmt=<format_name> Especifica o tipo de formato de saída. O formato padrão é PFS. Os valores possíveis são:

PFS - Formato de texto PFS
 FASTA - formato de texto FASTA
 BLAST - formato de texto BLAST

-nonorm Não realiza a normalização da classificação.

-norm=<norm_name> Especifique o método de normalização. As opções válidas são:

log - normalização do algoritmo.
 std - normalização padrão.
 stat - Método estatístico de Ervilharson

Nota: os parâmetros "-nonorm" e "-norm" não podem ser utilizados juntos.

Nota: Parâmetros -xgapop, -xgapext, -fgapop, -fgapext, -ygapop, -ygapext, -delop e -delext se aplicam somente a FRAME+.

-xgapop=<n> A penalidade para a abertura de uma lacuna ao inserir um codão (triplo). O padrão é 12,0.

-xgapext=<n> A penalidade para a extensão de uma lacuna ao inserir um codão (triplo). O padrão é 4,0.

-ygapop=<n> A penalidade para a abertura de uma lacuna ao excluir um aminoácido. O padrão é 12,0.

-ygapext=<n> A penalidade para a extensão de uma lacuna ao excluir um aminoácido. O padrão é 4,0.

-fgapop=<n> A penalidade para a abertura de uma lacuna ao

```

-fgapext=<n>          inserir uma base de DNA. O padrão é 6,0.
                     A penalidade para a extensão de uma lacuna ao
                     inserir uma base de DNA. O padrão é 7,0.
-delop=<n>           A penalidade para a abertura de uma lacuna ao
                     excluir uma base de DNA. O padrão é 6,0.
-delext=<n>          A penalidade para a extensão de uma lacuna ao
                     excluir uma base de DNA. O padrão é 7,0.
-silent              Nenhuma saída para a tela é produzida.
-host=<host_name>    O nome do organizador sobre o qual o servidor
                     funciona. Por padrão, a aplicação usa um
                     organizador específico no arquivo
                     $CGNROOT/cgnhosts.
-wait                Não acesse o segundo plano quando o
                     dispositivo estiver ocupado. Esta opção não é
                     relevante para o pseudodispositivo Parseq ou
                     Soft.
-batch              Execute o trabalho em segundo plano. Quando
                     esta opção for específica, o arquivo
                     "$CGNROOT/defaults/batch.defaults" é
                     utilizado para escolher o comando batch. Se o
                     arquivo não existir, o comando "at now" é
                     utilizado para executar o trabalho.

Nota: Os parâmetros "-batch" e "-wait" são mutuamente exclusivos.
-version            Imprime o número de versão do software.
-help              Exibe esta mensagem de ajuda. Para ajuda mais
                     específica digite: "om -model=<model fname> -
                     help".

```

[00167] De acordo com algumas aplicações, a homologia é uma homologia local ou uma identidade local.

[00168] As ferramentas de algoritmo local incluem, mas não são limitadas ao software BlastP, BlastN, BlastX ou TBLASTN do Centro Nacional de Informação de Biotecnologia (NCBI), FASTA e o algoritmo de Smith-Waterman.

[00169] Uma pesquisa tblastn permite a comparação entre uma sequência de proteína e as traduções de seis estruturas de uma base de dados de nucleotídeos. Pode ser uma maneira bastante produtiva de encontrar regiões codificadas de proteína homóloga em sequências de nucleotídeos não anotadas, tais como as etiquetas de sequências expressas [ESTs expressed sequence tags] e projetos de registros do genoma [HTG draft genome records], localizados nas bases de dados BLAST est e htgs, respectivamente.

[00170] Os parâmetros padrões para o blastp incluem: Sequências de alvo máximo: 100; Limite esperado: e- 5; Tamanho da palavra: 3; Correspondências máximas em uma faixa de consulta: 0; Parâmetros de classificação: Matriz - BLOSUM62; filtros e camuflagem: Filtro – regiões de

baixa complexidade.

[00171] Ferramentas de alinhamento local que podem ser utilizadas incluem, mas não são limitadas ao algoritmo tBLASTX, que compara os produtos de tradução conceitual de seis estruturas de uma sequência de consultas de nucleotídeos (ambas as vertentes) contra uma base de dados de sequência de proteína. Os parâmetros padrões incluem: Sequências de alvo máximo: 100; Limite esperado: 10; Tamanho da palavra: 3; Correspondências máximas em uma faixa de consulta: 0; Parâmetros de classificação: Matriz - BLOSUM62; filtros e camuflagem: Filtro – regiões de baixa complexidade.

[00172] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno da invenção codifica um polipeptídeo tendo uma sequência de aminoácidos de, pelo menos, 80%, pelo menos 81%, pelo menos 82%, pelo menos 83%, pelo menos 84%, pelo menos 85%, pelo menos 86%, pelo menos 87%, pelo menos 88%, pelo menos 89%, pelo menos 90%, pelo menos 91%, pelo menos 92%, pelo menos 93%, pelo menos 94%, pelo menos 95%, pelo menos 96%, pelo menos 97%, pelo menos 98%, pelo menos 99% ou, digamos, 100% idêntica à sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo consistente de ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855.

[00173] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno da invenção codifica um polipeptídeo tendo uma sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo das ID. SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[00174] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método para aumentar a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta é efetuado ao expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno, compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, pelo menos cerca

de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, ou, digamos, 100% idêntica à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855, aumentando, desta forma, a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[00175] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno codifica um polipeptídeo consistindo de uma sequência de aminoácidos estabelecida pelas ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 ou 4855.

[00176] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da invenção, o método para aumentar a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta é efetuado expressando dentro da planta de um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo compreendendo uma sequência de aminoácidos selecionada de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855, aumentando, desta forma, a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade

fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[00177] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado de um grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855, aumentando, desta forma, a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[00178] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno codifica um polipeptídeo consistindo na sequência de aminoácidos estabelecida pelas ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 ou 4855.

[00179] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno compreende uma sequência de ácido nucleico que é, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica à sequência de ácido nucleico selecionada a partir do grupo que consiste das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[00180] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da invenção, é fornecido um método para aumentar a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucleico, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica sequência de ácido nucleico selecionado do grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897, aumentando, desta forma, a eficiência no uso de fertilizante, eficiência no uso de nitrogênio, produção, biomassa, taxa de crescimento, vigor, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[00181] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno é, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100%

idêntico ao polinucleotídeo selecionado do grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[00182] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno é estabelecido pelas ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 ou 2897.

[00183] De acordo com algumas aplicações da presente invenção, o método para aumentar a eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreende, ainda, selecionar uma planta com um aumento da eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada nas mesmas condições de cultivo.

[00184] Deve-se notar que a seleção de uma planta transformada, tendo um aumento no trato se comparada a uma planta nativa (p.ex., não transformada) cultivada nas mesmas condições de cultivo, é realizada selecionando para o trato, p.ex., validando a capacidade da planta transformada em exibir um aumento do trato, ensaios bem conhecidos (p.ex., análises de plântula, ensaios de estufa), conforme será posteriormente descrito.

[00185] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método de seleção de uma planta transformada, tendo um aumento da eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da

fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie cultivada sob as mesmas condições de cultivo, o método compreendendo:

(a) fornecer plantas transformadas com um polinucleotídeo exógeno que codifica um polipeptídeo, compreendendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% homóloga (p.ex., tendo uma similaridade de sequência ou identidade de sequência) à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855,

(b) selecionar, a partir das plantas, uma planta tendo aumento de eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico, selecionado, desse modo, a planta tendo aumento da eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada sob as mesmas condições de cultivo.

[00186] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método de seleção de uma planta transformada,

tendo um aumento da eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie cultivada sob as mesmas condições de cultivo, o método compreendendo:

(a) fornecer plantas transformadas com um polinucleotídeo exógeno que codifica um polipeptídeo, compreendendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica à sequência de ácido nucleico selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. 1-495, 795-2896 e 2897,

(b) selecionar, a partir das referidas plantas, uma planta tendo aumento de eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico, selecionado, desse modo, a planta tendo aumento da eficiência no uso de fertilizantes, eficiência no uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de semente, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada sob as mesmas condições de cultivo.

[00187] Conforme utilizado aqui, o termo “polinucleotídeo” refere-se a uma sequência de ácido nucleico de fita simples ou dupla que é isolado e fornecido na forma de uma sequência de RNA, uma sequência de polinucleotídeo complementar (cDNA), uma sequência genômica de polinucleotídeo e/ou uma sequência polinucleotídeo composta (p.ex., uma combinação das sequências acima).

[00188] O termo “isolado(a)” refere-se a pelo menos parcialmente separado(a) do ambiente natural, p.ex., de uma célula da planta.

[00189] Conforme utilizada aqui, a expressão “sequência de polinucleotídeo complementar” refere-se a uma sequência que resulta da transcrição reversa de RNA mensageiro utilizando a transcriptase reversa ou qualquer outra polimerase de DNA dependente de RNA. Essa sequência pode ser amplificada subsequentemente in vivo ou in vitro utilizando uma polimerase de DNA dependente de DNA.

[00190] Conforme utilizada aqui, a expressão “sequência genômica de polinucleotídeo” refere-se a uma sequência derivada (isolada) de um cromossomo e, dessa forma, representa uma porção contígua de um cromossomo.

[00191] Conforme utilizada aqui, a expressão “sequência de polinucleotídeo composta” refere-se a uma sequência que seja pelo menos parcialmente complementar e pelo menos parcialmente genômica. A sequência composta pode incluir algumas sequências exonais necessárias para codificar o polipeptídeo da presente invenção, bem como algumas sequências intrônicas interpostas entre si. As sequências intrônicas podem ser de qualquer fonte, incluindo outros genes e, tipicamente, incluirão sequências de sinais entrelaçados preservadas. Essas sequências intrônicas podem incluir, ainda, elementos reguladores da expressão cis- atuantes.

[00192] As sequências de ácido nucleico que codificam os polipeptídeos da presente invenção podem ser otimizadas para expressão.

Exemplos dessas modificações de sequências incluem, mas não se limitam a um teor de G/C alterado de uma abordagem mais cuidadosa do que aquela comumente encontrada nas espécies de plantas de interesse e à remoção de códons atipicamente encontrados nas espécies de plantas comumente chamada de otimização de códons.

[00193] A expressão “otimização de códons” refere-se à seleção de nucleotídeos de DNA apropriados para a utilização dentro de um gene estrutural ou fragmento dele que aborde a utilização do códon dentro da planta de interesse. Portanto, um gene otimizado ou sequência de ácido nucleico refere-se a um gene no qual a sequência de nucleotídeo de um gene nativo ou que ocorra naturalmente tenha sido modificado a fim de utilizar códons estatisticamente preferidos ou estatisticamente favorecidos dentro da planta. Tipicamente, a sequência de nucleotídeo é examinada no nível do DNA e na região de codificação otimizada para expressão na espécie vegetal determinada utilizando qualquer procedimento adequado, p.ex., conforme descrito em Sardana et al. (1996, *Plant Cell Reports* 15:677- 681). Nesse método, o desvio padrão de utilização do códon, uma medida da tendência de utilização do códon, pode ser calculado descobrindo primeiramente o quadrado do desvio proporcional de utilização de cada códon do gene nativo em relação àquele de genes de plantas altamente expressos, seguido por um cálculo do quadrado do desvio médio. A fórmula utilizada é: $1 \text{ SDCU} = n = 1 \text{ N} [(X_n - Y_n) / Y_n]^2 / N$, onde X_n refere-se à frequência de utilização do códon n em genes de plantas altamente expressos, onde Y_n refere-se à frequência de utilização do códon n no gene de interesse e N refere-se ao número total de códons no gene de interesse. Uma Tabela de utilização de códons de genes altamente expressos de dicotiledôneas está compilada utilizando os dados de Murray et al. (1989, *Nuc AcIDs Res.* 17:477-498).

[00194] Um método para otimizar a sequência de ácido nucleico de acordo com a utilização preferido do códon para um tipo de célula de planta

particular é com base na utilização direto, sem realizar quaisquer cálculos estatísticos extras, de Tabelas de otimização de códons como aquelas disponíveis online na Base de Dados de utilização de Códons através do banco de DNA do NIAS (National Institute of Agrobiological Sciences|Instituto Nacional de Ciências Agrobiológicas) no Japão (kazusa (ponto) ou (ponto) jp/codon/). A Base de Dados de utilização de Códons contém tabelas de utilização de códons para diversas espécies diferentes, com cada Tabela de utilização de códons tendo sido estatisticamente determinada com base nos dados presentes no Genbank.

[00195] Utilizando as Tabelas acima para determinar os códons mais preferidos ou mais favorecidos de cada aminoácido em uma espécie particular (p.ex., arroz), uma sequência de nucleotídeo que ocorre naturalmente e que codifica uma proteína de interesse pode ter o códon otimizado para aquela espécie de planta particular. Isso é efetuado substituindo os códons que possam ter uma incidência estatística baixa no genoma da espécie particular com códons correspondentes, em relação a um aminoácido, que sejam estatisticamente mais favorecidos. No entanto, um ou mais códons menos favorecidos podem ser selecionados para excluir sítios de restrição existentes, para criar novos em uniões potencialmente úteis (terminais 5' e 3' para adicionar o peptídeo sinal ou cassetes de terminação, sítios internos que possam ser utilizados para cortar e reunir segmentos para produzir uma sequência de comprimento total correta), ou para eliminar sequências de nucleotídeo que possam afetar negativamente a estabilidade ou a expressão do mRNA.

[00196] A sequência de nucleotídeo codificador que ocorre naturalmente já pode, antes de qualquer modificação, conter um número de códons que corresponda a um códon estatisticamente favorecido em uma espécie de planta particular. Portanto, a otimização do códon da sequência de nucleotídeo nativa pode compreender a determinação quais códons, dentro da

sequência de nucleotídeo nativo, não são estatisticamente favorecidos com relação a uma planta particular e modificar esses códons de acordo com uma tabela de utilização de códons da planta particular para produzir um derivado do códon otimizado. Uma sequência de nucleotídeo modificado pode ser total ou parcialmente otimizada para a utilização do códon da planta desde que a proteína codificada pela sequência de nucleotídeo modificado seja produzida em um nível maior do que a proteína codificada pelo gene correspondente que ocorre naturalmente ou nativo. A estrutura de genes sintéticos alterando a utilização do códon é descrita, p.ex., no Pedido de Patente PCT (Patent Cooperation Treaty|Tratado de Cooperação em Matéria de Patentes) 93/07278.

[00197] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno é um RNA não codificador.

[00198] Conforme utilizada aqui, a expressão “RNA não codificador” refere-se a uma molécula de RNA que não codifica uma sequência de aminoácidos (um polipeptídeo). Exemplos dessas moléculas de RNA não codificador incluem, mas não se limitam a um RNA antissentido, um pré-miRNA (precursor de um microRNA) ou um precursor de um RNA que interage com Piwi (piRNA).

[00199] Exemplos não limitantes de polinucleotídeos de RNA não codificados são fornecidos nas ID SEQ. N° 217, 218, 219, 287, 288, 495, 997, 1003, 1543 e 1703.

[00200] Dessa forma, a invenção abrange as sequências de ácido nucleico descritas acima, fragmentos delas, sequências hibridizantes encontradas nelas, sequências homólogas delas, sequências codificando polipeptídeos semelhantes com diferentes utilizações de códons, sequências alteradas caracterizadas por mutações, como exclusão, introdução ou substituição de um ou mais nucleotídeos, ocorrendo naturalmente ou induzidos pelo homem, seja aleatoriamente ou da forma objetivada.

[00201] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno codifica um polipeptídeo, compreendendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica à sequência de aminoácidos de uma planta cujo ortólogo ocorre naturalmente do polipeptídeo selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794 e 2898-4855.

[00202] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polipeptídeo compreende uma sequência de aminoácidos, pelo menos 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica à sequência de aminoácidos de uma planta cujo ortólogo ocorre naturalmente do polipeptídeo selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794 e 2898-4855.

[00203] A invenção fornece um polinucleotídeo isolado, compreendendo uma sequência de ácido nucleico, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca

de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica ao polinucleotídeo selecionado a partir do grupo consistindo das ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[00204] De acordo com algumas aplicações da invenção, a sequência de ácido nucleico é capaz de aumentar a eficiência no uso de nitrogênio, eficiência no uso de fertilizante, teor de óleo, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água de uma planta.

[00205] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo isolado, compreendendo uma sequência de ácido nucleico, é selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[00206] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo isolado é estabelecido pelas ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 ou 2897.

[00207] A invenção fornece um polinucleotídeo isolado, compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo que compreende uma sequência de aminoácidos, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%,

pelo menos cerca de 99%, ou, digamos, 100% homóloga à sequência de aminoácidos selecionada do grupo que consiste das ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855.

[00208] De acordo com algumas aplicações da invenção, a sequência de aminoácidos é capaz de aumentar a eficiência no uso de nitrogênio, eficiência no uso de fertilizante, teor de óleo, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso de água de uma planta.

[00209] A invenção fornece um polinucleotídeo isolado, compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, compreendendo a sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[00210] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da invenção, é fornecida uma estrutura de ácido nucleico, compreendendo o polinucleotídeo isolado da invenção e um promotor para direcionar a transcrição da sequência de ácido nucleico em uma célula hospedeira.

[00211] A invenção fornece um polipeptídeo isolado, compreendendo uma sequência de aminoácidos, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, ou, digamos, 100% homóloga a uma sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855.

[00212] De acordo com algumas aplicações da invenção, o

polipeptídeo compreendendo uma sequência de aminoácidos é selecionado do grupo que consiste das ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[00213] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polipeptídeo é estabelecido pelas ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 ou 4855.

[00214] A invenção também abrange fragmentos dos polipeptídeos descritos acima e de polipeptídeos apresentando mutações, como exclusões, introduções ou substituições de um ou mais aminoácidos, ocorrendo naturalmente ou induzido pelo homem, seja aleatoriamente ou da forma objetivada.

[00215] O termo “planta”, conforme utilizado aqui, abrange plantas integrais, plantas enxertadas, ancestrais e progênies de plantas e partes da planta, incluindo sementes, brotos, caules, raízes (incluindo os tubérculos), rizomas, enxertos e células, tecidos e órgãos da planta. A planta pode estar em qualquer forma, incluindo culturas em suspensão, embriões, regiões meristemáticas, tecido caloso, folhas, gametófitos, esporófitos, pólen e micrósporos. Plantas que são particularmente úteis nos métodos da invenção incluem todas as plantas que pertencem à superfamília Viridiplantae, em particular as monocotiledôneas e as dicotiledôneas, incluindo uma forragem ou leguminosa forrageira, planta ornamental, cultura alimentar, árvore ou arbusto selecionado da lista que compreende *Acacia* spp., *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon* spp., *Arachis* spp., *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula* spp., *Brassica* spp., *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Buchá frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra* spp., *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens*, *Chacoomeles* spp., *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronillia varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*,

Davallia divaricata, *Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa*, *Dibeteropogon amplexans*, *Dioclea* spp, *Dolichos* spp., *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehaffia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrestis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperi*, *Eulalia villosa*, *Pagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana*, *Fragaria* spp., *Flemingia* spp, *Freycinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *Gingko biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia* spp, *Gossypium hirsutum*, *Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum* spp., *Hemaphysalis altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hypochaeris dissoluta*, *Indigo tinctoria*, *Iris* spp., *Leptarrhenia pyrrolifolia*, *Lespedeza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus* spp., *Macrotyloma axillare*, *Malus* spp., *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotiana* spp., *Onobrychis* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp., *Peltophorum africanum*, *Pennisetum* spp., *Persea gratissima*, *Petunia* spp., *Phaseolus* spp., *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia* spp., *Picea glauca*, *Pinus* spp., *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthria fleckii*, *Pogonaffhia squarrosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseupontosuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes* spp., *Robinia pseudoacacia*, *Rosa* spp., *Rubus* spp., *Salix* spp., *Schyzachyrium sanguineum*, *Sciadopitys verticillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorgo bicolor*, *Spinacia* spp., *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthes humilis*, *Tadehagi* spp, *Taxodium distichum*, *Themeda triandra*, *Trifolium* spp., *Triticum* spp., *Tsuga heterophylla*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vitis vinifera*, *Watsonia pyramidata*, *Zantedeschia aethiopica*, *Zea mays*, amarantho, alcachofra, aspargos, brócolis, couve de Bruxelas, couve, canola, cenouras, couve-flor, aipo, couve-manteiga, linho, couve crespa, lentilha, colza, quiabo, cebola, batata, arroz, soja, palha, beterraba, cana de açúcar, girassol, tomate,

chá de abóbora, milho, trigo, cevada, centeio, aveia, amendoim, ervilhas, lentilha e alfafa, algodão, colza, canola, pimenta, girassol, tabaco, berinjela eucalipto, uma árvore, uma planta ornamental, uma grama perene e uma cultura forrageira. Alternativamente, algas e outras não- Viridiplantae podem ser utilizadas para os métodos da presente invenção.

[00216] De acordo com algumas aplicações da invenção, a planta utilizada pelo método da invenção é uma planta de cultura como o arroz, milho, trigo, cevada, amendoim, batata, gergelim, oliveira, óleo de palma, banana, soja, girassol, canola, cana de açúcar, alfafa, painço, leguminosas (feijão, ervilha), linho, lupinus, colza, tabaco, choupo e algodão.

[00217] De acordo com algumas aplicações da invenção, a planta é uma planta dicotiledônea.

[00218] De acordo com algumas aplicações da invenção, a planta é uma planta monocotiledônia.

[00219] De acordo com algumas aplicações da invenção, apresenta-se uma célula vegetal expressando de forma exógena o polinucleotídeo de algumas aplicações da invenção, a estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção e/ou o polipeptídeo de algumas aplicações da invenção.

[00220] De acordo com algumas aplicações da invenção, a expressão do polinucleotídeo exógeno da invenção dentro da planta é afetada pela transformação de uma ou mais células da planta com o polinucleotídeo exógeno, seguida pela geração de uma planta madura a partir das células transformadas e cultivando a planta madura sob condições adequadas para expressar o polinucleotídeo exógeno dentro da planta madura.

[00221] De acordo com algumas aplicações da invenção, a transformação é efetuada pela introdução de uma estrutura de ácido nucleico na célula da planta que inclua o polinucleotídeo exógeno de algumas aplicações da invenção e pelo menos um promotor para orientar a transcrição

do polinucleotídeo exógeno em uma célula hospedeira (uma célula vegetal). Detalhes adicionais de abordagens de transformação adequadas são apresentadas abaixo.

[00222] Conforme mencionado, a estrutura de ácido nucleico, de acordo com algumas aplicações da invenção, compreende uma sequência promotora e o polinucleotídeo isolado, de acordo com algumas aplicações da invenção.

[00223] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo isolado está operacionalmente ligado à sequência promotora.

[00224] Uma sequência de ácido nucleico codificadora é “operacionalmente ligada” a uma sequência reguladora (p.ex., o promotor) se a sequência reguladora for capaz de exercer um efeito regulador sobre a sequência codificadora ligada a ela.

[00225] Conforme utilizado aqui, o termo “promotor” refere-se a uma região de DNA que fica a montante do sítio da inicial transcricional de um gene ao qual a RNA polimerase se liga para iniciar a transcrição do RNA. O promotor controla onde (p.ex., qual porção de uma planta) e/ou quando (p.ex., em que estágio ou condição no tempo de vida de um organismo) o gene é expresso.

[00226] De acordo com algumas aplicações da invenção, o promotor é heterólogo ao polinucleotídeo isolado e/ou à célula hospedeira. Conforme utilizado aqui, o termo “promotor heterólogo” refere-se a um promotor de uma espécie diferente ou da mesma espécie, mas de um locus de gene diferente, a partir da sequência de polinucleotídeo isolado.

[00227] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo isolado é heterólogo à célula da planta.

[00228] Qualquer sequência adequada de promotor pode ser utilizada pela estrutura de ácido nucleico da presente invenção. Preferencialmente, o promotor é um promotor constitutivo, um promotor específico do tecido ou

induzível ao estresse abiótico.

[00229] De acordo com algumas aplicações da invenção, o promotor é um promotor de planta que é adequado para expressão do polinucleotídeo exógeno em uma célula de planta.

[00230] Promotores adequados para expressão em trigo incluem, mas não se limitam a promotor SPA de trigo (ID SEQ. N° 4856; Albanietal, Plant Cell, 9: 171- 184, 1997, que é totalmente incorporado aqui por referência), trigo LMW [ID SEQ. N° 4857 (promotor mais longo LMW) e ID SEQ. N° 4858 (promotor LMW)] e glutenina-1 HMW [ID SEQ. N° 4859 (promotor mais longo glutenina-1 trigo LMW) e ID SEQ. N° 4860 (Promotor glutenina-1 trigo HMW)]; Thomas e Flavell, The Plant Cell 2:1171-1180; Furtado et al., 2009 Plant Biotechnology Journal 7:240-253, cada um é completamente incorporado aqui por referência] trigo alfa, beta e gama gliadinas [p.ex., SEQ ID NO: 4861 (trigo alfa gliadina, genoma B, promotor); ID SEQ. N° 4862 (trigo gama gliadina promotor); EMBO 3:1490-15, 1984, que é totalmente incorporado aqui por referência] trigo TdPR60 [ID SEQ. N° 4863 (trigo TdPR60 promotor mais longo) ou ID SEQ. N° 4864 (promotor do trigo TdPR60)]; Kovalchuk et al., Plant Mol Biol 71:81-98, 2009, que é totalmente incorporado aqui por referência], promotor do milho Ub1 [cultivares Nongda 105 (ID SEQ. N° 4865); GenBank: DQ141598.1; Taylor et al., Plant Cell Rep 1993 12: 491-495, que é totalmente incorporado aqui por referência), e cultivares B73 (ID SEQ. N° 4866); Christensen, AH, et al. Plant Mol. Biol. 18 (4), 675-689 (1992), que é totalmente incorporado aqui por referência), arroz actina 1 (ID SEQ. N° 4867; Mc Elroy et al. 1990, The Plant Cell, Vol. 2, 163-171, que é totalmente incorporado aqui por referência), e arroz GOS2 [ID SEQ. N° 4868 (promotor mais longo do arroz GOS2) e ID SEQ. N° 4869 (Promotor do arroz GOS2); De Pater et al. Plant J. 1992 ; 2: 837-44, que é totalmente incorporado aqui por referência), Arabidopsis Pho1 [ID SEQ. N° 4870 (Promotor Pho1 de Arabidopsis); Hamburger et al., Plant Cell. 2002 ;

14: 889– 902, que é totalmente incorporado aqui por referência), promotores ExpansinB, p.ex., arroz ExpB5 [ID SEQ. N° 4871 (promotor mais longo do arroz ExpB5) e SEQ ID NO: 4872 (promotor do arroz ExpB5) e Cevada ExpB1 [ID SEQ. N° 4873 (promotor da cevada ExpB1), Won et al. Mol Cells. 2010; 30:369-76, que é totalmente incorporado aqui por referência), cevada SS2 (sacarose síntase 2) [(ID SEQ. N° 4874), Guerin e Carbonero, Plant Physiology May 1997 vol. 114 no. 1 55-62, que é totalmente incorporado aqui por referência], e arroz PG5a [ID SEQ. N° 4875, US 7.700.835, Nakase et al., Plant Mol Biol. 32:621-30, 1996, que é totalmente incorporado aqui por referência].

[00231] Promotores constitutivos adequados incluem, por exemplo, o promotor CaMV 35S [ID SEQ. N° 4876 (Promotor CaMV 35S (QFNC)); ID SEQ. N° 4877 (PJJ 35S de Brachypodium); ID SEQ. N° 4878 (Promotor CaMV 35S (OLD)) (Odell et al., Nature 313:810-812, 1985)], promotor At6669 Arabidopsis (ID SEQ. N° 4879 (Promotor Arabidopsis At6669 (OLD)); vide Publicação PCT N°. WO04081173A2 ou o novo promotor At6669 (ID SEQ. N° 4880 (Promotor At6669 Arabidopsis (NOVO)); Promotor do milho Ub1 [cultivares Nongda 105 (ID SEQ. N° 4865); GenBank: DQ141598.1; Taylor et al., Plant Cell Rep 1993 12: 491-495, que é totalmente incorporado aqui por referência), e cultivares B73 (ID SEQ. N° 4866); Christensen, AH, et al. Plant Mol. Biol. 18 (4), 675-689 (1992), que é totalmente incorporado aqui por referência), arroz actina 1 (ID SEQ. N° 4867, McElroy et al., Plant Cell 2:163-171, 1990); pEMU (Last et al., Theor. Appl. Genet. 81:581-588, 1991); CaMV 19S (Nilsson et al., Physiol. Plant 100:456-462, 1997); arroz GOS2 [ID SEQ. N° 4868 (promotor mais longo do arroz GOS2) e ID SEQ. N° 4869 (Promotor do arroz GOS2); De Pater et al., Plant J Nov;2(6):837-44, 1992]; promotor RBCS (ID SEQ. N° 4881); Ciclofilina do arroz (Bucholz et al, Plant Mol Biol. 25(5):837-43, 1994); histone H3 de milho (Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231: 276-285, 1992); Actina 2 (An et

al, *Plant J.* 10(1);107-121, 1996) e Super MAS Sintético (Ni et al., *The Plant Journal* 7: 661-76, 1995). Outros promotores constitutivos incluem aqueles nas Patentes Americanas Nº 5.659.026, 5.608.149, 5.608.144, 5.604.121, 5.569.597, 5.466.785, 5.399.680, 5.268.463 e 5.608.142.

[00232] Promotores adequados específicos de tecido incluem, mas não se limitam a promotores específicos de folha [p.ex., AT5G06690 (Thioredoxin) (expressão elevada, ID SEQ. Nº 4882), AT5G61520 (AtSTP3) (expressão rebaixada, ID SEQ. Nº 4883) descrito em Buttner et al 2000 *Plant, Cell and Environment* 23, 175–184, ou os promotores descritos em Yamamoto et al., *Plant J.* 12:255-265, 1997; Kwon et al., *Plant Physiol.* 105:357-67, 1994; Yamamoto et al., *Plant Cell Physiol.* 35:773-778, 1994; Gotor et al., *Plant J.* 3:509-18, 1993; Orozco et al., *Plant Mol. Biol.* 23:1129-1138, 1993; e Matsuoka et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 90:9586-9590, 1993; bem como o promotor STP3 *Arabidopsis* (AT5G61520) (Buttner et al., *Plant, Cell and Environment* 23:175–184, 2000)], promotores preferidos de semente [p.ex., Napin (originados da *Brassica napus*, sendo caracterizado por uma atividade promotora específica de semente; Stuitje A. R. et. al. *Plant Biotechnology Journal* 1 (4): 301–309; ID SEQ. Nº: 4884 (Promotor NAPIN *Brassica napus*) a partir dos genes específicos de semente (Simon, et al., *Plant Mol. Biol.* 5. 191, 1985; Scofield, et al., *J. Biol. Chem.* 262: 12202, 1987; Baszczyński, et al., *Plant Mol. Biol.* 14: 633, 1990), arroz PG5a (ID SEQ. Nº 4875; US 7.700.835), desenvolvimento precoce de sementes *Arabidopsis* BAN (AT1G61720) (ID SEQ. Nº 4885, US 2009/0031450 A1), desenvolvimento tardio de sementes *Arabidopsis* ABI3 (AT3G24650) (ID SEQ. Nº 4886 (*Arabidopsis* ABI3 (AT3G24650) Promotor mais longo) ou 4887 (*Arabidopsis* ABI3 (AT3G24650) Promotor)) (Ng et al., *Plant Molecular Biology* 54: 25-38, 2004), Albumina de castanha do Brasil (Pearson' et al., *Plant Mol. Biol.* 18: 235- 245, 1992), leguminosas (Ellis, et al. *Plant Mol. Biol.* 10: 203- 214, 1988), Glutelina (arroz) (Takaiwa, et al.,

Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986; Takaiwa, et al., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987), Zein (Matzke et al Plant Mol Biol, 143).323-32 1990), napA (Stalberg, et al, Planta 199: 515-519, 1996), SPA de trigo (ID SEQ. N° 4856; Albanietal, Plant Cell, 9: 171- 184, 1997), oleosina de girassol (Cummins, et al., Plant Mol. Biol. 19: 873- 876, 1992)], promotores específicos de endosperma [p.ex., trigo LMW (ID SEQ. N° 4857 (Trigo LMW Promotor mais longo), e ID SEQ. N° 4858 (promotor LMW de trigo)] e glutenina-1 HMW [ID SEQ. N° 4859 (promotor mais longo glutenina-1 LMW de trigo) e ID SEQ. N° 4860 (Promotor glutenina-1 HMW de trigo); Thomas e Flavell, The Plant Cell 2:1171-1180, 1990; Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17:461-2), trigo alfa, beta e gama gliadinas (ID SEQ. N° 4861 (promotor alfa gliadina de trigo (genoma B)); ID SEQ. N° 4862 (promotor gama gliadina de trigo); EMBO 3:1409-15, 1984), promotor ltrl da cevada, cevada B1, C, D hordeína (Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4:343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750- 60, 1996), cevada DOF (Mena et al, The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998), Biz2 (EP99106056.7), Cevada SS2 (ID SEQ. N° 4874 (Promotor SS2 de Cevada); Guerin e Carbonero Plant Physiology 114: 1 55-62, 1997), trigo Tarp60 Kovalchuk et al., Plant Mol Biol 71:81- 98, 2009, cevada D-hordeína (D-Hor) e B-hordeína (B-Hor) (Agnelo Furtado, Robert J. Henry e Alessandro Pellegrineschi (2009)], promotor sintético (Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629-640, 1998), arroz prolamina NRP33, arroz- globulina Glb-1 (Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885- 889, 1998), arroz alfa-globulina REB/OHP-1 (Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513-S22, 1997), ADP-glicose de arroz PP (Trans Res 6:157-68, 1997), família do gene de milho ESR (Plant J 12:235-46, 1997), gama-kafirina de sorgo (PMB 32:1029-35, 1996)], promotores específicos embrionários [p.ex., arroz OSH1 (Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. EUA, 93: 8117-8122), KNOX (Postma-Haarsma ef al, Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999), arroz oleosina (Wu et at, J. Biochem., 123:386, 1998)], e promotores de flor específicos [p.ex., AtPRP4, chalene

sintase (chsA) (Van der Meer, et al., *Plant Mol. Biol.* 15, 95-109, 1990), LAT52 (Twell et al *Mol. Gen. Genet.* 217:240-245; 1989), *Arabidopsis* *apetala-3* (Tilly et al., *Development.* 125:1647-57, 1998), *Arabidopsis* *APETALA 1* (AT1G69120, AP1) (ID SEQ. N°: 4888 (*Arabidopsis* (AT1G69120) *APETALA 1*)) (Hempel et al., *Development* 124:3845-3853, 1997)], e promotor de raiz [p.ex., o promotor ROOTP [ID SEQ. N°: 4889]; arroz ExpB5 (ID SEQ. N° 4872 (Promotor de arroz ExpB5); ou ID SEQ. N° 4871 (Promotor mais longo de arroz ExpB5)) e promotores de cevada ExpB1 (ID SEQ. N° 4873) (Won et al. *Mol. Cells* 30: 369-376, 2010); promotor *Arabidopsis* ATTPS-CIN (AT3G25820) (ID SEQ. N° 4890; Chen et al., *Plant Phys* 135:1956-66, 2004); promotor *Arabidopsis* Pho1 (ID SEQ. N°: 4870, Hamburger et al., *Plant Cell.* 14: 889–902, 2002), que também é ligeiramente induzida por estresse].

[00233] Promotores induzíveis pelo estresse abiótico incluem, mas não se limitam a promotores induzíveis pelo sal, como o RD29A (Yamaguchi-Shinozaki et al., *Mol. Gen. Genet.* 236:331-340, 1993); promotores induzíveis pela seca, como o gene promotor rab17 (Pla et al., *Plant Mol. Biol.* 21:259-266, 1993), o gene promotor rab28 do milho (Busk et al., *Plant J.* 11:1285-1295, 1997 e o gene promotor Ivr2 do milho (Pelleschi et al., *Plant Mol. Biol.* 39:373- 380, 1999); promotores induzíveis pelo calor como o promotor hsp80 do tomate (Patente Norte-Americana N° 5.187.267).

[00234] A estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção pode incluir, ainda, um marcador selecionável apropriado e/ou uma origem de replicação. De acordo com algumas aplicações da invenção, a estrutura de ácido nucleico utilizada é um vetor ponte, que pode se propagar tanto em *E. coli* (onde a estrutura compreenda um marcador selecionável apropriado e a origem da replicação) quanto pode ser compatível com a propagação nas células. A estrutura de acordo com a presente invenção pode ser, p.ex., um plasmídeo, um bacmídeo, um fagemídeo, um cosmídeo, um

fago, um vírus ou um cromossomo artificial.

[00235] A estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção pode ser utilizado para transformar de maneira estável ou transitória as células da planta. Na transformação estável, o polinucleotídeo exógeno é integrado ao genoma da planta e, como tal, representa um traço estável e herdado. Na transformação transitória, o polinucleotídeo exógeno é expresso pela célula transformada, mas não é integrado no genoma e, como tal, representa um traço transitório.

[00236] Existem vários métodos para introduzir genes estranhos, tanto em monocotiledôneas quanto em dicotiledôneas (Potrykus, I., *Annu. Rev. Plant. Physiol, Plant. Mol. Biol.* (1991) 42:205-225; Shimamoto et al., *Nature* (1989) 338:274-276).

[00237] Os métodos do princípio de causa da integração estável de DNA exógeno em DNA genômico da planta incluem duas abordagens principais:

(i) A transferência genética mediada pelo *Agrobacterium*: Klee et al. (1987) *Annu. Rev. Plant Physiol.* 38:467-486; Klee e Rogers em *Cell Culture e Somatic Cell Genetics of Plants*, Vol. 6, *Molecular Biology of Plant Nuclear Genes*, eds. Schell, J. e Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) p. 2-25; Gatenby, em *Plant Biotechnology*, eds. Kung, S. e Arntzen, C. J., Butterworth Publishers, Boston, Mass. (1989) p. 93-112.

[00238] (ii) Absorção direta do DNA: Paszkowski et al., em *Cell Culture e Somatic Cell Genetics of Plants*, Vol. 6, *Molecular Biology of Plant Nuclear Genes* eds. Schell, J. e Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) p. 52-68; incluindo métodos para a absorção direta de DNA nos protoplastos, Toriyama, K. et al. (1988) *Bio/Technology* 6:1072-1074. Absorção de DNA induzida pelo breve choque elétrico de células vegetais: Zhang et al. *Plant Cell Rep.* (1988) 7:379-384. Fromm et al. *Nature* (1986) 319:791-793. Injeção de DNA em células ou tecidos vegetais por

bombardeamento de partículas, Klein et al. *Bio/Technology* (1988) 6:559-563; McCabe et al. *Bio/Technology* (1988) 6:923- 926; Sanford, *Physiol. Plant.* (1990) 79:206-209; pela utilização de sistemas de micropipetas: Neuhaus et al., *Theor. Appl. Genet.* (1987) 75:30-36; Neuhaus e Spangenberg, *Physiol. Plant.* (1990) 79:213-217; transformação de partículas de fibras de vidro ou carboneto de silício de culturas celulares, embriões ou tecido caloso, Patente Norte-Americana Nº 5.464.765 ou pela incubação direta de DNA com pólen germinante, DeWet et al. em *Experimental Manipulation of Ovule Tissue*, eds. Chapman, G. P. e Mantell, S. H. e Daniels, W. Longman, London, (1985) p. 197-209; e Ohta, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* (1986) 83:715- 719.

[00239] O sistema *Agrobacterium* inclui a utilização de vetores plasmidiais que contenham segmentos definidos de DNA que se integram no DNA genômico da planta. Métodos de inoculação do tecido vegetal variam dependendo da espécie da planta e do sistema de entrega do *Agrobacterium*. Uma abordagem amplamente utilizada é o procedimento de disco de folha que pode ser realizado com qualquer explante tecidual que oferece uma boa fonte para o início da diferenciação de toda a planta. Vide, p.ex., Horsch et al. in *Plant Molecular Biology Manual A5*, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (1988) p. 1-9. Uma abordagem suplementar emprega o sistema de entrega do *Agrobacterium* em combinação com infiltração a vácuo. O sistema de *Agrobacterium* é especialmente viável na criação de dicotiledôneas transgênicas.

[00240] Existem vários métodos de transferência direta de DNA para células vegetais. Na eletroporação, os protoplastos são brevemente expostos a um forte campo elétrico. Na microinjeção, o DNA é injetado de forma mecânica diretamente nas células utilizando micropipetas muito pequenas. No bombardeamento de micropartículas, o DNA é absorvido em microprojéteis como os cristais de sulfato de magnésio ou partículas de tungstênio e os

microprojéteis são fisicamente acelerados nas células ou tecidos vegetais.

[00241] Após a transformação estável, a propagação vegetal é realizada. O método mais comum de propagação vegetal é pela semente. A regeneração pela propagação de sementes, no entanto, apresenta a deficiência de que devido à heterozigosidade há uma falta de uniformidade na cultura, uma vez que as sementes são produzidas pelas plantas de acordo com as variâncias genéticas regidas pelas normas Mendelianas. Basicamente, cada semente é geneticamente diferente e cada uma irá crescer com seus próprios traços específicos. Portanto, é preferível que a planta transformada seja produzida de forma que a planta regenerada tenha traços e características idênticos da planta transgênico arranjo. Portanto, é preferível que a planta transformada seja regenerada por micropropagação que proporciona a reprodução rápida, consistente das plantas transformadas.

[00242] A micropropagação é um processo de cultivo de plantas de nova geração a partir de um pedaço de tecido que tenha sido retirado de uma planta arranjo selecionada ou cultivar. Esse processo permite a reprodução em massa de plantas que tenham o tecido preferido expressando a proteína da fusão. As plantas da nova geração que forem produzidas são geneticamente idênticas à planta original e apresentam todas as suas características. A micropropagação permite a produção em massa de material vegetal de qualidade em um curto período de tempo e oferece uma rápida multiplicação de cultivares selecionados na preservação das características da planta transgênica ou transformada original. As vantagens da clonagem de plantas são a velocidade de multiplicação da planta e a qualidade e a uniformidade das plantas produzidas.

[00243] A micropropagação é um procedimento de múltiplos estágios que requer a alteração do meio de cultura ou das condições de cultivo entre os estágios. Dessa forma, o processo de micropropagação envolve quatro estágios básicos: Estágio um, cultura tecidual inicial; estágio dois,

multiplicação da cultura tecidual; estágio três, diferenciação e formação da planta; e estágio quarto, cultura e fortalecimento em estufa. Durante o estágio um, a cultura tecidual inicial, a cultura tecidual é estabelecida e certificada como sendo livre de contaminantes. Durante o estágio dois, a cultura tecidual inicial é multiplicada até que um número suficiente de amostras de tecido seja produzido para atender aos objetivos de produção. Durante o estágio três, as amostras de tecido cultivadas no estágio dois são divididas e cultivadas em plântulas individuais. No estágio quatro, as plântulas transformadas são transferidas para uma estufa para fortalecimento, onde a tolerância das plantas à luz é gradativamente aumentada de forma que ela possa ser cultivada no ambiente natural.

[00244] De acordo com algumas aplicações da invenção, as plantas transgênicas são geradas pela transformação transitórias de células de folhas, de células meristemáticas ou de toda a planta.

[00245] A transformação transitória pode ser efetuada por quaisquer dos métodos de transferência direta de DNA descritos acima ou por infecção viral utilizando vírus modificados de plantas.

[00246] Os vírus que demonstraram ser úteis para a transformação de hospedeiros de plantas incluem o CaMV, o vírus mosaico do tabaco (TMV|tabaco mosaic virus), vírus mosaico do bromo (BMV|brome mosaic virus) e o vírus mosaico comum do feijoeiro (BV ou BCMV|bean common mosaic virus). A transformação de plantas utilizando vírus de plantas é descrita na Patente Norte-Americana Nº 4.855.237 (vírus mosaico dourado do feijoeiro; BGV), EP-A 67.553 (TMV), Pedido Japonês Publicado Nº 63-14693 (TMV), EPA 194.809 (BV), EPA 278.667 (BV); e Gluzman, Y. et al., Communications in Molecular Biology: Viral Vectors, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, pp. 172-189 (1988). As partículas pseudovirais para utilização na expressão de DNA estranho em muitos hospedeiros, incluindo plantas, são descritas na WO 87/06261.

[00247] De acordo com algumas aplicações da invenção, o vírus utilizado para transformação transitória é avirulento e, dessa forma, é incapaz de causar sintomas graves como a taxa de crescimento reduzida, mosaico, manchas anelares, enrolamento da folha, amarelamento, estrias, formação de vesículas, formação de tumor e corrosão. Um vírus avirulento adequado pode ser um vírus avirulento que ocorra naturalmente ou um vírus artificialmente atenuado. A atenuação do vírus pode ser efetuada utilizando métodos bem conhecidos na técnica, incluindo, mas não se limitando ao aquecimento subletal, tratamento químico ou por técnicas de mutagênese dirigidas conforme descrito, p.ex., por Kurihara e Watanabe (*Molecular Plant Pathology* 4:259-269, 2003), Galon et al. (1992), Atreya et al. (1992) e Huet et al. (1994).

[00248] Cepas virais adequadas podem ser obtidas de fontes disponíveis, como, p.ex., da Coleção de Cultura Tipo Americana (ATCC|American Type Culture Collection) ou pelo isolamento de plantas infectadas. O isolamento de vírus de tecidos vegetais infectados pode ser efetuado por técnicas bem conhecidas na técnica, conforme descrito, p.ex., por Foster e Tatlor, Eds. “Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)”, Humana Press, 1998. Acredita-se que rapidamente, os tecidos de uma planta infectada contenham uma concentração elevada de um vírus adequado, preferivelmente folhas jovens e pétalas de flores, são trituradas em uma solução tampão (p.ex., solução tampão fosfato) para produzir uma seiva infectada com vírus que pode ser utilizada em inoculações subsequentes.

[00249] A estrutura de vírus de RNA da planta para a introdução e expressão de sequências de polinucleotídeo exógeno não-viral em plantas é demonstrada pelas referências acima, bem como por Dawson, W. O. et al., *Virology* (1989) 172:285-292; Takamatsu et al. *EMBO J.* (1987) 6:307-311; French et al. *Science* (1986) 231:1294-1297; Takamatsu et al. *FEBS Letters*

(1990) 269:73-76; e Patente Norte-Americana Nº 5.316.931.

[00250] Quando o vírus é um vírus de DNA, modificações adequadas podem ser feitas ao vírus propriamente dito. Alternativamente, o vírus pode primeiramente ser clonado em um plasmídeo bacteriano para facilitar a estrutura do vetor viral desejado com o DNA estranho. Então, o vírus pode ser extraído do plasmídeo. Se o vírus for um vírus do DNA, uma origem bacteriana de replicação pode ser anexada ao DNA viral que é, então, replicado pela bactéria. A transcrição e a tradução desse DNA produzirão a proteína de revestimento que irá encapsular o DNA viral. Se o vírus for um vírus de RNA, o vírus é, geralmente, clonado como um cDNA e introduzido em um plasmídeo. Então, o plasmídeo é utilizado para fazer todas as estruturas. Então, o vírus de RNA é produzido pela transcrição da sequência viral do plasmídeo e tradução dos genes virais para produzir a(s) proteína(s) de revestimento que encapsula o RNA viral.

[00251] Em uma aplicação, um polinucleotídeo viral de uma planta é fornecido, no qual a proteína de revestimento nativa que codifica a sequência foi excluída de um polinucleotídeo viral, uma proteína de revestimento viral não nativa da planta codificando a sequência e um promotor não nativo, preferivelmente o promotor subgenômico da proteína de revestimento não nativa que codifica a sequência, capaz de se expressar no hospedeiro da planta, no envoltório do polinucleotídeo viral recombinante da planta e garantindo uma infecção sistêmica do hospedeiro pelo polinucleotídeo viral recombinante da planta, foi introduzido. Alternativamente o gene da proteína de revestimento pode ser inativado pela introdução da sequência de polinucleotídeo não nativo dentro dele, de forma que uma proteína seja produzida. O polinucleotídeo viral recombinante da planta pode conter um ou mais promotores subgenômicos não nativos adicionais. Cada promotor subgenômico não nativo é capaz de transcrever ou de expressar genes adjacentes ou sequências de polinucleotídeos no hospedeiro da planta e

incapaz de recombinar uns com ou outros e com os promotores subgenômicos nativos. Sequências de polinucleotídeo não nativas (estranhas) podem ser introduzidas adjacentes ao promotor subgenômico viral nativo da planta ou o promotor subgenômico viral nativo e o promotor subgenômico viral não nativo da planta, se houver mais de uma sequência de polinucleotídeo for incluída. As sequências de polinucleotídeo não nativas são transcritas ou expressas na planta hospedeira sob controle do promotor subgenômico para produzir os produtos desejados.

[00252] Em uma segunda aplicação, um polinucleotídeo viral recombinante da planta é fornecido, como na primeira aplicação, exceto que a proteína de revestimento nativa que codifica a sequência é colocada adjacente a um dos promotores genômicos da proteína de revestimento não nativa ao invés de uma sequência codificadora da proteína de revestimento não nativa.

[00253] Em uma terceira aplicação, um polinucleotídeo viral de planta recombinante é fornecido, no qual o gene da proteína de revestimento nativa é adjacente ao seu promotor subgenômico e um ou mais promotores subgenômicos não nativos foi(ram) inserido(s) no polinucleotídeo viral. Os promotores subgenômicos não nativos introduzidos são capazes de transcrever ou de expressar genes adjacentes em um hospedeiro da planta e são incapazes de recombinar uns com ou outros e com promotores subgenômicos nativos. As sequências de polinucleotídeo não nativas podem ser introduzidas adjacentes aos promotores subgenômicos virais não nativos da planta de forma que as sequências são transcritas ou expressas na planta hospedeira sob controle do promotor subgenômico para produzir o produto desejado.

[00254] Em uma quarta aplicação, um polinucleotídeo viral recombinante da planta é fornecido, como na terceira aplicação, de forma que a sequência codificadora da proteína de revestimento nativa seja substituída por uma sequência codificadora da proteína de revestimento não nativa.

[00255] Os vetores virais são encapsulados pelas proteínas de revestimento codificadas pelo polinucleotídeo viral recombinante da planta para produzir um vírus da planta recombinante. O polinucleotídeo viral recombinante da planta ou o vírus da planta recombinante é utilizado para infectar plantas hospedeiras apropriadas. O polinucleotídeo viral recombinante da planta é capaz de replicação no hospedeiro, difusão sistêmica no hospedeiro e transcrição ou expressão de gene(s) estranho(s) (polinucleotídeo exógeno) no hospedeiro para produzir a proteína desejada.

[00256] Técnicas para inoculação de vírus para plantas podem ser encontradas em Foster e Taylor, eds. “Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)”, Humana Press, 1998; Maramorosh e Koprowski, eds. “Methods in Virology” 7 vols, Academic Press, New York 1967-1984; Hill, S.A. “Methods in Plant Virology”, Blackwell, Oxford, 1984; Walkey, D.G.A. “Applied Plant Virology”, Wiley, New York, 1985; e Kado e Agrawa, eds. “Principles e Techniques in Plant Virology”, Van Nostrand- Reinhold, New York.

[00257] Além do exposto acima, o polinucleotídeo da presente invenção também pode ser introduzido em um genoma de cloroplasto permitindo, dessa forma, a expressão de cloroplasto.

[00258] Uma técnica para introduzir sequências de polinucleotídeo exógeno no genoma dos cloroplastos é conhecida. Essa técnica envolve os procedimentos a seguir. Primeiro, as células das plantas são tratadas quimicamente de forma a reduzir o número de cloroplastos por célula para aproximadamente uma. Então, o polinucleotídeo exógeno é introduzido através de bombardeamento de partículas nas células com o objetivo de introduzir pelo menos uma molécula do polinucleotídeo exógeno nos cloroplastos. Os polinucleotídeos exógenos são selecionados de forma a serem integráveis no genoma do cloroplasto através de recombinação

homóloga que é prontamente efetuada pelas enzimas inerentes ao cloroplasto. Com essa finalidade, o polinucleotídeo exógeno inclui, além de um gene de interesse, pelo menos uma extensão do polinucleotídeo que é derivada do genoma do cloroplasto. Além disso, o polinucleotídeo exógeno inclui um marcador selecionável que serve, pelos procedimentos de seleção sequencial, para verificar se todas ou se substancialmente todas as cópias dos genomas do cloroplasto, após essa seleção, incluirão o polinucleotídeo exógeno. Detalhes adicionais relacionados a essa técnica são encontrados nas Patentes Norte-Americanas N° 4.945.050 e 5.693.507 que são incorporadas aqui por referência. Dessa forma, um polipeptídeo pode ser produzido pelo sistema de expressão de proteína do cloroplasto e se integra à membrana interna do cloroplasto.

[00259] De acordo com algumas aplicações, é fornecido um método para melhorar a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta enxertada, o método compreendendo fornecer um enxerto que não expressa de forma transgênica um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo, pelo menos, 80% homólogo à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794 e 2898-4855 e um rizoma de planta que expressa de forma transgênica um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo, pelo menos, cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca

de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% homólogo (ou idêntico) à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855 (p.ex., em uma forma constitutiva ou responsiva ao estresse abiótico), melhorando, dessa forma, a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta enxertada.

[00260] Em algumas aplicações, o enxerto da planta é não transgênico.

[00261] Diversas aplicações referem-se a uma planta enxertada, exibindo um aumento da eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor, teor de óleo, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico, compreendendo um enxerto que não expressa de forma transgênica um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo, pelo menos 80% homólogo à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794 e 2898-4855 e um rizoma de planta que expressa de forma transgênica um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% homólogo (ou idêntico) à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794,

2898-3645, 3647-4854 e 4855.

[00262] Em algumas aplicações, o rizoma de planta expressa de forma transgênica um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p. ex., 100% homólogo (ou idêntico) à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855, de forma responsiva ao estresse.

[00263] De acordo com algumas aplicações da invenção, o rizoma de planta expressa de forma transgênica um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[00264] De acordo com algumas aplicações da invenção, o rizoma de planta expressa de forma transgênica um polinucleotídeo, compreendendo uma sequência de ácido nucleico, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica ao polinucleotídeo selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N°1-495 e 795-2897.

[00265] De acordo com algumas aplicações da invenção, o rizoma de planta expressa de forma transgênica um polinucleotídeo selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N°1-495 e 795-2897.

[00266] Uma vez que os processos que aumentam a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, teor de óleo, produção, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, taxa de crescimento, biomassa, vigor e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta podem envolver múltiplos genes atuando de forma aditiva ou sinérgica (vide, por exemplo, Quesda et al., Plant Physiol. 130:951-063, 2002), a presente invenção também prevê expressar uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira para, deste modo, alcançar um efeito superior na eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, teor de óleo, produção, produção de sementes, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, taxa de crescimento, biomassa, vigor e/ou tolerância ao estresse abiótico.

[00267] A expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira pode ser efetuada cointroduzindo-se múltiplas estruturas de ácido nucleico, cada uma incluindo um polinucleotídeo exógeno diferente, em uma única célula vegetal. A célula transformada pode, então, ser regenerada em uma planta madura utilizando os métodos descritos acima.

[00268] De forma alternativa, a expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira pode ser efetuada cointroduzindo-se, em uma única célula da planta, uma única estrutura de ácido nucleico incluindo uma pluralidade de diferentes polinucleotídeos exógenos. Essa estrutura pode ser desenhada com uma única sequência promotora que pode transcrever um RNA mensageiro policistrônico incluindo todas as sequências diferentes de polinucleotídeo exógeno. A fim de permitir

a cotradução dos polipeptídeos diferentes codificados pelo RNA mensageiro policistrônica, as sequências de polinucleotídeos podem ser interligadas através de uma sequência do local interno de entrada do ribossomo (IRES|internal ribosome entry site) que facilita a tradução das sequências de polinucleotídeo posicionadas a jusante da sequência do IRES. Nesse caso, uma molécula de RNA policistrônico transcrita que codifica os diferentes polipeptídeos descritos acima será traduzida tanto no terminal 5' que tem o cap quanto nas duas sequências internas do IRES da molécula de RNA policistrônico para, assim, produzir todos os diferentes polipeptídeos na célula. Alternativamente, a estrutura pode incluir diversas sequências promotoras, cada uma ligada a uma sequência de polinucleotídeo exógeno diferente.

[00269] A célula da planta transformada com a estrutura, incluindo uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos diferentes, pode ser regenerada em uma planta madura utilizando os métodos descritos acima.

[00270] Alternativamente, a expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira pode ser efetuada introduzindo diferentes estruturas de ácido nucleico, incluindo polinucleotídeos exógenos diferentes, em uma pluralidade de plantas. As plantas transformadas regeneradas podem, então, ser cruzadas e a progênie resultante selecionada para obter traços superiores de tolerância ao estresse abiótico, eficiência no uso da água, eficiência no uso de fertilizante, crescimento, biomassa, produção e/ou vigor, utilizando técnicas convencionais de melhoramento de plantas.

[00271] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método compreende, ainda, o cultivo da planta expressando o polinucleotídeo exógeno sob estresse abiótico.

[00272] Exemplos não limitantes de condições de estresse abiótico incluem salinidade, estresse osmótico, seca, privação de água, excesso de

água (p.ex., inundação, encharcamento), etiolação, baixa temperatura (p.ex., estresse por frio), alta temperatura, toxicidade por metais pesados, anaerobiose, deficiência de nutrientes (p.ex., deficiência de nitrogênio ou limitação de nitrogênio), excesso de nutrientes, poluição atmosférica e irradiação UV.

[00273] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método compreende, ainda, o cultivo da planta que expressa o polinucleotídeo exógeno em condições limitantes do fertilizante (p.ex., condições limitantes de nitrogênio). Os exemplos não limitantes incluem o cultivo da planta nos solos com baixo teor de nitrogênio (40-50% de nitrogênio do teor presente em condições normais e ideais), ou mesmo em deficiência de nitrogênio severa (0 a 10% de nitrogênio do teor presente em condições normais e ideais).

[00274] Dessa forma, a invenção abrange plantas que expressam de forma exógena o(s) polinucleotídeo(s), as estruturas de ácido nucleico e/ou o(s) polipeptídeo(s) da invenção.

[00275] Uma vez expresso dentro da célula da planta ou de toda a planta, o nível do polipeptídeo codificado pelo polinucleotídeo exógeno pode ser determinado por métodos bem conhecidos na técnica, como ensaios de atividade, Western blots utilizando anticorpos capazes de se ligarem especificamente ao polipeptídeo, Ensaio Imunoabsorvente Ligado à Enzima (ELISA | enzyme-linked immuno sorbent assay), radioimunoensaios (RIA|radio-immuno- assays), imunohistoquímica, imunocitoquímica, imunofluorescência e outros métodos semelhantes.

[00276] Métodos para determinar o nível do RNA transcrito do polinucleotídeo exógeno na planta são bem conhecidos na técnica e incluem, p.ex., análise de Northern blot, análise de reação em cadeia da polimerase com transcriptase reversa (RT-PCR|reverse transcription polymerase chain reaction) (incluindo RT-PCR quantitativa, semiquantitativa ou em tempo real) e hibridização in situ para RNA.

[00277] As informações e anotações da sequência não cobertas pelos presentes ensinamentos podem ser aproveitados em favor do melhoramento clássico. Assim, os dados da subsequência daqueles polinucleotídeos descritos acima podem ser utilizados como marcadores para seleção assistida pelo marcador (MAS | marker assisted selection), na qual um marcador é utilizado para seleção indireta de um determinante ou determinantes genético(s) de um traço de interesse (p.ex., biomassa, taxa de crescimento, teor de óleo, produção, tolerância ao estresse abiótico, eficiência no uso da água, eficiência no uso de nitrogênio e/ou eficiência no uso de fertilizantes). Os dados do ácido nucleico dos presentes ensinamentos (sequência de DNA ou RNA) podem conter ou estar ligados a sítios polimórficos ou a marcadores genéticos no genoma como o polimorfismo do comprimento do fragmento de restrição (RFLP | restriction fragment length polymorphism), microssatélites e polimorfismo de nucleotídeo único (SNP|single nucleotide polymorphism), impressão genética (DFP|DNA fingerprinting), polimorfismo do comprimento de fragmentos amplificados (AFLP|amplified fragment length polymorphism), polimorfismo do nível de expressão, polimorfismo do polipeptídeo codificado e qualquer outro polimorfismo na sequência de DNA ou de RNA.

[00278] Exemplos de seleções assistidas do marcador incluem, mas não se limitam à seleção de um traço morfológico (p.ex., um gene que afete a forma, a coloração, a esterilidade masculina ou a resistência como a presença ou a ausência de aresta, coloração da bainha da folha, altura, cor do grão, aroma do arroz); seleção de um traço bioquímico (p.ex., um gene que codifique uma proteína que possa ser extraída e observada; p.ex., isozimas e proteínas de reserva); seleção de um traço biológico (p.ex., (raças patogênicas ou biotipos de insetos com bases no patógeno hospedeiro ou a interação com o parasita hospedeiro pode ser utilizada como um marcador desde que a constituição genética de um organismo possa afetar sua susceptibilidade a

patógenos ou parasitas).

[00279] Os polinucleotídeos e polipeptídeos descritos acima podem ser utilizados em uma ampla variedade de plantas econômicas, de forma segura e eficiente em termos de custo.

[00280] Linhagens vegetais que expressam de forma exógena o polinucleotídeo ou o polipeptídeo da invenção são triadas para identificar aquelas que mostram o maior aumento do traço desejado da planta.

[00281] Portanto, de acordo com uma aplicação adicional da presente invenção, é fornecido um método de avaliação de um traço de uma planta, o método compreendendo:

(a) express em uma planta ou em uma parte respectiva a estrutura de ácido nucleico de algumas aplicações da invenção; e (b) avaliar um traço de uma planta em comparação a uma planta do tipo selvagem do mesmo tipo (p.ex., não transformada com as biomoléculas reivindicadas); avaliando, deste modo, o traço da planta.

[00282] De acordo com algumas aplicações da invenção, é fornecido um método de produção de uma colheita, compreendendo o cultivo de uma colheita de uma planta expressando um polinucleotídeo exógeno, compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, pelo menos cerca de 80 %, pelo menos cerca de 81 %, pelo menos cerca de 82 %, pelo menos cerca de 83 %, pelo menos cerca de 84 %, pelo menos, cerca de 85 %, pelo menos cerca de 86 %, pelo menos cerca de 87 %, pelo menos cerca de 88 %, pelo menos cerca de 89 %, pelo menos cerca de 90 %, pelo menos cerca de 91 %, pelo menos cerca de 92 %, pelo menos cerca de 93 %, pelo menos cerca de 94 %, pelo menos cerca de 95 %, pelo menos cerca de 96 %, pelo menos cerca de 97 %, pelo menos cerca de 98 %, pelo menos cerca de 99 %, ou, digamos, 100 % homólogo à sequência de aminoácidos selecionada de um grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855, caracterizado pela referida planta ser derivada

de uma planta selecionada para aumento da eficiência no uso de fertilizante, aumento da eficiência no uso do nitrogênio, aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumento da taxa de crescimento, aumento da biomassa, aumento do vigor, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de semente, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra e/ou aumento da capacidade fotossintética se comparada a uma planta de controle, produzindo, deste modo, a colheita.

[00283] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da presente invenção, é fornecido um método de produção de uma cultura, compreendendo o cultivo de uma cultura de planta transformada com um polinucleotídeo exógeno que codifica um polipeptídeo, pelo menos 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, ou, digamos, 100% homólogo (p.ex., idêntico) à sequência de aminoácidos selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 e 4855, caracterizado pela planta de cultura ser derivada de plantas selecionadas para um aumento na tolerância ao estresse abiótico, aumento na eficiência no uso da água, aumento na taxa de crescimento, aumento no vigor, aumento na biomassa, aumento no teor de óleo, aumento na produção, aumento na produção de sementes, aumento na produção de fibra, aumento na qualidade da fibra, aumento no comprimento da fibra, aumento na capacidade fotossintética e/ou aumento na eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., aumento na eficiência no uso do nitrogênio) se comparada a uma planta do

tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada nas mesmas condições de cultivo, e a planta de cultivo tendo aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumento da taxa de crescimento, aumento do vigor, aumento da biomassa, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de sementes, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., aumento da eficiência no uso do nitrogênio), produzindo, deste modo, a cultura.

[00284] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polipeptídeo é selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[00285] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da invenção, é fornecido um método de produção de uma cultura, compreendendo o cultivo de uma cultura de uma planta expressando um polinucleotídeo exógeno que compreende uma sequência de ácido nucleico que é, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica à sequência de ácido nucleico selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897, caracterizado pela referida planta ser derivada de uma planta (planta principal) que foi transformada para expressar o polinucleotídeo exógeno e que foi selecionada para aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumento da taxa de crescimento,

aumento do vigor, aumento da biomassa, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de sementes, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., aumento da eficiência no uso do nitrogênio) se comparada a uma planta de controle, produzindo, deste modo, a cultura.

[00286] De acordo com um aspecto de algumas plicações da invenção, é fornecido um método de produção de uma cultura, compreendendo o cultivo de uma cultura de planta transformada com um polinucleotídeo exógeno, pelo menos 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, ou digamos, 100% idêntico à sequência de ácido nucleico selecionada do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 1- 495, 795-2896 e 2897, caracterizado pela planta de cultura ser derivada de plantas selecionadas para aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumentara taxa de crescimento, aumento do vigor, aumento da biomassa, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de sementes, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., aumento da eficiência no uso do nitrogênio) se comparada a uma planta do tipo selvagem da mesma espécie que é cultivada nas mesmas condições de cultivo, e o planta de cultura tendo um aumento na tolerância ao estresse abiótico, aumento na eficiência no uso da água, aumento na taxa de crescimento, aumento no vigor, aumento na

biomassa, aumento no teor de óleo, aumento na produção, aumento na produção de sementes, aumento na produção de fibra, aumento na qualidade da fibra, aumento no comprimento da fibra, aumento na capacidade fotossintética e/ou aumento na eficiência no uso de fertilizantes (p.ex., aumento na eficiência no uso do nitrogênio) produzindo, deste modo, a cultura.

[00287] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno é selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[00288] De acordo com um aspecto de algumas aplicações da invenção, é fornecido um método para cultivo de uma colheita, compreendendo a semeadura de sementes e/ou plantio de mudas de uma planta transformada com o polinucleotídeo exógeno da invenção, por exemplo, o polinucleotídeo que codifica o polipeptídeo de algumas aplicações da invenção, caracterizado pela planta ser derivada de plantas selecionadas com, pelo menos, um traço selecionado do grupo constituído por aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumento da taxa de crescimento, aumento do vigor, aumento da biomassa, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de sementes, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da eficiência no uso de fertilizantes (aumento da eficiência no uso de nitrogênio) se comparada a uma planta não transformada.

[00289] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método de cultivo de uma colheita compreende a semeadura de sementes e/ou o plantio de mudas de uma planta transformada com um polinucleotídeo exógeno, compreendendo uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%,

pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de 97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntico às ID SEQ. N° 496-794, 2898-3645, 3647-4854 ou 4855, caracterizado pela planta ser derivada de plantas selecionadas com, pelo menos, um traço selecionado do grupo constituído por aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumento da taxa de crescimento, aumento do vigor, aumento da biomassa, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de sementes, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da eficiência no uso de fertilizantes (aumento da eficiência no uso de nitrogênio) se comparada a uma planta não transformada, aumentando, desta forma, a colheita.

[00290] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polipeptídeo é selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 496-794, 2898-4854 e 4855.

[00291] De acordo com algumas aplicações da invenção, o método de cultivo de uma colheita compreende a semeadura de sementes e/ou o plantio de mudas de uma planta transformada com um polinucleotídeo exógeno, compreendendo a sequência de ácido nucleico, pelo menos cerca de 80%, pelo menos cerca de 81%, pelo menos cerca de 82%, pelo menos cerca de 83%, pelo menos cerca de 84%, pelo menos cerca de 85%, pelo menos cerca de 86%, pelo menos cerca de 87%, pelo menos cerca de 88%, pelo menos cerca de 89%, pelo menos cerca de 90%, pelo menos cerca de 91%, pelo menos cerca de 92%, pelo menos cerca de 93%, pelo menos cerca de 94%, pelo menos cerca de 95%, pelo menos cerca de 96%, pelo menos cerca de

97%, pelo menos cerca de 98%, pelo menos cerca de 99%, p.ex., 100% idêntica às ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 ou 2897, caracterizado pela planta ser derivada de plantas selecionadas com, pelo menos, um traço selecionado do grupo constituído por aumento da tolerância ao estresse abiótico, aumento da eficiência no uso da água, aumento da taxa de crescimento, aumento do vigor, aumento da biomassa, aumento do teor de óleo, aumento da produção, aumento da produção de sementes, aumento da produção de fibra, aumento da qualidade da fibra, aumento do comprimento da fibra, aumento da capacidade fotossintética e/ou aumento da eficiência no uso de fertilizantes (aumento da eficiência no uso de nitrogênio) se comparada a uma planta não transformada, aumentando, desta forma, a colheita.

[00292] De acordo com algumas aplicações da invenção, o polinucleotídeo exógeno é selecionado do grupo consistindo nas ID SEQ. N° 1-495, 795-2896 e 2897.

[00293] O efeito de transgene (o polinucleotídeo exógeno codificando o polipeptídeo) sobre a tolerância ao estresse abiótico pode ser determinado utilizando métodos conhecidos, conforme detalhado abaixo e na seção de Exemplos a seguir.

[00294] Tolerância ao estresse abiótico - Plantas transformadas (isto é, expressando o transgene) e não transformadas (tipo selvagem) são expostas a uma condição de estresse abiótico, como privação de água, temperatura subótima (baixa temperatura, temperatura elevada), deficiência de nutrientes, excesso de nutrientes, uma condição de estresse causada pelo sal, estresse osmótico, toxicidade por metais pesados, anaerobiose, poluição atmosférica e irradiação UV.

[00295] Ensaio de tolerância à salinidade – Espera-se que plantas transgênicas com tolerância a concentrações elevadas de sal apresentem melhor germinação, vigor da muda ou crescimento em condições com níveis elevados de sal. O estresse por sal pode ser efetuado de muitas maneiras

como, p.ex., irrigando as plantas com uma solução hiperosmótica, cultivando as plantas hidronicamente em uma solução de cultivo hiperosmótica (p.ex., solução de Hoagland), ou submetendo as plantas à cultura em meio de crescimento hiperosmótico [p.ex., meio de Murashige-Skoog (meio MS) a 50%]. Como diferentes plantas variam consideravelmente em sua tolerância à salinidade, a concentração de sal na água de irrigação, na solução de crescimento ou no meio de crescimento pode ser ajustada de acordo com as características específicas do cultivar ou variedade específica da planta, de forma a infligir um efeito leve ou moderado sobre a fisiologia e/ou morfologia das plantas (para conhecer as diretrizes com relação à concentração apropriada, consulte, Bernstein e Kafkafi, Root Growth Under Salinity Stress In: Plant Roots, The Hidden Half 3rd ed. Waisel Y, Eshel A e Kafkafi U. (editores) Marcel Dekker Inc., New York, 2002 e a referência lá contida).

[00296] Por exemplo, o teste de tolerância à salinidade pode ser realizado irrigando as plantas em diferentes estágios de desenvolvimento com concentrações crescentes de cloreto de sódio (p.ex., 50 mM, 100 mM, 200 mM, 400 mM de NaCl) aplicadas de baixo e de cima para garantir uma dispersão regular do sal. Após a exposição à condição de estresse, as plantas são, frequentemente, monitoradas até que os efeitos fisiológicos e/ou morfológicos apareçam nas plantas do tipo selvagem. Dessa forma, a aparência fenotípica externa, o grau de emurchecimento e o sucesso geral para atingir a maturidade e a progênie da produção são comparados entre as plantas de controle e as transgênicas.

[00297] Os parâmetros quantitativos de tolerância medidos incluem, mas não estão limitados ao peso úmido e seco médio, à taxa de crescimento, ao tamanho da folha, à cobertura foliar (área foliar geral), ao peso das sementes geradas, ao tamanho médio das sementes e ao número de sementes produzidas por planta. As plantas transformadas que não exibem efeitos fisiológicos e/ou morfológicos substanciais, ou que exibem maior biomassa

do que as plantas do tipo selvagem, são identificadas como plantas tolerantes ao estresse abiótico.

[00298] Teste de tolerância osmótica - Os ensaios de estresse osmótico (incluindo ensaios com cloreto de sódio e manitol) são realizados para determinar se um fenótipo de estresse osmótico era específico do cloreto de sódio ou se era um fenótipo relacionado ao estresse osmótico geral. As plantas tolerantes ao estresse osmótico podem ter mais tolerância à seca e/ou congelamento. Para experimentos de germinação sob estresse salino e osmótico, o meio é suplementado, p.ex., com 50 mM, 100 mM, 200 mM de NaCl ou com 100 mM, 200 mM NaCl, 400 mM de manitol.

[00299] Ensaio de tolerância à seca/Ensaio osmótico - A tolerância à seca é realizada para identificar os genes que conferem melhor sobrevivência à planta depois de privação aguda de água. Para analisar se as plantas transgênicas são mais tolerantes à seca, um estresse osmótico produzido pelo osmólito sorbitol não-iônico no meio pode ser realizado. Plantas de controle e transgênicas são germinadas e cultivadas em placas de ágar em plantas por 4 dias, depois do que elas são transferidas para placas contendo 50 mM de sorbitol. O tratamento causa retardamento do crescimento, então, tanto as plantas de controle quanto as transgênicas são comparadas, medindo o peso da planta (úmida e seca), a produção e pelas taxas de crescimento medidas como o tempo para a floração.

[00300] Inversamente, telas secas com base no solo são realizadas com plantas superexpressando os polinucleotídeos detalhados acima. Sementes de plantas *Arabidopsis* de controle, ou de outras plantas transgênicas que superexpressam o polipeptídeo da invenção, são germinadas e transferidas para vasos. O estresse à seca é obtido depois que a irrigação é interrompida, acompanhada pela colocação dos vasos em papel absorvente para melhorar a taxa de secagem do solo. As plantas transgênicas e de controle são comparadas umas com as outras quando a maioria das plantas de controle

desenvolvem emurchecimento grave. As plantas recebem água novamente depois de obter uma fração significativa das plantas de controle exigindo emurchecimento grave. As plantas são classificadas em comparação com os controles em relação a cada um dos dois critérios: tolerância às condições de seca e recuperação (sobrevida) após a reirrigação.

[00301] Tolerância ao estresse por frio - Para analisar o estresse por frio, plantas maduras (25 dias de idade) são transferidas para câmaras a 4°C por 1 ou 2 semanas, com luz constitutiva. Posteriormente, as plantas são devolvidas à estufa. Duas semanas depois, os danos causados pelo período de resfriamento, resultando no retardamento do crescimento e em outros fenótipos, são comparados entre as plantas tanto de controle quanto transgênicas, medindo o peso da planta (úmida e seca) e comparando as taxas de crescimento medidas como o tempo para a floração, o tamanho da planta, a produção e parâmetros semelhantes.

[00302] Tolerância ao estresse por calor - A tolerância ao estresse por calor é alcançada expondo as plantas a temperaturas acima de 34°C por um determinado período. A tolerância da planta é examinada depois de transferir as plantas de volta para 22°C para recuperação e avaliação depois de 5 dias em relação aos controles internos (plantas não-transgênicas) ou plantas não expostas nem ao estresse por frio nem ao estresse por calor.

[00303] Eficiência no uso da água - pode ser determinada como a biomassa produzida por transpiração unitária. Para analisar a WUE, o teor de água relativo da folha pode ser medido em plantas de controle e transgênicas. O peso fresco (FW | fresh weight) é registrado imediatamente; então, as folhas são colocadas por 8 horas em água destilada em temperatura ambiente no escuro e o peso túrgido (TW | turgid weight) é registrado. O peso seco (DW | dry weight) total é registrado depois da secagem das folhas a 60°C a um peso constante. O teor relativo de água (RWC | relative water content) é calculado de acordo com a seguinte Fórmula I:

Fórmula I

$$\text{RWC} = [(\text{FW} - \text{DW}) / (\text{TW} - \text{DW})] \times 100$$

[00304] Eficiência no uso de fertilizantes - Para analisar se as plantas transgênicas são mais responsivas aos fertilizantes, as plantas foram cultivadas em placas de ágar ou vasos com uma quantidade limitada de fertilizante, conforme descrito, por exemplo, nos Exemplos 15-17 abaixo e em Yanagisawa et al (Proc Natl Acad Sci EUA. 2004; 101:7833-8. As plantas são analisadas quanto ao seu tamanho geral, tempo para a floração, produção, teor de proteína do broto e/ou grão. Os parâmetros verificados são o tamanho geral da planta madura, seu peso úmido e seco, o peso das sementes geradas, o tamanho médio da semente e o número de sementes produzidas por planta. Outros parâmetros que podem ser testados são: o teor de clorofila das folhas (como o status do nitrogênio da planta e o grau de verdura da folha está altamente correlacionado), o teor de aminoácidos e de proteína total das sementes ou de outras partes da planta como as folhas ou os brotos, o teor de óleo, etc. Semelhantemente, ao invés de fornecer nitrogênio em quantidades limitantes, fosfato ou potássio podem ser adicionados em concentrações crescentes. Novamente os mesmos parâmetros medidos são os mesmos listados acima. Dessa forma, a eficiência no uso de nitrogênio (NUE), a eficiência da utilização do fosfato (PUE | phosphate use efficiency) e a eficiência da utilização de potássio (KUE | potassium use efficiency) são avaliadas, verificando a capacidade das plantas transgênicas de se desenvolverem sob condições de restrição de nutrientes.

[00305] Eficiência no uso de nitrogênio – Para analisar se as plantas transgênicas (p.ex., plantas Arabidopsis) são mais responsivas ao nitrogênio, as plantas são cultivadas em 0,75-3 mM (condições de deficiência de nitrogênio) ou 6-10 mM (concentração de nitrogênio adequada). Permite-se que as plantas cresçam por 25 dias adicionais ou até a produção de semente. Então, as plantas são analisadas quanto ao seu tamanho geral, tempo para a

floração, produção, teor de proteína do broto e/ou do grão/semente. Os parâmetros verificados podem ser o tamanho geral da planta madura, seu peso úmido e seco, o peso das sementes geradas, o tamanho médio da semente e o número de sementes produzidas por planta. Outros parâmetros que podem ser testados são: o teor de clorofila das folhas (como o status do nitrogênio da planta e o grau de verdura da folha está altamente correlacionado), o teor de aminoácidos e de proteína total das sementes ou de outras partes da planta como as folhas ou os brotos o teor de óleo. As plantas transformadas que não exibem efeitos fisiológicos e/ou morfológicos substanciais, ou que exibem níveis maiores dos parâmetros medidos do que as plantas do tipo selvagem, são identificadas como plantas eficientes na utilização do nitrogênio.

[00306] Ensaio de eficiência no uso de nitrogênio utilizando plântulas - O ensaio é realizado de acordo com Yanagisawa-S. et al. com pequenas modificações (“Metabolic engineering with Dof1 transcription factor in plants: Improved nitrogen assimilation e growth under low- nitrogen conditions” Proc. Natl. Acad. Sci. EUA 101, 7833- 7838). Brevemente, as plantas transgênicas que são cultivadas por 7-10 dias em 0,5 x MS [Murashige-Skoog] suplementadas com um agente de seleção são transferidas para duas condições limitantes de nitrogênio: O meio MS no qual a concentração de nitrogênio combinada (NH_4NO_3 e KNO_3) era de 0,75 mM (condições de deficiência de nitrogênio) ou de 6-15 mM (concentração de nitrogênio adequada). Permitiu-se que as plantas crescessem por 30-40 dias adicionais e, então, foram fotografadas, removidas individualmente do Ágar (o broto sem as raízes) e pesadas imediatamente (peso fresco) para análise estatística posterior. Estruturas para as quais somente sementes T1 estão disponíveis são semeadas em meio seletivo e pelo menos 20 mudas (cada uma representando um evento de transformação independente) são cuidadosamente transferidas para o meio limitante de nitrogênio. Para estruturas nas quais sementes T2 estão disponíveis, eventos de transformação diferentes são analisados.

Geralmente, 20 plantas selecionadas aleatoriamente de cada evento são transferidas para o meio limitante de nitrogênio e permite-se que elas cresçam por 3-4 semanas adicionais e são pesadas individualmente no final daquele período. As plantas transgênicas são comparadas às plantas de controle cultivadas paralelamente sob as mesmas condições. Plantas transgênicas falsas expressando o gene repórter uidA (GUS) sob o mesmo promotor, ou plantas transgênicas carregando o mesmo promotor mas sem um gene repórter, são utilizadas como controle.

[00307] Determinação do nitrogênio – O procedimento para a determinação da concentração de N (nitrogênio) nas partes estruturais das plantas envolve o método de digestão de persulfato de potássio para converter o N orgânico em NO_3^- (Purcell e King 1996 Argon. J. 88:111- 113), a redução mediada de Cd^{2+} modificada de NO_3^- a NO_2^- (Vodovotz 1996 Biotechniques 20:390-394) e a medição de nitrito pelo ensaio de Griess (Vodovotz 1996, supra). Os valores de absorvência são medidos a 550 nm em relação a uma curva padrão de NaNO_2 . O procedimento é descrito em detalhes em Samonte et al. 2006 Agron. J. 98:168-176.

[00308] Testes de germinação - Os testes de germinação comparam o percentual de sementes de plantas transgênicas que poderiam completar o processo de germinação ao percentual de sementes das plantas de controle que são tratadas da mesma maneira. Condições normais são consideradas, por exemplo, incubações a 22°C sob ciclos diários de 22 horas de luz e 2 horas de escuro. A avaliação da germinação e do vigor da muda é realizada entre 4 e 14 dias após o plantio. O meio basal é o meio MS a 50% (Murashige e Skoog, 1962 Plant Physiology 15, 473-497).

[00309] A germinação também é verificada em condições desfavoráveis como o frio (incubação a temperaturas inferiores a 10°C ao invés de 22°C) ou utilizando soluções para inibição da semente que contenham concentrações elevadas de um osmólito como o sorbitol (em

concentrações de 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM e até 1000 mM) ou aplicando concentrações crescentes de sal (de 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM de NaCl).

[00310] O efeito do transgene sobre o vigor, a taxa de crescimento, a biomassa, a produção e/ou o teor de óleo da planta pode ser determinado utilizando métodos conhecidos.

[00311] Vigor da planta - O vigor da planta pode ser calculado pelo aumento dos parâmetros de crescimento como a área de folha, o comprimento das fibras, o diâmetro da roseta, o peso fresco da planta e parâmetros semelhantes por período.

[00312] Taxa de crescimento - A taxa de crescimento pode ser medida utilizando a análise digital de plantas cultivadas. Por exemplo, as imagens das plantas cultivadas em estufa com base no terreno podem ser capturadas a cada 3 dias e a área da roseta pode ser calculada por análise digital. O crescimento da área da roseta é calculado utilizando a diferença da área da roseta entre os dias de amostragem dividida pela diferença em dias entre as amostras.

[00313] A avaliação da taxa de crescimento pode ser realizada medindo a biomassa produzida da planta, o tamanho da folha ou o comprimento da raiz por período (pode ser medido em cm^2 por dia de área de folha).

A Área de Crescimento Relativo pode ser calculada utilizando a Fórmula II.

Fórmula II:

Área da Taxa de Crescimento Relativo = Coeficiente de regressão da área ao longo do tempo.

[00314] Desse modo, a taxa da área de crescimento relativo está nas unidades das unidades da área (p.ex., mm^2/dia ou cm^2/dia) e a taxa de crescimento relativo do comprimento está nas unidades das unidades de comprimento (p. ex., cm/dia ou mm/dia).

[00315] Por exemplo, a RGR pode ser determinada para altura da

planta (Fórmula III), SPAD (Fórmula IV), Número de perfilhos (Fórmula V), comprimento da raiz (Fórmula VI), crescimento vegetal (Fórmula VII), número de folhas (Fórmula VIII), área da roseta (Fórmula IX), diâmetro da roseta (Fórmula X), cobertura de lote (Fórmula XI), área de lâmina foliar (Fórmula XII) e área da folha (Fórmula XIII).

Fórmula III:

Taxa de crescimento relativo da Altura da planta = Coeficiente de regressão da Altura da planta ao longo do curso de tempo (medido em cm/dia).

Fórmula IV:

Taxa de crescimento relativo de SPAD = Coeficiente de regressão de medições SPAD ao longo do curso de tempo.

Fórmula V:

Taxa de crescimento relativo do Números de perfilhos = Coeficiente de regressão do Número de perfilhos ao longo do curso de tempo (medido em unidades de “número de perfilhos/dia”).

Fórmula VI:

Taxa de crescimento relativo do comprimento da raiz = Coeficiente de regressão do comprimento da raiz ao longo do curso de tempo (medido em cm por dia).

[00316] Análise da taxa de crescimento vegetal - foi calculada de acordo com a Fórmula VII, abaixo.

Fórmula VII:

Taxa de crescimento relativo do crescimento vegetal = Coeficiente de regressão do peso vegetal ao longo do curso de tempo (medido em gramas por dia).

Fórmula VIII:

Taxa de crescimento relativo do número de folhas = Coeficiente de regressão do número de folhas ao longo do curso de tempo (medido em número por dia).

Fórmula IX:

Taxa de crescimento relativo das áreas de roseta = Coeficiente de regressão da área de roseta ao longo do curso de tempo (medido em cm² por dia).

Fórmula X:

Taxa de crescimento relativo do diâmetro da roseta = Coeficiente de regressão do diâmetro da roseta ao longo do curso de tempo (medido em cm por dia).

Fórmula XI:

Taxa de crescimento relativo da cobertura de lote = Coeficiente de regressão de lote ao longo do curso de tempo (medido em cm² por dia).

Fórmula XII:

Taxa de crescimento relativo da área de lâmina foliar = Coeficiente de regressão da área da folha ao longo do curso de tempo (medido em cm² por dia).

Fórmula XIII:

Taxa de crescimento relativo da área da folha = Coeficiente de regressão da área da folha ao longo do curso de tempo (medido em cm² por dia).

Fórmula XIV:

Peso de 1000 Sementes = número de sementes na amostra/peso da amostra X 1000.

[00317] O Índice de Colheita pode ser calculado utilizando as Fórmulas XV, XVI, XVII, XVIII e XXXVII abaixo.

Fórmula XV:

Índice de Colheita (semente) = Produção média de sementes por planta/peso seco médio.

Fórmula XVI:

Índice de Colheita (Sorgo) = Peso seco médio do grão por Cabeça/(peso seco médio vegetal por Cabeça + peso seco médio por cabeça)

Fórmula XVII:

Índice de Colheita (Milho) = Peso médio do grão por planta/(peso seco médio

vegetal por planta mais peso médio do grão por planta)

[00318] Índice de Colheita (para cevada) - O índice de colheita é calculado usando a Fórmula XVIII.

Fórmula XVIII:

Índice de Colheita (para cevada e trigo) = $\frac{\text{Peso seco médio da espiga por planta}}{\text{peso seco médio vegetal por planta} + \text{peso médio da espiga por planta}}$

[00319] A seguir encontra-se uma lista não limitada de parâmetros adicionais que podem ser detectados, a fim de mostrar o efeito da transgenia sobre os tratos das plantas desejados.

Fórmula XIX:

Circularidade do grão = $4 \times 3,14 \left(\frac{\text{área de grão}}{\text{perímetro}^2} \right)$

Fórmula XX:

volume entrenó = $3,14 \times \left(\frac{d}{2} \right)^2 \times l$.

Fórmula XXI:

Peso de espigas normalizado por planta + peso seco vegetal.

Fórmula XXII:

Razão Raiz/Broto = $\frac{\text{peso total da raiz na colheita}}{\text{peso total da parte vegetal acima do solo no momento da colheita. (=RBiH/BiH)}}$

Fórmula XXIII:

Razão entre o número de vagens por nó na haste principal em conjunto vagens = $\frac{\text{Número total de vagens na haste principal}}{\text{número total de nós na haste principal.}}$

Fórmula XXIV:

Razão do número total de sementes na haste principal para o número de sementes em ramos laterais = $\frac{\text{Número total de sementes na haste principal no conjunto de vagens}}{\text{Número total de sementes em ramos laterais em conjunto de vagens.}}$

Fórmula XXV:

Área Relativa do Pecíolo = (Área do pecíolo) / Área de roseta (medida em %).

Fórmula XXVI:

porcentagem (%) de perfilhos reprodutivos = Número de perfilhos reprodutivos / número de perfilhos) X 100.

Fórmula XXVII:

Índice de Espigas = Peso médio da espiga por planta / (peso seco médio vegetal por planta mais Peso médio da Espiga por planta)

Fórmula XXVIII:

Taxa de crescimento relativo da cobertura da raiz = Coeficiente de regressão da cobertura da raiz ao longo do curso de tempo.

Fórmula XXIX:

Produção de Óleo da Semente = Produção de sementes por planta (g.) * % de Óleo na semente.

Fórmula XXX:

Razão broto/raiz = peso total da parte vegetal acima do solo no momento da colheita / peso total da raiz na colheita. (=R_{BiH}/B_{iH})

Fórmula XXXI:

Índice de Espiguetas = Peso médio da espiguetas por planta / (peso seco médio vegetal por planta mais peso médio da espiguetas por planta)

Fórmula XXXII:

% Cobertura da Copa = (1-(PAR_ABAIXO/PAR_ACIMA))x100.

Fórmula XXXIII:

fração de massa foliar = Área da folha / do broto.

Fórmula XXXIV:

Taxa de crescimento relativo com base no peso seco = Coeficiente de regressão do peso seco ao longo do curso de tempo.

Fórmula XXXV:

Matéria seca total (para Milho) = Peso de espigas normalizado por planta + peso seco vegetal.

Fórmula XXXVI:

$$\frac{\text{NUE Agronômico} = \text{Produção por planta (Kg.)} \times \text{Fertilização por Nitrogênio} - \text{Produção por planta (Kg.)} \times \text{Fertilização por Nitrogênio}}{\text{Fertilizante}^x}$$

Fórmula XXXVII:

Índice de Colheita (Brachypodium) = Peso médio dos grãos/peso seco vegetal (vegetal + espiguetas) por planta.

Fórmula XXXVIII:

Índice de Colheita por Sorgo* (* quando as plantas não estão secas) = FW (fresh weight/peso fresco) das Cabeças/(FW das Cabeças + FW das Plantas)

[00320] Taxa de preenchimento do grão [mg/dia] - Taxa de cúmulo de matéria seca no grão. A taxa de preenchimento do grão é calculada utilizando a Fórmula XXXIX.

Fórmula XXXIX:

Taxa de preenchimento do grão [mg/dia] = [Peso do grão*espiga-1 x 1000] / [Número de grão*espiga-1] x Duração do preenchimento do grão].

[00321] Concentração de proteína no grão - O teor de proteína no grão (g de proteína no grão m⁻²) é estimado como o produto da massa do grão N (g de N do m⁻²) multiplicado pela taxa de conversão de N/proteína de k-5,13 (Mosse 1990, supra). A concentração de proteína no grão é estimada como a relação do teor de proteína no grão por massa unitária do grão (g de proteína no grão kg⁻¹ do grão).

[00322] Comprimento da fibra - O comprimento das fibras pode ser medido utilizando um fibrógrafo. O sistema de fibrógrafo foi utilizado para computar o comprimento em termos de comprimento “Médio da Metade Superior”. A média da metade superior (UHM | upper half mean) é o comprimento médio da metade mais longa da distribuição das fibras. O fibrógrafo mede o comprimento em comprimentos de envergadura em um determinado ponto percentual (cottoninc (ponto) com/ClassificationofCotton/?Pg=4#Length).

[00323] De acordo com algumas aplicações da invenção, o aumento da

produção de milho pode ser manifestado como um ou mais dos seguintes itens: aumento do número de plantas por área de cultivo, aumento do número de espigas por planta, aumento do número de fileiras por espiga, número de grãos por fileira da espiga, o peso do grão, o peso de mil grãos (peso por 1000), comprimento/diâmetro da espiga, aumento do teor de óleo por grão e aumento do teor de amido por grão.

[00324] Conforme mencionado, o aumento da produção da planta pode ser determinado por vários parâmetros. Por exemplo, o aumento da produção de arroz pode ser manifestado por um aumento de um ou mais dos seguintes itens: número de plantas por área de cultivo, número de panículas por planta, número de espiguetas por panícula, número de flores por panícula, aumento da taxa de enchimento da semente, aumento do peso por mil grãos (peso por 1000), aumento do teor de óleo por semente, aumento do teor de amido por semente, entre outros. Um aumento na produção também pode resultar na arquitetura modificada, ou pode ocorrer por causa da arquitetura modificada.

[00325] De modo semelhante, o aumento da produção da soja pode ser manifestado por um aumento de um ou mais dos seguintes itens: número de plantas por área de cultivo, número de vagens por planta, número de sementes por vagem, aumento da taxa de enchimento da semente, aumento no peso de 1000 sementes (peso por 1000), redução da dilaceração das vagens, aumento do teor de óleo por semente, aumento do teor de proteínas pro semente, entre outros. Um aumento na produção também pode resultar na arquitetura modificada, ou pode ocorrer por causa da arquitetura modificada.

[00326] O aumento da produção da canola pode ser manifestado por um aumento de um ou mais dos seguintes itens: número de plantas por área de cultivo, número de vagens por planta, número de sementes por vagem, aumento da taxa de enchimento da semente, aumento no peso de 1000 sementes (peso por 1000), redução da dilaceração das vagens, aumento do teor de óleo por semente, entre outros. Um aumento na produção também

pode resultar na arquitetura modificada, ou pode ocorrer por causa da arquitetura modificada.

[00327] O aumento da produção do algodão pode ser manifestado por um aumento de um ou mais dos seguintes itens: número de plantas por área de cultivo, número de cápsulas por planta, número de sementes por cápsula, aumento da taxa de enchimento da semente, aumento no peso de mil sementes (peso por 1000), aumento do teor de óleo por semente, melhora do comprimento das fibras, resistência das fibras, entre outros. Um aumento na produção também pode resultar na arquitetura modificada, ou pode ocorrer por causa da arquitetura modificada.

[00328] Teor de óleo - O teor de óleo de uma planta pode ser determinado pela extração do óleo da semente ou da porção vegetal da planta. Brevemente, os lipídeos (óleo) podem ser removidos da planta (p.ex., semente) moendo o tecido da planta na presença de solventes específicos (p.ex., hexano ou éter de petróleo) e extraíndo o óleo em um extrator contínuo. A análise indireta do teor de óleo pode ser realizada utilizando vários métodos conhecidos como a Espectroscopia de Ressonância Magnética Nuclear (NMR | nuclear magnetic resonance), que mede a energia de ressonância absorvida pelos átomos de hidrogênio no estado líquido da amostra [Vide, p.ex., Conway TF. e Earle FR., 1963, Journal of the American Oil Chemists' Society; Springer Berlin / Heidelberg, ISSN: 0003-021X (Impresso) 1558-9331 (Online)]; a Espectroscopia no Infravermelho Próximo (NI | near infrared), que utiliza a absorção de energia infravermelha próxima (1100-2500 nm) pela amostra; e um método descrito no W0/2001/023884, que é com base na extração de óleo com solvente, evaporando o solvente em uma corrente gasosa que forma partículas de óleo e direcionando uma luz para a corrente de gás e nas partículas de óleo, que forma uma luz refletida detectável.

[00329] Dessa forma, a presente invenção é de alto valor agrícola para promover a produção de culturas comercialmente desejadas (p.ex., biomassa de um órgão vegetal como a madeira do choupo, ou de um órgão reprodutor como o número de sementes ou a biomassa da semente).

[00330] Quaisquer das plantas transgênicas descritas acima ou partes delas podem ser processadas para produzir um alimento, uma ração, proteína ou preparação de óleo, como para animais ruminantes.

[00331] As plantas transgênicas descritas acima, que exibem um aumento do teor de óleo, podem ser utilizadas para produzir óleo vegetal (extraíndo o óleo da planta).

[00332] O óleo vegetal (incluindo o óleo da semente e/ou o óleo da porção vegetal) produzido de acordo com o método da invenção pode ser combinado com uma variedade de outros ingredientes. Os ingredientes específicos incluídos em um produto são determinados de acordo com a utilização pretendido. Produtos exemplares incluem ração animal, matéria-prima para modificação química, plástico biodegradável, produto alimentício misturado, óleo edível, biocombustível, óleo de cozinha, lubrificante, biodiesel, salgadinhos, cosméticos e matéria-prima para processo de fermentação. Produtos exemplares a serem incorporados no óleo vegetal incluem rações animais, produtos alimentícios humanos como salgadinhos extrudados, pães, como um agente de ligação aos alimentos, rações para aquacultura, misturas fermentáveis, suplementos alimentares, bebidas desportivas, barras alimentícias nutricionais, suplementos multivitamínicos, bebidas dietéticas e cereais.

[00333] De acordo com algumas aplicações da invenção, o óleo compreende um óleo de semente.

[00334] De acordo com algumas aplicações da invenção, o óleo compreende um óleo da porção vegetal (o óleo da porção vegetal da planta).

[00335] De acordo com algumas aplicações da invenção, a célula de

planta forma uma parte da planta.

[00336] De acordo com outra aplicação da presente invenção, é fornecido um alimento ou ração, compreendendo as plantas ou uma parte respectiva da presente invenção.

[00337] Conforme utilizado aqui, o termo “cerca de” refere-se a \pm 10%.

[00338] Os termos “compreende”, “compreendendo”, “inclui”, “incluindo”, “apresentando” e suas conjugações significam “incluindo, mas não se limitando a”.

[00339] O termo “consistindo de” significa “incluindo e limitado(a) a”.

[00340] O termo “consistindo essencialmente de” ignifica que a composição, método ou estrutura pode incluir ingredientes, etapas e/ou partes adicionais, mas somente se os ingredientes, etapas e/ou partes adicionais não alterarem materialmente as características básicas e novas da composição, método ou estrutura reivindicado.

[00341] Conforme utilizada aqui, a forma singular “um”, “uma” e “o/a” incluem referências no plural, exceto se o contexto claramente especificar o contrário. P.ex., o termo “um composto” ou “pelo menos um composto” pode incluir uma pluralidade de compostos, incluindo misturas deles.

[00342] Ao longo do presente pedido, várias aplicações dessa invenção podem ser apresentadas em formato variado. Deve-se compreender que a descrição em formato variado é meramente para conveniência e brevidade e não deverá ser considerada como uma limitação inflexível do escopo da invenção. Portanto, a descrição de uma variedade deve ser considerada como tendo especificamente revelado todas as subvariações possíveis, bem como os valores numéricos individuais dentro daquela variação. Por exemplo, a descrição de uma variação como a de 1 a 6 deve ser considerada como tendo especificamente revelado subvariações como de 1 a 3, de 1 a 4, de 1 a 5, de 2

a 4, de 2 a 6, de 3 a 6, etc., bem como números individuais dentro daquela variação, p.ex., 1, 2, 3, 4, 5 e 6. Isso se aplica independente da amplitude da variação.

[00343] Sempre que uma variação numérica for indicada no presente documento, isso significa incluir qualquer numeral citado (fracional ou integral) dentro da variação indicada. As frases “variando/varia entre” um primeiro número indicado e um segundo número indicado e “variando/varia de” um primeiro número indicado “a” a um segundo número indicado são utilizadas aqui intercambiavelmente e significam incluir o primeiro e o segundo números indicados e todos os numerais fracionais e integrais entre eles.

[00344] Conforme utilizado aqui, o termo “método” refere-se a maneiras, meios, técnicas e procedimentos para realizar uma determinada tarefa incluindo, mas não se limitando àquelas maneiras, meios, técnicas e procedimentos sejam conhecidas, ou prontamente desenvolvidas a partir de maneiras, meios, técnicas e procedimentos conhecidos por profissionais das técnicas química, farmacológica, biológica, bioquímica e médica.

[00345] Quando for feita referência à listagens de sequências específicas, tal referência deverá ser entendida como abrangendo também sequências que correspondem substancialmente à sua sequência complementar, como se incluindo variações de sequências menores, resultantes de, p.ex., erros de sequenciação, erros de clonagens ou outras alterações que resultem na substituição base, na eliminação base ou na adição base, desde que a frequência de tais variações seja menor que 1 em 50 nucleotídeos, de forma alternativa, menor que 1 em 100 nucleotídeos, de forma alternativa, menor que 1 em 200 nucleotídeos, de forma alternativa, menor que 1 em 500 nucleotídeos, de forma alternativa, menor que 1 em 1.000 nucleotídeos, de forma alternativa, menor que 1 em 5.000 nucleotídeos, de forma alternativa, menor que 1 em 10.000 nucleotídeos.

[00346] Deve-se observar que determinadas características da invenção, que são, para fins de esclarecimento, descritas no contexto de aplicações separadas, também podem ser apresentadas em combinação em uma única aplicação. Inversamente, várias características da invenção, que são, para propósitos de brevidade, descritas no contexto de uma única aplicação, também podem ser apresentadas separadamente ou em qualquer subcombinação adequada ou da forma apropriada em qualquer outra aplicação descrita da invenção. Determinadas características descritas no contexto de várias aplicações não devem ser consideradas características essenciais dessas aplicações, a menos que a aplicação seja inoperante sem esses elementos.

[00347] Várias aplicações e aspectos da presente invenção são delineados acima e, conforme reivindicado na seção de reivindicações abaixo, encontram suporte experimental nos exemplos a seguir.

EXEMPLOS

[00348] Referência agora é feita aos exemplos a seguir que, juntamente com as descrições acima, ilustram algumas aplicações da invenção de forma não limitante.

[00349] Geralmente, a nomenclatura utilizada no presente documento e os procedimentos laboratoriais utilizados na presente invenção incluem técnicas moleculares, bioquímicas, microbiológicas e de DNA recombinante. Essas técnicas são explicadas minuciosamente na literatura. Vide, p.ex., “Molecular Cloning: A laboratory Manual” Sambrook et al., (1989); “Current Protocols in Molecular Biology” Volumes I-III Ausubel, R. M., ed. (1994); Ausubel et al., “Current Protocols in Molecular Biology”, John Wiley e Sons, Baltimore, Maryland (1989); Perbal, “A Practical Guide to Molecular Cloning”, John Wiley & Sons, New York (1988); Watson et al., “Recombinant DNA”, Scientific American Books, New York; Birren et al. (eds) “Genome Analysis: A Laboratory Manual Series”, Vols. 1-4, Cold

Spring Harbor Laboratory Press, New York (1998); metodologias, conforme definidas nas Patentes Norte- Americanas N° 4.666.828; 4.683.202; 4.801.531; 5.192.659 e 5.272.057; “Cell Biology: A Laboratory Handbook”, Volumes I- III Cellis, J. E., ed. (1994); “Current Protocols in Immunology” Volumes I-III Coligan J. E., ed. (1994); Stites et al. (eds), “Basic e Clinical Immunology” (8th Edition), Appleton & Lange, Norwalk, CT (1994); Mishell e Shiigi (eds), “Selected Methods in Cellular Immunology”, W. H. Freeman e Co., New York (1980); imunoenaios disponíveis são extensivamente descritos na literatura científica e de patentes, vide, p.ex., as Patentes Norte- Americanas N° 3.791.932; 3.839.153; 3.850.752; 3.850.578; 3.853.987; 3.867.517; 3.879.262; 3.901.654; 3.935.074; 3.984.533; 3.996.345; 4.034.074; 4.098.876; 4.879.219; 5.011.771 e 5.281.521; “Oligonucleotide Synthesis” Gait, M. J., ed. (1984); “Nucleic Acid Hybridization” Hames, B. D., e Higgins S. J., eds. (1985); “Transcription e Translation” Hames, B. D., e Higgins S. J., Eds. (1984); “Animal Cell Culture” Freshney, R. I., ed. (1986); “Immobilized Cells e Enzymes” IRL Press, (1986); “A Practical Guide to Molecular Cloning” Perbal, B., (1984) e “Methods in Enzymology” Vol. 1- 317, Academic Press; “PCR Protocols: A Guide To Methods e Applications”, Academic Press, San Diego, CA (1990); Marshak et al., “Strategies for Proteína Purification e Characterization - A Laboratory Course Manual” CSHL Press (1996); todos os quais são incorporados por referência como se totalmente estabelecidos no presente documento. Outras referências gerais são apresentadas ao longo do presente documento. Acredita-se que os procedimentos descritos nessas obras sejam bem conhecidos na técnica e são fornecidos para a conveniência do leitor. Todas as informações contidas nelas são incorporadas aqui por referência.

MÉTODOS EXPERIMENTAIS E DE BIOINFORMÁTICA EM GERAL.

[00350] Extração de RNA – Tecidos cultivados em diversas condições de cultivo (conforme descrito abaixo) foram amostrados e o RNA foi extraído

utilizando Reagente TRIzol da Invitrogen [[http://www \(ponto\) invitrogen \(ponto\) com/content \(ponto\)cfm?pageid=469](http://www.invitrogen.com/content/cfm?pageid=469)]. Aproximadamente 30-50 mg de tecido foram coletados das amostradas. Os tecidos pesados foram triturados utilizando pilão e almofariz em nitrogênio líquido e ressuspensos em 500 µl de Reagente TRIzol. Ao lisado homogeneizado, 100 µl de clorofórmio foram adicionados seguidos por precipitação utilizando isopropanol e duas lavagens com etanol a 75%. O RNA foi eluído em 30 µl de água livre de RNase. As amostras de RNA foram limpas utilizando o protocolo de limpeza como minikit RNeasy da Qiagen de acordo com o protocolo do fabricante (QIAGEN Inc., CA EUA). Para conveniência, cada tipo de tecido com informações de expressão de microarranjo recebeu uma Identificação do conjunto da expressão.

[00351] Análise de correlação - foi realizada para genes selecionados, de acordo com algumas aplicações da invenção, nos quais os parâmetros caracterizados (parâmetros medidos de acordo com as Identidades de correlação) foram utilizados como “eixo X” para a correlação com o transcriptoma do tecido que foi utilizado como “eixo Y”. Para cada gene e parâmetro medido, foi calculado um coeficiente de correlação “R”, utilizando a correlação de Ervilharson junto de um valor-p para a significância da correlação. Quando o coeficiente de correlação (R) entre os níveis de uma expressão de gene em um determinado tecido e um desempenho fenotípico através de ecotipos/variedade/híbrido é alto em valor absoluto (entre 0,5-1), há uma associação entre o gene (especificamente o nível de expressão desse gene) e a característica fenotípica (p.ex., aumento na produção, taxa de crescimento, eficiência no uso de nitrogênio, tolerância ao estresse abiótico e semelhantes).

EXEMPLO 1

IDENTIFICAÇÃO DE GENES QUE AUMENTAM A EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO (NUE), EFICIÊNCIA NO USO DE

FERTILIZANTE (FUE), PRODUÇÃO, TAXA DE CRESCIMENTO, VIGOR, BIOMASSA, TEOR DE ÓLEO, TOLERÂNCIA AO ESTRESSE ABIÓTICO (ABST) E/OU EFICIÊNCIA NO USO DA ÁGUA (WUE) EM PLANTAS.

[00352] Os presentes inventores identificaram polinucleotídeos cuja regulação ascendente de expressão respectiva em plantas aumenta a eficiência no uso do nitrogênio (NUE), eficiência no uso de fertilizantes (FUE), produção (p.ex., produção de sementes, produção de óleo, biomassa, qualidade e/ou quantidade de grãos), taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, tolerância ao estresse abiótico (ABST) e/ou eficiência no uso da água (WUE) de uma planta.

[00353] Todos os conjuntos de dados da sequência de nucleotídeos utilizados aqui foram originados a partir das bases de dados disponíveis publicamente ou de sequências obtidas utilizando a tecnologia Solexa (p.ex., Cevada e Sorgo). Os dados da sequência de 100 espécies diferentes de planta foram introduzidos em uma base de dados abrangente, única. Outras informações na expressão de gene, anotação de proteína, enzimas e caminhos também foram incorporadas. As principais bases de dados utilizadas incluem:
Genomas:

[00354] Genoma de Arabidopsis [Genoma TAIR, versão 6 (Arabidopsis (ponto) org/)];

Genoma de arroz [estrutura IRGSP 4.0 (rgp (ponto) dna (ponto) affrc (ponto) go (ponto) jp/IRGSP/)];

Choupo [Populus trichocarpa, liberação 1.1 de JGI (liberação conjunta vl.0) (genome (ponto) jgi-psf (ponto) org/)];

Brachypodium [conjunto 4x JGI, brachypodium (ponto) org/];

Soja [DOE-JGI SCP, versões Glyma0 ou Glyma1 (phytozome (ponto) net/)];

Uva [Consórcio Público Franco-Italiano para Caracterização do Genoma de Videiras (genoscope (ponto) ens (ponto) fir /)];

Mamona [TIGR/J, Instituto Craig Venter, conjunto 4x [(msc (ponto) jevi (ponto) org/r_communis)];

Sorgo [DOE-JGI SCP, versão Sbil [phytozome (ponto) net/)];

Milho [milhosequence (ponto) org/];

Pepino [cucumber (ponto) genomics (ponto) org (ponto) cn/page/cucumber/index (ponto) jsp]

Tomate [solgenomics (ponto) net/tomato/]

Mandioca [phytozome (ponto) net/cassava (ponto) php]

Sequências expressas de EST e mRNA foram extraídas das seguintes bases de dados:

GenBank (ncbi (ponto) nlm (ponto) nih (ponto) gov/Genbank/);

RefSeq (ncbi (ponto) nlm (ponto) nih (ponto) gov/RefSeq/);

TAIR (Arabidopsis (ponto) org/);

Bases de dados de proteínas e caminhos:

Uniprot [uniprot (ponto) org/].

[00355] AraCyc [Arabidopsis (ponto) org/biocyc/index (ponto) jsp].

[00356] ENZYME [expasy (ponto) org/enzyme/].

Os conjuntos de dados de microarranjos foram baixados de:

[00357] GEO (ncbi.nlm.nih.gov/geo/)

TAIR (Arabidopsis.org/).

[00358] Dados de microarranjos de propriedade exclusiva (Vide WO2008/122980 e Exemplos 3-13 abaixo).

Informações de QTL e SNPs:

[00359] Gramene [gramene (ponto) org/ql/].

[00360] Panzea [panzea (ponto) org/index (ponto) html].

[00361] Soja QTL: [soybeanbreederstoolbox(ponto) com/].

[00362] Conjunto da Base de Dados - foi elaborado para constituir uma base de dados ampla, rica, detalhada, confiável e fácil, compreendendo sequências genômicas de mRNA, ESTs, DNA, publicamente disponíveis, dados de várias culturas, bem como dados de expressão genética, anotação e caminho de proteínas, dados de QTLs e outras informações relevantes.

[00363] O conjunto de bases de dados compreende uma caixa de ferramentas de aprimoramento, estruturação, anotação genético e ferramentas de análise que permitem construir uma base de dados sob medida para cada projeto de descoberta genética. As ferramentas de aprimoramento e estruturação genético(a) permitem detectar confiavelmente variantes reunidas e transcritos antissentido, gerando a compreensão de vários resultados fenotípicos potenciais de um único gene. As capacidades da plataforma “LEADS” da Compugen LTD de analisar o genoma humano foram confirmadas e aceitas pela comunidade científica [vide, p.ex., “Widespread Antisense Transcription”, Yelin, et al. (2003) Nature Biotechnology 21, 379-85; “Splicing of Alu Sequences”, Lev- Maor, et al. (2003) Science 300 (5623), 1288-91; “Computational analysis of alternative splicing using EST tissue information”, Xie H et al. Genomics 2002] e comprovaram ser mais eficientes na genômica vegetal, também.

[00364] Conjunto genético e agrupamento EST - Para o agrupamento genético e o agrupamento de organismos com dados disponíveis da sequência genômica (Arabidopsis, arroz, mamona, uva, brachypodium, choupo, soja, sorgo), foi utilizada a versão genômica (GANG) do LEADS. Essa ferramenta permite o agrupamento mais preciso de sequências de ESTs e mRNA no genoma e prevê a estrutura genética, bem como, eventos alternativos de agrupamento e transcrição antissentido.

[00365] Para organismos sem dados completos de sequência genômica disponíveis, o software de agrupamento “expressed LEADS” foi aplicado.

[00366] Anotação genética - Genes e proteínas previstos foram

anotados conforme segue: A busca de comparação de sequências [blast (ponto) ncbi (ponto) nlm (ponto) nih (ponto) gov /Blast (ponto) cgi] contra todos os UniProt da planta [uniprot (ponto) org/] foi realizada. Estruturas de leitura abertas de cada transcrito putativo foram analisadas e o ORF mais longo com o número maior de homólogos foi selecionado como a proteína prevista do transcrito. As proteínas previstas foram analisadas pelo InterPro [ebi (ponto) ac (ponto) uk/interpro/].

[00367] A comparação contra proteínas das bases de dados AraCyc e ENZYME foi utilizada para mapear os transcritos previstos com os caminhos da AraCyc.

[00368] As proteínas previstas de diferentes espécies foram comparadas utilizando o algoritmo de comparação [ncbi (ponto) nlm (ponto) nih (ponto) gov /Blast (ponto) cgi] para validar a exatidão da sequência de proteínas prevista e para a detecção eficiente de ortólogos.

[00369] Perfil da expressão genética – Diversas fontes de dados foram exploradas quanto ao perfil da expressão genética, a saber, dados de microarranjo e perfil de expressão digital (veja abaixo). De acordo com o perfil da expressão genética, uma análise de correlação foi realizada para identificar genes que são corregulados sob diferentes estágios de desenvolvimento e condições ambientais e associados com diferentes fenótipos.

[00370] Conjuntos de dados de microarranjos disponíveis publicamente foram baixados dos sites TAIR e NCBI GEO, renormalizados e integrados na base de dados. O perfil de expressão é um dos mais importantes dados de recursos para identificar genes importantes para a produção.

[00371] Um resumo digital do perfil de expressão foi compilado para cada agrupamento de acordo com todas as palavras-chave incluídas nos registros da sequência compreendendo o agrupamento. A expressão digital,

também conhecida como Northern Blot eletrônico, é uma ferramenta que exhibe o perfil virtual da expressão com base nas sequências EST que formam o agrupamento genético. A ferramenta apresenta o perfil da expressão de um agrupamento em termos de anatomia da planta (p.ex., o tecido/órgão no qual o gene é expresso), o estágio de desenvolvimento (os estágios de desenvolvimento nos quais um gene pode ser encontrado) e o perfil de tratamento (apresenta as condições fisiológicas sob as quais um gene é expresso, como seca, frio, infecção por patógeno, etc.). Dada a distribuição aleatória de ESTs nos diferentes agrupamentos, a expressão digital apresenta um valor de probabilidade que descreve a probabilidade de um agrupamento apresentar um total de N ESTs para conter X ESTs de uma determinada coleção de bibliotecas. Para os cálculos de probabilidade, leva-se em consideração o seguinte: a) o número de ESTs no agrupamento, b) o número de ESTs das bibliotecas envolvidas e relacionadas, c) o número geral de ESTs disponíveis representando a espécie. Desse modo, agrupamentos com baixos valores de probabilidade são altamente enriquecidos com ESTs do grupo de bibliotecas de interesse indicando uma expressão especializada.

[00372] Recentemente, a precisão desse sistema foi demonstrada por Portnoy et al., 2009 (Analysis Of The Melon Fruit Transcriptome Based On 454 Pyrosequencing) em: XVII Conferência de Genomas Vegetais e Animais, San Diego, CA. A análise transcriptômica com base na abundância relativa de ESTs nos dados foi realizada pelo pirosequenciamento 454 de cDNA representando o mRNA do melão. Quatorze amostras de cDNA de fita dupla obtidas de dois genótipos, dois tecidos de frutas (polpa e casca) e quatro estágios de desenvolvimento foram sequenciados. O pirosequenciamento por GS FLX (Roche/454 Life Sciences) de amostras de cDNA não normalizadas e purificadas renderam 1.150.657 etiquetas de sequências expressas (ESTs) que se agruparam em 67.477 unigenes (32.357 singletons e 35.120 cóntigos). A análise dos dados obtidos contra a Base de Dados Genômica de Cucurbitáceas

[icugi (ponto) org/] confirmou a exatidão do sequenciamento e do agrupamento. Padrões de expressão de genes selecionados encaixaram bem seus dados de qRT-PCR (reação de cadeia de polimerase de transcrição reversa).

[00373] No geral, 215 genes foram identificados como tendo um grande impacto na eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção (p.ex., produção de sementes, produção de óleo, qualidade e/ou quantidade de grãos), taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água quando sua expressão respectiva é aumentada em plantas. Os genes idênticos, seus polinucleotídeos curados e sequências de polipeptídeos, bem como suas sequências atualizadas, de acordo com a base de dados GenBank, são resumidos na Tabela 1, abaixo.

Tabela 1

Polinucleotídeos identificados para aumento da eficiência no uso de nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água de uma planta.

Nome do Gene	Nome do Agrupamento	Organismo	ID SEQ. N° do Polin:	ID SEQ. N° do Polip:
LNU749	cevadal10v2 AV834836	cevada	1	496
LNU749	cevadal10v2 AV834836	cevada	1	712
LNU750	cevadal10v2 BE215751	cevada	2	497
LNU750	cevadal10v2 BE215751	cevada	2	497
LNU751	cevadal10v2 BE413235	cevada	3	498
LNU752	cevadal10v2 BE421033	cevada	4	499
LNU753	cevadal10v2 BE422116	cevada	5	500
LNU754	cevadal10v2 BE601673	cevada	6	501
LNU756	cevadal10v2 BF620955	cevada	7	502
LNU757	cevadal10v2 BF624113	cevada	8	503
LNU758	cevadal10v2 BF629458	cevada	9	504
LNU759	cevadal10v2 BM376337	cevada	10	505
LNU760	cevadal12v1 CX630466	cevada	11	506
LNU761	cevadal12v1 AJ463320	cevada	12	507
LNU762	cevadal12v1 AV834698	cevada	13	508
LNU763	cevadal12v1 AV836421	cevada	14	509
LNU764	cevadal12v1 AV914625	cevada	15	510

LNU766	cevadal12v1 AW983189	cevada	16	511
LNU767	cevadal12v1 BE196490	cevada	17	512
LNU768	cevadal12v1 BE216887	cevada	18	513
LNU769	cevadal12v1 BE437319	cevada	19	514
LNU770	cevadal12v1 BE602491	cevada	20	515
LNU771	cevadal12v1 BF064919	cevada	21	516
LNU772	cevadal12v1 BF253521	cevada	22	517
LNU773	cevadal12v1 BF256991	cevada	23	518
LNU774	cevadal12v1 BF258839	cevada	24	519
LNU775	cevadal12v1 BF266348	cevada	25	520
LNU776	cevadal12v1 BF266777	cevada	26	521
LNU777	cevadal12v1 BF628559	cevada	27	522
LNU778	cevadal12v1 BG300262	cevada	28	523
LNU779	cevadal12v1 BG309380	cevada	29	524
LNU780	cevadal12v1 BI779788	cevada	30	525
LNU781	cevadal12v1 BI948718	cevada	31	526
LNU782	cevadal12v1 BI950988	cevada	32	527
LNU783	cevadal12v1 BI957813	cevada	33	528
LNU784	cevadal12v1 BQ762763	cevada	34	529
LNU785	cevadal12v1 BU986731	cevada	35	530
LNU786	cevadal12v1 EX599010	cevada	36	531
LNU787	brachypodium 12v1 BRADI1G37175	brachypodium	37	532
LNU788	brachypodium 12v1 BRADI1G51187	brachypodium	38	533
LNU789	brachypodium 12v1 BRADI1G64180	brachypodium	39	534
LNU790	brachypodium 12v1 BRADI1G64950	brachypodium	40	535
LNU791	brachypodium 12v1 BRADI1G69030	brachypodium	41	536
LNU792	brachypodium 12v1 BRADI2G51430	brachypodium	42	537
LNU793	brachypodium 12v1 BRADI2G53980	brachypodium	43	538
LNU794	brachypodium 12v1 BRADI3G16630 T2	brachypodium	44	539
LNU795	brachypodium 12v1 BRADI4G01230	brachypodium	45	540
LNU796	brachypodium 12v1 BRADI4G05020	brachypodium	46	541
LNU797	brachypodium 12v1 BRADI4G07060	brachypodium	47	542
LNU798	brachypodium 12v1 BRADI4G27334	brachypodium	48	543
LNU799	brachypodium 12v1 BRADI4G29720	brachypodium	49	544
LNU800	brachypodium 12v1 BRADI5G16060	brachypodium	50	545
LNU801	milho_painço 11v3 PHY7SI000598M	milho_painço	51	546
LNU802	milho_painço 11v3 PHY7SI000948M	milho_painço	52	547
LNU803	milho_painço 11v3 PHY7SI003585M	milho_painço	53	548
LNU804	milho_painço 11v3 PHY7SI009882M	milho_painço	54	549
LNU805	milho_painço 11v3 PHY7SI013938M	milho_painço	55	550
LNU806	milho_painço 11v3 PHY7SI014253M	milho_painço	56	551
LNU807	milho_painço 11v3 PHY7SI021778M	milho_painço	57	552
LNU808	milho_painço 11v3 PHY7SI023199M	milho_painço	58	553
LNU809	milho_painço 11v3 PHY7SI036241M	milho_painço	59	554
LNU810	milho_painço 11v3 SICRP086135	milho_painço	60	555
LNU811	milho 10v1 AI601011	milho	61	556
LNU813	milho 10v1 AI629666	milho	62	557
LNU814	milho 10v1 AI637029	milho	63	558
LNU815	milho 10v1 AI979480	milho	64	559
LNU816	milho 10v1 AI979737	milho	65	560
LNU817	milho 10v1 AW231541	milho	66	561
LNU818	milho 10v1 AW267199	milho	67	562
LNU819	milho 10v1 AW282410	milho	68	563
LNU820	milho 10v1 AW288911	milho	69	564
LNU821	milho 10v1 AW497499	milho	70	565
LNU822	milho 10v1 AW927651	milho	71	566
LNU823	milho 10v1 BE512590	milho	72	567
LNU824	milho 10v1 BE552882	milho	73	568

LNU825	milhol10v1IBE575202	milho	74	569
LNU828	milhol10v1IBG458848	milho	75	570
LNU829	milhol10v1IBG549052	milho	76	571
LNU830	milhol10v1IBI679654	milho	77	572
LNU831	milhol10v1IBM269210	milho	78	573
LNU832	milhol10v1IBM895367	milho	79	574
LNU833	milhol10v1IBU036574	milho	80	575
LNU834	milhol10v1ICB816561	milho	81	576
LNU835	milhol10v1ICD986056	milho	82	577
LNU837	milhol10v1ICF064369	milho	83	578
LNU838	milhol10v1ICF634284	milho	84	579
LNU839	milhol10v1ICO523359	milho	85	580
LNU840	milhol10v1IDN208554	milho	86	581
LNU841	milhol10v1IDN225757	milho	87	582
LNU843	milhol10v1IEE187987	milho	88	583
LNU844	milhol10v1IT18396	milho	89	584
LNU845	milhol10v1IW21625	milho	90	585
LNU846	milholgb170IAF093537	milho	91	586
LNU847	medicagol12v1IAL366283	medicago	92	587
LNU848	arrozl11v1IAF072694	arroz	93	588
LNU849	arrozl11v1IAU057716	arroz	94	589
LNU850	arrozl11v1IBI306328	arroz	95	590
LNU851	arrozl11v1IBI813446	arroz	96	591
LNU852	arrozl11v1ICA764428	arroz	97	592
LNU853	arrozl11v1ICB645176	arroz	98	593
LNU854	arrozl11v1IGFXAF377947X27	arroz	99	594
LNU856	sorgol09v1ISB10G011070	sorgo	100	595
LNU857	sorgol11v1ISB10G007600	sorgo	101	596
LNU858	sorgol12v1IAW285114	sorgo	102	597
LNU861	sorgol12v1IBE918914	sorgo	103	598
LNU862	sorgol12v1IBG356040	sorgo	104	599
LNU864	sorgol12v1ICD424245	sorgo	105	600
LNU865	sorgol12v1ISB0169S002030	sorgo	106	601
LNU866	sorgol12v1ISB01G003110	sorgo	107	602
LNU867	sorgol12v1ISB01G004510	sorgo	108	603
LNU868	sorgol12v1ISB01G005240	sorgo	109	604
LNU869	sorgol12v1ISB01G006870	sorgo	110	605
LNU870	sorgol12v1ISB01G006930	sorgo	111	606
LNU871	sorgol12v1ISB01G007380	sorgo	112	607
LNU872	sorgol12v1ISB01G011260	sorgo	113	608
LNU873	sorgol12v1ISB01G011890	sorgo	114	609
LNU874	sorgol12v1ISB01G015540	sorgo	115	610
LNU875	sorgol12v1ISB01G017100	sorgo	116	611
LNU876	sorgol12v1ISB01G032593P1	sorgo	117	612
LNU878	sorgol12v1ISB01G035780	sorgo	118	613
LNU879	sorgol12v1ISB01G040060	sorgo	119	614
LNU880	sorgol12v1ISB01G046630	sorgo	120	615
LNU881	sorgol12v1ISB01G047345	sorgo	121	616
LNU882	sorgol12v1ISB01G048200	sorgo	122	617
LNU883	sorgol12v1ISB01G048670	sorgo	123	618
LNU884	sorgol12v1ISB01G048910	sorgo	124	619
LNU885	sorgol12v1ISB02G001450	sorgo	125	620
LNU886	sorgol12v1ISB02G002020	sorgo	126	621
LNU887	sorgol12v1ISB02G003980	sorgo	127	622
LNU888	sorgol12v1ISB02G009320	sorgo	128	623
LNU889	sorgol12v1ISB02G023760	sorgo	129	624
LNU890	sorgol12v1ISB02G027260	sorgo	130	625
LNU892	sorgol12v1ISB02G033210	sorgo	131	626
LNU893	sorgol12v1ISB02G036470	sorgo	132	627

LNU894	sorgol12v1lSB02G039430	sorgo	133	628
LNU895	sorgol12v1lSB02G042020	sorgo	134	629
LNU896	sorgol12v1lSB02G043060	sorgo	135	630
LNU897	sorgol12v1lSB02G043340	sorgo	136	631
LNU898	sorgol12v1lSB03G001900	sorgo	137	632
LNU899	sorgol12v1lSB03G003880	sorgo	138	633
LNU900	sorgol12v1lSB03G004920	sorgo	139	634
LNU901	sorgol12v1lSB03G006670	sorgo	140	635
LNU902	sorgol12v1lSB03G009240	sorgo	141	636
LNU903	sorgol12v1lSB03G013600	sorgo	142	637
LNU904	sorgol12v1lSB03G015670	sorgo	143	638
LNU905	sorgol12v1lSB03G025980	sorgo	144	639
LNU906	sorgol12v1lSB03G028220	sorgo	145	640
LNU907	sorgol12v1lSB03G029160	sorgo	146	641
LNU908	sorgol12v1lSB03G030720	sorgo	147	642
LNU909	sorgol12v1lSB03G032235	sorgo	148	643
LNU910	sorgol12v1lSB03G034870	sorgo	149	644
LNU911	sorgol12v1lSB03G035900	sorgo	150	645
LNU912	sorgol12v1lSB03G037390	sorgo	151	646
LNU913	sorgol12v1lSB03G039370	sorgo	152	647
LNU914	sorgol12v1lSB04G000560	sorgo	153	648
LNU915	sorgol12v1lSB04G000860	sorgo	154	649
LNU916	sorgol12v1lSB04G003110	sorgo	155	650
LNU917	sorgol12v1lSB04G005810	sorgo	156	651
LNU918	sorgol12v1lSB04G005960	sorgo	157	652
LNU919	sorgol12v1lSB04G008660	sorgo	158	653
LNU920	sorgol12v1lSB04G019220	sorgo	159	654
LNU921	sorgol12v1lSB04G023720	sorgo	160	655
LNU922	sorgol12v1lSB04G031020	sorgo	161	656
LNU923	sorgol12v1lSB04G031630	sorgo	162	657
LNU924	sorgol12v1lSB04G031790	sorgo	163	658
LNU925	sorgol12v1lSB04G031980	sorgo	164	659
LNU926	sorgol12v1lSB04G032240	sorgo	165	660
LNU928	sorgol12v1lSB04G035530	sorgo	166	661
LNU929	sorgol12v1lSB04G036780	sorgo	167	662
LNU930	sorgol12v1lSB04G037720	sorgo	168	663
LNU931	sorgol12v1lSB05G000570	sorgo	169	664
LNU932	sorgol12v1lSB05G001300	sorgo	170	665
LNU933	sorgol12v1lSB05G005230	sorgo	171	666
LNU934	sorgol12v1lSB05G006950	sorgo	172	667
LNU935	sorgol12v1lSB05G020340	sorgo	173	668
LNU936	sorgol12v1lSB05G021410	sorgo	174	669
LNU938	sorgol12v1lSB05G025900	sorgo	175	670
LNU939	sorgol12v1lSB06G015080	sorgo	176	671
LNU940	sorgol12v1lSB06G016140	sorgo	177	672
LNU941	sorgol12v1lSB06G018480	sorgo	178	673
LNU942	sorgol12v1lSB06G019950	sorgo	179	674
LNU943	sorgol12v1lSB06G020900	sorgo	180	675
LNU944	sorgol12v1lSB07G000250	sorgo	181	676
LNU945	sorgol12v1lSB07G004040	sorgo	182	677
LNU946	sorgol12v1lSB07G004390	sorgo	183	678
LNU947	sorgol12v1lSB07G021870	sorgo	184	679
LNU948	sorgol12v1lSB07G027790	sorgo	185	680
LNU949	sorgol12v1lSB08G002580	sorgo	186	681
LNU950	sorgol12v1lSB08G002740	sorgo	187	682
LNU951	sorgol12v1lSB08G003140	sorgo	188	683
LNU952	sorgol12v1lSB08G007610	sorgo	189	684
LNU953	sorgol12v1lSB08G015020	sorgo	190	685
LNU954	sorgol12v1lSB08G016400	sorgo	191	686

LNU955	sorgol12v1 SB08G016530	sorgo	192	687
LNU956	sorgol12v1 SB08G018765	sorgo	193	688
LNU957	sorgol12v1 SB08G020600	sorgo	194	689
LNU958	sorgol12v1 SB08G021920	sorgo	195	690
LNU959	sorgol12v1 SB09G021265	sorgo	196	691
LNU960	sorgol12v1 SB09G021520	sorgo	197	692
LNU961	sorgol12v1 SB09G026930	sorgo	198	693
LNU962	sorgol12v1 SB09G026990	sorgo	199	694
LNU963	sorgol12v1 SB10G002960	sorgo	200	695
LNU964	sorgol12v1 SB10G023640	sorgo	201	696
LNU965	sorgol12v1 SB10G026450	sorgo	202	697
LNU966	sorgol12v1 SB10G026910	sorgo	203	698
LNU967	sorgol12v1 SB10G028680	sorgo	204	699
LNU968	sorgol12v1 SB10G030200	sorgo	205	700
LNU969	sorgol12v1 XM_002468645	sorgo	206	701
LNU970	sojal11v1 GLYMA13G20220	soja	207	702
LNU971	tomatel11v1 AI772930	tomate	208	703
LNU972	tomatel11v1 AI775263	tomate	209	704
LNU975	tomatel11v1 BI422101	tomate	210	705
LNU976	trigol12v3 CA596628	trigo	211	706
LNU977	trigol12v3 CK152213	trigo	212	707
LNU760_H1	brachypodium12v1 BRADI1G02117	brachypodium	213	708
LNU832_H2	sorgol12v1 SB03G013780	sorgo	214	709
LNU834_H1	sorgol12v1 SB02G003380	sorgo	215	710
LNU861_H3	milhol10v1 CF635645	milho	216	711
LNU859	sorgol12v1 AW677786	sorgo	217	-
LNU860	sorgol12v1 BE362249	sorgo	218	-
LNU863	sorgol12v1 BG410755	sorgo	219	-
LNU750	cevadal10v2 BE215751	cevada	220	713
LNU760	cevadal10v2 CX630466	cevada	221	714
LNU771	cevadal12v1 BF064919	cevada	222	715
LNU772	cevadal12v1 BF253521	cevada	223	716
LNU783	cevadal12v1 BI957813	cevada	224	528
LNU785	cevadal12v1 BU986731	cevada	225	717
LNU786	cevadal12v1 EX599010	cevada	226	718
LNU787	brachypodium12v1 BRADI1G37175	brachypodium	227	719
LNU790	brachypodium12v1 BRADI1G64950	brachypodium	228	535
LNU792	brachypodium12v1 BRADI2G51430	brachypodium	229	537
LNU793	brachypodium12v1 BRADI2G53980	brachypodium	230	538
LNU795	brachypodium12v1 BRADI4G01230	brachypodium	231	720
LNU801	milho_painçol11v3 PHY7SI000598M	milho_painço	232	546
LNU802	milho_painçol11v3 PHY7SI000948M	milho_painço	233	547
LNU806	milho_painçol11v3 PHY7SI014253M	milho_painço	234	721
LNU807	milho_painçol11v3 PHY7SI021778M	milho_painço	235	552
LNU830	milhol10v1 BI679654	milho	236	572
LNU837	milhol10v1 CF064369	milho	237	722
LNU839	milhol10v1 CO523359	milho	238	580
LNU843	milhol10v1 EE187987	milho	239	723
LNU845	milhol10v1 W21625	milho	240	724
LNU847	medicagol12v1 AL366283	medicago	241	725
LNU848	arroz11v1 AF072694	arroz	242	588
LNU851	arroz11v1 BI813446	arroz	243	591
LNU856	sorgol09v1 SB10G011070	sorgo	244	726
LNU858	sorgol12v1 AW285114	sorgo	245	727
LNU862	sorgol12v1 BG356040	sorgo	246	728
LNU864	sorgol12v1 CD424245	sorgo	247	600
LNU866	sorgol12v1 SB01G003110	sorgo	248	729
LNU870	sorgol12v1 SB01G006930	sorgo	249	730
LNU873	sorgol12v1 SB01G011890	sorgo	250	609

LNU876	sorgol12v1lSB01G032593P1	sorgo	251	612
LNU886	sorgol12v1lSB02G002020	sorgo	252	731
LNU887	sorgol12v1lSB02G003980	sorgo	253	622
LNU889	sorgol12v1lSB02G023760	sorgo	254	624
LNU892	sorgol12v1lSB02G033210	sorgo	255	732
LNU896	sorgol12v1lSB02G043060	sorgo	256	733
LNU897	sorgol12v1lSB02G043340	sorgo	257	631
LNU902	sorgol12v1lSB03G009240	sorgo	258	636
LNU905	sorgol12v1lSB03G025980	sorgo	259	639
LNU906	sorgol12v1lSB03G028220	sorgo	260	734
LNU908	sorgol12v1lSB03G030720	sorgo	261	735
LNU910	sorgol12v1lSB03G034870	sorgo	262	736
LNU911	sorgol12v1lSB03G035900	sorgo	263	737
LNU914	sorgol12v1lSB04G000560	sorgo	264	648
LNU919	sorgol12v1lSB04G008660	sorgo	265	653
LNU920	sorgol12v1lSB04G019220	sorgo	266	654
LNU921	sorgol12v1lSB04G023720	sorgo	267	655
LNU926	sorgol12v1lSB04G032240	sorgo	268	660
LNU929	sorgol12v1lSB04G036780	sorgo	269	662
LNU931	sorgol12v1lSB05G000570	sorgo	270	664
LNU932	sorgol12v1lSB05G001300	sorgo	271	738
LNU935	sorgol12v1lSB05G020340	sorgo	272	668
LNU936	sorgol12v1lSB05G021410	sorgo	273	669
LNU938	sorgol12v1lSB05G025900	sorgo	274	670
LNU946	sorgol12v1lSB07G004390	sorgo	275	678
LNU951	sorgol12v1lSB08G003140	sorgo	276	739
LNU954	sorgol12v1lSB08G016400	sorgo	277	740
LNU956	sorgol12v1lSB08G018765	sorgo	278	741
LNU960	sorgol12v1lSB09G021520	sorgo	279	692
LNU962	sorgol12v1lSB09G026990	sorgo	280	694
LNU967	sorgol12v1lSB10G028680	sorgo	281	699
LNU969	sorgol12v1lXM_002468645	sorgo	282	742
LNU972	tomatel11v1lAI775263	tomate	283	743
LNU975	tomatel11v1lBI422101	tomate	284	744
LNU977	trigol12v3lCK152213	trigo	285	745
LNU861_H3	milhol10v1lCF635645	milho	286	746
LNU859	sorgol12v1lAW677786	sorgo	287	-
LNU863	sorgol12v1lBG410755	sorgo	288	-
LNU749	cevadal10v2lAV834836	cevada	289	747
LNU751	cevadal10v2lBE413235	cevada	290	498
LNU752	cevadal10v2lBE421033	cevada	291	748
LNU753	cevadal10v2lBE422116	cevada	292	500
LNU754	cevadal10v2lBE601673	cevada	293	501
LNU756	cevadal10v2lBF620955	cevada	294	502
LNU757	cevadal10v2lBF624113	cevada	295	503
LNU758	cevadal10v2lBF629458	cevada	296	504
LNU759	cevadal10v2lBM376337	cevada	297	505
LNU761	cevadal12v1lAJ463320	cevada	298	507
LNU762	cevadal12v1lAV834698	cevada	299	508
LNU763	cevadal12v1lAV836421	cevada	300	509
LNU764	cevadal12v1lAV914625	cevada	301	510
LNU766	cevadal12v1lAW983189	cevada	302	749
LNU767	cevadal12v1lBE196490	cevada	303	512
LNU768	cevadal12v1lBE216887	cevada	304	513
LNU769	cevadal12v1lBE437319	cevada	305	750
LNU770	cevadal12v1lBE602491	cevada	306	515
LNU771	cevadal12v1lBF064919	cevada	307	516
LNU772	cevadal12v1lBF253521	cevada	308	517
LNU773	cevadal12v1lBF256991	cevada	309	751

LNU774	cevadal12v1 BF258839	cevada	310	519
LNU775	cevadal12v1 BF266348	cevada	311	520
LNU776	cevadal12v1 BF266777	cevada	312	752
LNU777	cevadal12v1 BF628559	cevada	313	522
LNU778	cevadal12v1 BG300262	cevada	314	523
LNU779	cevadal12v1 BG309380	cevada	315	524
LNU780	cevadal12v1 BI779788	cevada	316	753
LNU781	cevadal12v1 BI948718	cevada	317	526
LNU782	cevadal12v1 BI950988	cevada	318	527
LNU783	cevadal12v1 BI957813	cevada	319	528
LNU784	cevadal12v1 BQ762763	cevada	320	754
LNU785	cevadal12v1 BU986731	cevada	321	530
LNU786	cevadal12v1 EX599010	cevada	322	755
LNU787	brachypodium 12v1 BRADI1G37175	brachypodium	323	532
LNU788	brachypodium 12v1 BRADI1G51187	brachypodium	324	756
LNU789	brachypodium 12v1 BRADI1G64180	brachypodium	325	534
LNU790	brachypodium 12v1 BRADI1G64950	brachypodium	326	535
LNU791	brachypodium 12v1 BRADI1G69030	brachypodium	327	536
LNU792	brachypodium 12v1 BRADI2G51430	brachypodium	328	537
LNU793	brachypodium 12v1 BRADI2G53980	brachypodium	329	538
LNU794	brachypodium 12v1 BRADI3G16630 T2	brachypodium	330	539
LNU795	brachypodium 12v1 BRADI4G01230	brachypodium	331	757
LNU796	brachypodium 12v1 BRADI4G05020	brachypodium	332	541
LNU797	brachypodium 12v1 BRADI4G07060	brachypodium	333	542
LNU798	brachypodium 12v1 BRADI4G27334	brachypodium	334	543
LNU799	brachypodium 12v1 BRADI4G29720	brachypodium	335	544
LNU800	brachypodium 12v1 BRADI5G16060	brachypodium	336	545
LNU801	milho_painço 11v3 PHY7SI000598M	milho_painço	337	546
LNU802	milho_painço 11v3 PHY7SI000948M	milho_painço	338	547
LNU803	milho_painço 11v3 PHY7SI003585M	milho_painço	339	548
LNU804	milho_painço 11v3 PHY7SI009882M	milho_painço	340	758
LNU805	milho_painço 11v3 PHY7SI013938M	milho_painço	341	550
LNU806	milho_painço 11v3 PHY7SI014253M	milho_painço	342	759
LNU807	milho_painço 11v3 PHY7SI021778M	milho_painço	343	552
LNU808	milho_painço 11v3 PHY7SI023199M	milho_painço	344	553
LNU809	milho_painço 11v3 PHY7SI036241M	milho_painço	345	760
LNU811	milho 10v1 A1601011	milho	346	556
LNU813	milho 10v1 A1629666	milho	347	557
LNU814	milho 10v1 A1637029	milho	348	558
LNU815	milho 10v1 A1979480	milho	349	559
LNU816	milho 10v1 A1979737	milho	350	761
LNU817	milho 10v1 AW231541	milho	351	762
LNU818	milho 10v1 AW267199	milho	352	763
LNU819	milho 10v1 AW282410	milho	353	563
LNU820	milho 10v1 AW288911	milho	354	564
LNU821	milho 10v1 AW497499	milho	355	764
LNU822	milho 10v1 AW927651	milho	356	566
LNU823	milho 10v1 BE512590	milho	357	567
LNU824	milho 10v1 BE552882	milho	358	765
LNU825	milho 10v1 BE575202	milho	359	766
LNU828	milho 10v1 BG458848	milho	360	570
LNU829	milho 10v1 BG549052	milho	361	767
LNU830	milho 10v1 BI679654	milho	362	572
LNU831	milho 10v1 BM269210	milho	363	768
LNU833	milho 10v1 BU036574	milho	364	769
LNU835	milho 10v1 CD986056	milho	365	577
LNU837	milho 10v1 CF064369	milho	366	770
LNU838	milho 10v1 CF634284	milho	367	579

LNU839	milhol10v1ICO523359	milho	368	580
LNU840	milhol10v1IDN208554	milho	369	581
LNU841	milhol10v1IDN225757	milho	370	582
LNU843	milhol10v1IEE187987	milho	371	583
LNU844	milhol10v1IT18396	milho	372	584
LNU845	milhol10v1IW21625	milho	373	771
LNU846	milholgb170IAF093537	milho	374	586
LNU847	medicagol12v1IAL366283	medicago	375	772
LNU848	arrozl11v1IAF072694	arroz	376	588
LNU849	arrozl11v1IAU057716	arroz	377	589
LNU850	arrozl11v1IBI306328	arroz	378	590
LNU851	arrozl11v1IBI813446	arroz	379	591
LNU852	arrozl11v1ICA764428	arroz	380	592
LNU853	arrozl11v1ICB645176	arroz	381	593
LNU854	arrozl11v1IGFXAF377947X27	arroz	382	594
LNU856	sorgol09v1ISB10G011070	sorgo	383	595
LNU857	sorgol11v1ISB10G007600	sorgo	384	773
LNU858	sorgol12v1IAW285114	sorgo	385	774
LNU862	sorgol12v1IBG356040	sorgo	386	599
LNU864	sorgol12v1ICD424245	sorgo	387	600
LNU865	sorgol12v1ISB0169S002030	sorgo	388	601
LNU866	sorgol12v1ISB01G003110	sorgo	389	775
LNU867	sorgol12v1ISB01G004510	sorgo	390	603
LNU868	sorgol12v1ISB01G005240	sorgo	391	604
LNU869	sorgol12v1ISB01G006870	sorgo	392	605
LNU870	sorgol12v1ISB01G006930	sorgo	393	606
LNU871	sorgol12v1ISB01G007380	sorgo	394	607
LNU872	sorgol12v1ISB01G011260	sorgo	395	608
LNU873	sorgol12v1ISB01G011890	sorgo	396	609
LNU874	sorgol12v1ISB01G015540	sorgo	397	610
LNU875	sorgol12v1ISB01G017100	sorgo	398	611
LNU876	sorgol12v1ISB01G032593P1	sorgo	399	612
LNU878	sorgol12v1ISB01G035780	sorgo	400	613
LNU879	sorgol12v1ISB01G040060	sorgo	401	614
LNU880	sorgol12v1ISB01G046630	sorgo	402	615
LNU881	sorgol12v1ISB01G047345	sorgo	403	616
LNU882	sorgol12v1ISB01G048200	sorgo	404	617
LNU884	sorgol12v1ISB01G048910	sorgo	405	619
LNU885	sorgol12v1ISB02G001450	sorgo	406	620
LNU886	sorgol12v1ISB02G002020	sorgo	407	776
LNU887	sorgol12v1ISB02G003980	sorgo	408	622
LNU888	sorgol12v1ISB02G009320	sorgo	409	623
LNU889	sorgol12v1ISB02G023760	sorgo	410	624
LNU890	sorgol12v1ISB02G027260	sorgo	411	625
LNU892	sorgol12v1ISB02G033210	sorgo	412	626
LNU893	sorgol12v1ISB02G036470	sorgo	413	627
LNU894	sorgol12v1ISB02G039430	sorgo	414	628
LNU895	sorgol12v1ISB02G042020	sorgo	415	629
LNU896	sorgol12v1ISB02G043060	sorgo	416	630
LNU897	sorgol12v1ISB02G043340	sorgo	417	777
LNU898	sorgol12v1ISB03G001900	sorgo	418	778
LNU899	sorgol12v1ISB03G003880	sorgo	419	633
LNU900	sorgol12v1ISB03G004920	sorgo	420	779
LNU901	sorgol12v1ISB03G006670	sorgo	421	780
LNU902	sorgol12v1ISB03G009240	sorgo	422	636
LNU903	sorgol12v1ISB03G013600	sorgo	423	637
LNU904	sorgol12v1ISB03G015670	sorgo	424	781
LNU905	sorgol12v1ISB03G025980	sorgo	425	639
LNU906	sorgol12v1ISB03G028220	sorgo	426	782

LNU907	sorgol12v1lSB03G029160	sorgo	427	783
LNU908	sorgol12v1lSB03G030720	sorgo	428	642
LNU909	sorgol12v1lSB03G032235	sorgo	429	784
LNU910	sorgol12v1lSB03G034870	sorgo	430	644
LNU911	sorgol12v1lSB03G035900	sorgo	431	785
LNU912	sorgol12v1lSB03G037390	sorgo	432	646
LNU913	sorgol12v1lSB03G039370	sorgo	433	647
LNU914	sorgol12v1lSB04G000560	sorgo	434	648
LNU915	sorgol12v1lSB04G000860	sorgo	435	649
LNU916	sorgol12v1lSB04G003110	sorgo	436	650
LNU917	sorgol12v1lSB04G005810	sorgo	437	651
LNU918	sorgol12v1lSB04G005960	sorgo	438	652
LNU919	sorgol12v1lSB04G008660	sorgo	439	653
LNU920	sorgol12v1lSB04G019220	sorgo	440	654
LNU921	sorgol12v1lSB04G023720	sorgo	441	655
LNU922	sorgol12v1lSB04G031020	sorgo	442	656
LNU923	sorgol12v1lSB04G031630	sorgo	443	657
LNU924	sorgol12v1lSB04G031790	sorgo	444	658
LNU925	sorgol12v1lSB04G031980	sorgo	445	659
LNU926	sorgol12v1lSB04G032240	sorgo	446	660
LNU928	sorgol12v1lSB04G035530	sorgo	447	661
LNU930	sorgol12v1lSB04G037720	sorgo	448	786
LNU931	sorgol12v1lSB05G000570	sorgo	449	664
LNU932	sorgol12v1lSB05G001300	sorgo	450	787
LNU933	sorgol12v1lSB05G005230	sorgo	451	666
LNU934	sorgol12v1lSB05G006950	sorgo	452	667
LNU935	sorgol12v1lSB05G020340	sorgo	453	788
LNU936	sorgol12v1lSB05G021410	sorgo	454	669
LNU938	sorgol12v1lSB05G025900	sorgo	455	789
LNU940	sorgol12v1lSB06G016140	sorgo	456	672
LNU941	sorgol12v1lSB06G018480	sorgo	457	673
LNU942	sorgol12v1lSB06G019950	sorgo	458	674
LNU943	sorgol12v1lSB06G020900	sorgo	459	675
LNU944	sorgol12v1lSB07G000250	sorgo	460	676
LNU945	sorgol12v1lSB07G004040	sorgo	461	677
LNU946	sorgol12v1lSB07G004390	sorgo	462	678
LNU947	sorgol12v1lSB07G021870	sorgo	463	679
LNU948	sorgol12v1lSB07G027790	sorgo	464	680
LNU949	sorgol12v1lSB08G002580	sorgo	465	681
LNU950	sorgol12v1lSB08G002740	sorgo	466	682
LNU951	sorgol12v1lSB08G003140	sorgo	467	790
LNU952	sorgol12v1lSB08G007610	sorgo	468	684
LNU953	sorgol12v1lSB08G015020	sorgo	469	685
LNU954	sorgol12v1lSB08G016400	sorgo	470	791
LNU955	sorgol12v1lSB08G016530	sorgo	471	687
LNU956	sorgol12v1lSB08G018765	sorgo	472	792
LNU957	sorgol12v1lSB08G020600	sorgo	473	689
LNU958	sorgol12v1lSB08G021920	sorgo	474	690
LNU959	sorgol12v1lSB09G021265	sorgo	475	691
LNU960	sorgol12v1lSB09G021520	sorgo	476	692
LNU961	sorgol12v1lSB09G026930	sorgo	477	693
LNU962	sorgol12v1lSB09G026990	sorgo	478	694
LNU963	sorgol12v1lSB10G002960	sorgo	479	695
LNU964	sorgol12v1lSB10G023640	sorgo	480	696
LNU965	sorgol12v1lSB10G026450	sorgo	481	697
LNU966	sorgol12v1lSB10G026910	sorgo	482	698
LNU967	sorgol12v1lSB10G028680	sorgo	483	699
LNU968	sorgol12v1lSB10G030200	sorgo	484	793
LNU970	sojal11v1lGLYMA13G020220	soja	485	702

LNU971	tomate11v1IAI772930	tomate	486	703
LNU972	tomate11v1IAI775263	tomate	487	704
LNU975	tomate11v1IBI422101	tomate	488	705
LNU976	trigo12v3ICA596628	trigo	489	706
LNU977	trigo12v3ICK152213	trigo	490	794
LNU760_H1	brachypodium12v1IBRADI1G02117	brachypodium	491	708
LNU832_H2	sorgo12v1ISB03G013780	sorgo	492	709
LNU834_H1	sorgo12v1ISB02G003380	sorgo	493	710
LNU861_H3	milho10v1ICF635645	milho	494	711
LNU859	sorgo12v1IAW677786	sorgo	495	-

Tabela 1: São fornecidos os nomes dos genes, nomes dos agrupamentos, organismos a partir dos quais eles são derivados e os identificadores de sequências das sequências de polipeptídeos e polinucleotídeos. “Polip.” = polipeptídeo; “Polin.” = polinucleotídeo.

EXEMPLO 2

IDENTIFICAÇÃO DE SEQUÊNCIAS HOMÓLOGAS (P.EX., ORTÓLOGAS) QUE AUMENTAM A EFICIÊNCIA NO USO DO NITROGÊNIO, EFICIÊNCIA NO USO DE FERTILIZANTES, PRODUÇÃO, TAXA DE CRESCIMENTO, VIGOR, BIOMASSA, TEOR DE ÓLEO, TOLERÂNCIA AO ESTRESSE ABIÓTICO E/OU EFICIÊNCIA NO USO DA ÁGUA EM PLANTAS.

[00374] Os conceitos de ortologia e paralogia foram recentemente aplicados às caracterizações e classificações funcionais na escala de comparações do genoma completo. Os ortólogos e parálogos constituem dois principais tipos de homólogos: O primeiro evoluiu de um ancestral comum por especialização e os últimos são relacionados por eventos de duplicação. Supõe-se que parálogos decorrentes de eventos de duplicação antiga tendem a ter divergido na função enquanto verdadeiros ortólogos são mais propensos a reter a função idêntica ao longo do tempo evolutivo.

[00375] Para investigação e identificação adicionais de ortólogos putativos dos genes que afetam a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produção (p.ex., produção de sementes, produção de óleo, biomassa, qualidade e/ou quantidade de grãos), taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água, todas as sequências foram alinhadas utilizando a Ferramenta de Pesquisa de Alinhamento Local Básica [BLAST Basic Local Alignment Search Tool]. Sequências suficientemente semelhantes foram agrupadas por

tentativa. Estes ortólogos putativos foram ainda organizados sob um Filograma - um diagrama de ramificação (árvore) assumido como uma representação das relações evolutivas entre os táxons biológicos. Grupos ortólogos putativos foram analisados quanto a sua concordância com o filograma e, em casos de divergências, esses grupos ortólogos foram divididos adequadamente. Dados de expressão foram analisados e as bibliotecas EST foram classificadas utilizando um vocabulário fixo de termos personalizadas, tais como estágios de desenvolvimento (por exemplo, genes que mostram o perfil de expressão semelhante, através do desenvolvimento com regulação ascendente na fase específica, como na fase de estocagem de grãos) e/ou órgão da planta (por exemplo, genes que mostram o perfil de expressão similar em seus órgãos com regulação ascendente em órgãos específicos, como a semente). As anotações de todos os ESTs agrupadas a um gene foram analisadas estatisticamente por comparação da sua frequência no conjunto em relação a sua abundância na base de dados, permitindo a estrutura de um perfil de expressão numérica e gráfica de tal gene, o que é denominado “digital expression”. A lógica de utilizar estes dois métodos complementares com métodos de estudos de associação fenotípica de QTLs, SNPs e expressão fenotípica baseia-se na suposição de que os verdadeiros ortólogos tendem a reter a função idêntica ao longo do tempo evolutivo. Estes métodos proporcionam diferentes conjuntos de indicações sobre as semelhanças funcionais entre dois genes homólogos, semelhanças no nível da sequência de aminoácidos - idênticos nos domínios proteicos e similaridade em perfis de expressão.

[00376] A pesquisa e identificação de genes homólogos envolve o rastreamento de informação de sequência disponível, por exemplo, em bases de dados públicas que incluem, mas não se limitam à Base de Dados de DNA do Japão (DDBJ | DNA Database of Japan), Genbank e a Base de Dados de Sequência de Ácido Nucleico do Laboratório de Biologia Nuclear (EMBL |

European Molecular Biology Laboratory) ou suas versões ou a base de dados MIPS. Um número de diferentes algoritmos de pesquisa tem sido desenvolvido, incluindo, mas não se limitando ao conjunto de programas referidos como programas de BLAST. Há cinco implementações de BLAST, três projetadas para consultas de sequência de nucleotídeos (BLASTN, BLASTX e TBLASTX) e duas projetadas para consultas de sequência de proteína (BLASTP e TBLASTN) (Coulson, Trends in Biotechnology: 76-80, 1994; Birren et al., Genome Analysis, I: 543, 1997). Tais métodos envolvem o alinhamento e a comparação das sequências. O algoritmo BLAST calcula a porcentagem de identidade de sequência e executa uma análise estatística de similaridade entre as duas sequências. O software para a realização de análise BLAST está disponível ao público através do Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia. Outros destes tipos de software ou algoritmos são GAP, BESTFIT, FASTA e TFASTA. A GAP usa o algoritmo de Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443-453, 1970) para encontrar o alinhamento de duas sequências completas que maximiza o número de correspondências e minimizam o número de lacunas.

[00377] Os genes homólogos podem pertencer à mesma família genética. A análise de uma família genética pode ser realizada utilizando a análise de similaridade de sequência. Para realizar esta análise pode-se utilizar programas padrões para alinhamentos múltiplos, por exemplo, o Clustal W. Uma árvore de Agrupamento de Vizinhos [Neighbor Joining] das proteínas homólogas dos genes de algumas aplicações da invenção pode ser utilizada para fornecer uma visão geral das relações estruturais e ancestrais. A identidade da sequência pode ser calculada usando um programa de alinhamento conforme descrito abaixo. Espera-se que outras plantas tenham um gene funcional semelhante (ortólogo) ou de uma família de genes semelhantes e tais genes fornecerão o mesmo fenótipo preferido como os genes aqui apresentados. Vantajosamente, estes membros da família podem

ser úteis nos métodos de algumas aplicações da invenção. Exemplos de outras plantas incluem, mas não se limitando a cevada (*Hordeum vulgare*), *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), Milho (*Zea mays*), Algodão (*Gossypium*), Canola (*Brassica napus*), Arroz (*Oryza sativa*), Cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*), Sorgo (*Sorgo bicolor*), Soja (*Glycine max*), Girassol (*Helianthus annuus*), Tomate (*Lycopersicon esculentum*) e Trigo (*Triticum aestivum*).

[00378] As análises acima mencionadas para uma homologia de sequência são preferivelmente realizadas em uma sequência de comprimento total, mas podem também basear-se em uma comparação de certas regiões, tais como os domínios conservados. A identificação de tais domínios também seria boa dentro do âmbito de conhecimento de um especialista na técnica e envolveria, por exemplo, um formato legível para computador dos ácidos nucleicos de algumas aplicações da invenção, o uso de programas de software de alinhamento e o uso de informações publicamente disponíveis sobre os domínios de proteínas, motivos conservados e caixas. Esta informação está disponível na base de dados PRODOM ([biochem \(ponto\) ucl \(ponto\) ac \(ponto\) uk/bsm/dbbrowser/protocol/prodomqry \(ponto\) html](http://biochem.ucl.ac.uk/bsm/dbbrowser/protocol/prodomqry.html)), PIR ([pir \(ponto\) Georgetown \(ponto\) edu/](http://pir.georgetown.edu/)) ou Pfam ([sanger \(ponto\) ac \(ponto\) uk/Software/Pfam/](http://sanger.ac.uk/Software/Pfam/)). Programas de análise de sequências desenvolvidos para pesquisa de motivo podem ser utilizados para a identificação de fragmentos, regiões e domínios conservados conforme mencionados acima. Programas de computador preferidos incluem, mas não estão limitados a, MEME, SIGNALSCAN e GENESCAN.

[00379] Um especialista na técnica pode utilizar as sequências homólogas fornecidas aqui para encontrar sequências similares em outras espécies e outros organismos. Os homólogos de uma proteína englobam peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídios, proteínas e enzimas que têm substituições de aminoácidos, deleções e/ou inserções em relação à proteína

não modificada em questão e que têm atividade biológica e funcional semelhante à proteína não modificada a partir da qual são derivadas. Para produzir tais homólogos, os aminoácidos da proteína podem ser substituídos por outros aminoácidos que possuem propriedades semelhantes (modificações conservadoras, tais como hidrofobicidade semelhante, hidrofiliabilidade, antigenicidade, propensão para formar uma estrutura ou quebrar estruturas helicoidais ou estruturas de 3 folhas). Tabelas de substituição conservativa são bem conhecidas na técnica (vide, p.ex., Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman and Company). Os homólogos de um aminoácido englobam ácidos nucleicos com substituição de nucleotídeo, deleções e/ou inserções em relação ao ácido nucleico não modificado em questão e que têm atividade biológica e funcional semelhante ao ácido nucleico não modificado a partir da qual são derivadas.

[00380] Os polinucleotídeos e polipeptídeos com uma homologia significativa aos genes identificados descritos na Tabela 1 (Exemplo 1, acima) foram identificados a partir das bases de dados, utilizando o software BLAST com os algoritmos Blastp e tBlastn como filtros para a primeira fase e a agulha (pacote EMBOSS) ou alinhamento FRAME+ algoritmo para a segunda fase. A identidade local (alinhamentos Blast) foi definida com um corte bastante permissivo – 60% de Identidade em um intervalo de 60% dos comprimentos de sequências porque utiliza tão somente um filtro para a fase de alinhamento global. A filtragem padrão do pacote Blast não foi usada (estabelecendo o parâmetro “-F F”).

[00381] No segundo estágio, os homólogos foram definidos com base na identidade global de, pelo menos, 80% para a sequência polipeptídica genética principal.

[00382] Duas formas distintas para encontrar o alinhamento global ideal para as sequências de proteína ou de nucleotídeos foram utilizadas neste pedido.

[00383] 1. Entre duas proteínas (após o filtro blastp):

Algoritmo EMBOSS-6.0.1 de Needleman-Wunsch com os seguintes parâmetros modificados: gapopen=8 gapextend=2. O restante dos parâmetros permaneceu inalterado a partir das opções padrões descritas acima.

[00384] 2. Entre uma sequência de proteína e uma sequência nucleotídica (após o filtro rblastn):

Aplicativo GenCore 6.0 OneModel, utilizando o algoritmo Frame+ com os seguintes parâmetros: model=frame+_p2n.model mode=qglobal -q=protein.sequence -db= nucleotide.sequence. O restante dos parâmetros permaneceu inalterado a partir das opções padrões descritas acima.

[00385] As sequências de polipeptídeos da consulta foram as ID SEQ. N° 496-794 e os polinucleotídeos da consulta foram as ID SEQ. N° 1-495 e as sequências ortólogas e homólogas identificadas tendo, pelo menos, 80% da identidade da sequência global são fornecidas na Tabela 2, abaixo. Espera-se que estes genes homólogos aumentem a produção, produção de sementes, produção de óleo, teor de óleo, taxa de crescimento, produção de fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, capacidade fotossintética, biomassa, vigor, ABST e/ou NUE de uma planta.

Tabela 2

Homólogos (p.ex., ortólogos) dos genes/polipeptídeos identificados para aumento da eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizante, produção, produção de sementes, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso de água de uma planta.

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ Nº:	% de ld. global	Algor.
LNU751_H1	trigo 12v3 CA652300	795	2898	498	89,1	globlastp
LNU751_H2	centeio 12v1 DRR001012,339395	796	2899	498	88,45	globlastn
LNU752_H3	centeio 12v1 DRR001012,155230	797	2900	499	96,4	globlastp
LNU752_H4	aveia 11v1 GR316906_P1	798	2901	499	90,7	globlastp
LNU752_H5	brachypodium 12v1 BRADI2G38247_P1	799	2902	499	88,4	globlastp
LNU752_H6	centeio 12v1 DRR001012,244869	800	2903	499	84,8	globlastp
LNU753_H1	pseudoroegneria gb167 FF341151	801	2904	500	96,4	globlastp
LNU753_H2	trigo 12v3 CA619061	802	2905	500	95,5	globlastp
LNU753_H3	centeio 12v1 DRR001013,175630	803	2906	500	93,7	globlastp
LNU753_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G76060_T1	804	2907	500	90,6	globlastn
LNU753_H5	arroz 11v1 GFXAC099399X6	805	2908	500	87	globlastp
LNU753_H6	cevada 12v1 BE060847_P1	806	2909	500	80,3	globlastp
LNU753_H7	trigo 12v3 BF474874	807	2910	500	80,3	globlastp
LNU753_H8	arroz 11v1 BM037785	808	2911	500	80	globlastp
LNU754_H1	trigo 12v3 BE413658	809	2912	501	95,8	globlastp
LNU754_H2	leymus gb166 EG390263_P1	810	2913	501	95	globlastp
LNU754_H3	pseudoroegneria gb167 FF349286	811	2914	501	95	globlastp
LNU754_H4	centeio 12v1 DRR001012,101669	812	2915	501	95	globlastp
LNU754_H5	brachypodium 12v1 BRADI2G06900_P1	813	2916	501	91,2	globlastp
LNU754_H6	aveia 11v1 GR365468_P1	814	2917	501	88,7	globlastp
LNU754_H7	sorgo 12v1 SB03G001930	815	2918	501	85,4	globlastp
LNU754_H8	painço 10v1 EVO454PM027276_P1	816	2919	501	84,1	globlastp
LNU754_H9	milho 10v1 Al600590_P1	817	2920	501	83,9	globlastp
LNU754_H13	capim_chorão 12v1 FE624722_P1	818	2921	501	83,7	globlastp
LNU754_H10	milho_painço 11v3 PHY7SI002752M_P1	819	2922	501	83,3	globlastp
LNU754_H11	arroz 11v1 BE228738	820	2923	501	82	globlastp
LNU754_H12	capim_chorão gb167 FE624722	821	2924	501	82	globlastp
LNU756_H1	centeio 12v1 DRR001012,433563	822	2925	502	94,9	globlastp
LNU756_H2	centeio 12v1 BE493902	823	2926	502	94,6	globlastp
LNU756_H3	centeio 12v1 DRR001012,24867	824	2926	502	94,6	globlastp
LNU756_H4	trigo 12v3 BG606914	825	2927	502	94,6	globlastp
LNU756_H5	brachypodium 12v1 BRADI2G24030_P1	826	2928	502	93,5	globlastp

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU756_H6	aveia 11v1 GR329669_P1	827	2929	502	92,4	globlaste
LNU756_H7	arroz 11v1 BF475232	828	2930	502	82,61	globlastn
LNU756_H8	milho_gainço 11v3 EC612148_P1	829	2931	502	81,5	globlaste
LNU756_H9	cana_de_açúcar 10v1 BU103174	830	2932	502	80,4	globlaste
LNU756_H10	sorgo 12v1 SB09G021710	831	2933	502	80,1	globlaste
LNU756_H12	capim_chorão 12v1 DN150091_P1	832	2934	502	80	globlaste
LNU756_H11	capim_chorão glb167 DN150091	833	2934	502	80	globlaste
LNU757_H1	trigo 12v3 CA645023	834	2935	503	98,2	globlaste
LNU757_H2	centeio 12v1 DRR001012,10473	835	2936	503	97	globlaste
LNU757_H3	centeio 12v1 DRR001012,121839	836	2937	503	97	globlaste
LNU757_H4	centeio 12v1 DRR001012,768638	837	2938	503	95,9	globlaste
LNU757_H5	trigo 12v3 BE426208	838	2939	503	93,5	globlaste
LNU757_H6	aveia 11v1 GR328666_P1	839	2940	503	91,8	globlaste
LNU758_H1	trigo 12v3 BG906982	840	2941	504	91,6	globlaste
LNU758_H2	pseudoroegneria glb167 FF345629	841	2942	504	87,1	globlaste
LNU759_H1	centeio 12v1 DRR001012,140285	842	2943	505	94	globlaste
LNU759_H2	trigo 12v3 CA742547	843	2944	505	93	globlaste
LNU759_H3	trigo 12v3 SRR043326X66986D1	844	2944	505	93	globlaste
LNU759_H4	milho_gainço 11v3 PHY7S1023760M_P1	845	2945	505	90	globlaste
LNU759_H5	arroz 11v1 CF293997	846	2946	505	87,4	globlaste
LNU759_H11	capim_chorão 12v1 FL787656_P1	847	2947	505	87	globlaste
LNU759_H6	capim_chorão glb167 FL787656	848	2947	505	87	globlaste
LNU759_H7	cynodon 10v1 ES299636_P1	849	2948	505	86,1	globlaste
LNU759_H12	capim_chorão 12v1 FL779827_P1	850	2949	505	86	globlaste
LNU759_H8	sorgo 12v1 SB09G022720	851	2950	505	83,5	globlaste
LNU759_H9	brachypodium 12v1 BRADI2G23060_P1	852	2951	505	82,2	globlaste
LNU759_H10	milho 10v1 EE680335_P1	853	2952	505	82	globlaste
LNU760_H2	pseudoroegneria glb167 FF358412	854	2953	506	86,75	globlastn
LNU760_H3	centeio 12v1 DRR001014,135934	855	2954	506	81,13	globlastn
LNU760_H4	capim_chorão 12v1 FL773680_T1	856	2955	506	80,13	globlastn
LNU761_H1	trigo 12v3 BQ170294	857	2956	507	96,1	globlaste
LNU761_H2	trigo 12v3 BG263661	858	2957	507	95,3	globlaste
LNU761_H3	centeio 12v1 BF429268	859	2958	507	95,1	globlaste
LNU761_H4	brachypodium 12v1 BRADI2G61140_P1	860	2959	507	84,7	globlaste
LNU761_H5	milho_gainço 11v3 PHY7S1001000M_P1	861	2960	507	84,5	globlaste
LNU761_H9	capim_chorão 12v1 FE627078_P1	862	2961	507	83,8	globlaste
LNU761_H6	capim_chorão glb167 FE605627	863	2962	507	82,8	globlaste
LNU761_H7	arroz 11v1 CR278964	864	2963	507	82,6	globlaste
LNU761_H8	sorgo 12v1 SB03G046200	865	2964	507	81,2	globlaste
LNU762_H1	centeio 12v1 DRR001012,142840	866	2965	508	93,9	globlaste
LNU762_H2	centeio 12v1 DRR001012,108084	867	2966	508	93,6	globlaste
LNU762_H3	trigo 12v3 CA653618	868	2967	508	92,5	globlaste
LNU762_H4	brachypodium 12v1 BRADI5G07300_P1	869	2968	508	87,1	globlaste
LNU762_H5	milho_gainço 11v3 EC613160_P1	870	2969	508	81	globlaste
LNU763_H1	trigo 12v3 BE517537	871	2970	509	93,3	globlaste
LNU763_H2	pseudoroegneria glb167 FF345576	872	2971	509	91,3	globlaste
LNU763_H3	centeio 12v1 DRR001012,538230	873	2972	509	89,7	globlaste
LNU763_H4	centeio 12v1 DRR001012,104458	874	2973	509	89,1	globlaste
LNU763_H5	centeio 12v1 DRR001012,104992	875	2974	509	89,1	globlaste
LNU763_H6	centeio 12v1 DRR001012,307746	876	2975	509	89,1	globlastn
LNU763_H7	centeio 12v1 DRR001012,403113	877	2976	509	86,58	globlastn
LNU764_H1	trigo 12v3 BE419722	878	2977	510	96	globlaste
LNU764_H2	centeio 12v1 DRR001012,148705	879	2978	510	95,6	globlaste
LNU764_H3	trigo 12v3 AL817877	880	2979	510	94,8	globlaste
LNU764_H4	arroz 11v1 CB680462	881	2980	510	83,8	globlaste
LNU764_H5	brachypodium 12v1 BRADI3G14080_P1	882	2981	510	83,6	globlaste
LNU764_H6	sorgo 12v1 SB07G002140	883	2982	510	82,4	globlaste
LNU764_H7	milho_gainço 11v3 EC613412_P1	884	2983	510	81,3	globlaste
LNU764_H9	capim_chorão 12v1 FE638335_P1	885	2984	510	80,9	globlaste
LNU764_H8	capim_chorão glb167 FE649051	886	2985	510	80,57	globlastn

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de lit. global	Algor.
LNU764_H10	capim_chorão 12v1 FL754424_P1	887	2986	510	80,3	gloklaste
LNU766_H1	trigo 12v3 BF483178	888	2987	511	96,6	gloklaste
LNU766_H2	centeio 12v1 DRR001012,107386	889	2988	511	96,14	gloklaste
LNU766_H3	brachypodium 12v1 BRADI2G62060_T1	890	2989	511	90,68	gloklaste
LNU766_H5	arroz 11v1 BM419326	891	2990	511	85,8	gloklaste
LNU766_H6	milho_gainço 11v3 GT090868_P1	892	2991	511	85,5	gloklaste
LNU766_H11	capim_chorão 12v1 DT948944_P1	893	2992	511	85,4	gloklaste
LNU766_H12	capim_chorão 12v1 FE657698_P1	894	2993	511	85,3	gloklaste
LNU766_H7	gainço 10v1 EVO454PM004168_P1	895	2994	511	84,9	gloklaste
LNU766_H8	centeio 12v1 DRR001012,124126	896	2995	511	84,7	gloklaste
LNU766_H9	milho 10v1 BM259345_P1	897	2996	511	84,5	gloklaste
LNU766_H10	sorgo 12v1 SB10G025840	898	2997	511	84,4	gloklaste
LNU767_H1	centeio 12v1 DRR001012,555545	899	2998	512	92,3	gloklaste
LNU767_H2	trigo 12v3 BE419870	900	2999	512	91,2	gloklaste
LNU767_H3	loliu 10v1 JAU246334_P1	901	3000	512	84,6	gloklaste
LNU768_H1	trigo 12v3 BI479814	902	3001	513	99,1	gloklaste
LNU768_H2	centeio 12v1 DRR001013,174965	903	3002	513	98,2	gloklaste
LNU768_H3	centeio 12v1 DRR001012,20806	904	3003	513	97,8	gloklaste
LNU768_H4	centeio 12v1 DRR001012,266041	905	3004	513	97,35	gloklaste
LNU768_H5	brachypodium 12v1 BRADI2G56682_P1	906	3005	513	93,4	gloklaste
LNU768_H6	arroz 11v1 CF294088	907	3006	513	93,4	gloklaste
LNU768_H15	capim_chorão 12v1 FL692202_P1	908	3007	513	92,5	gloklaste
LNU768_H7	sorgo 12v1 SB01G021690	909	3008	513	92,5	gloklaste
LNU768_H8	capim_chorão gb167 FL692202	910	3007	513	92,5	gloklaste
LNU768_H9	milho 10v1 AI941829_P1	911	3009	513	92	gloklaste
LNU768_H16	capim_chorão 12v1 GD014223_P1	912	3010	513	91,2	gloklaste
LNU768_H10	milho_gainço 11v3 PHY7SI034560M_T1	913	3011	513	90,35	gloklaste
LNU768_H11	cana_de_açúcar 10v1 BQ536826	914	3012	513	90,3	gloklaste
LNU768_H12	aveia 11v1 GO596074_P1	915	3013	513	84,5	gloklaste
LNU768_H13	amborella 12v3 SRR038634,15775_P1	916	3014	513	80,1	gloklaste
LNU768_H14	akacaxi 10v1 DT336500_P1	917	3015	513	80,1	gloklaste
LNU769_H8	brachypodium 12v1 BRADI4G21820_P1	918	3016	514	82,4	gloklaste
LNU769_H13	brachypodium 12v1 BRADI2G16170_P1	919	3017	514	80,8	gloklaste
LNU769_H14	sorgo 12v1 SB05G007470	920	3018	514	80,8	gloklaste
LNU770_H1	trigo 12v3 BE398561	921	3019	515	96	gloklaste
LNU770_H2	centeio 12v1 DRR001012,712789	922	3020	515	94,8	gloklaste
LNU770_H3	brachypodium 12v1 BRADI1G56870_P1	923	3021	515	82	gloklaste
LNU772_H1	trigo 12v3 BM135473	924	3022	517	96	gloklaste
LNU772_H2	centeio 12v1 DRR001012,142915	925	3023	517	93,5	gloklaste
LNU772_H3	centeio 12v1 DRR001012,612512	926	3024	517	93	gloklaste
LNU772_H4	brachypodium 12v1 BRADI3G08480_P1	927	3025	517	90,5	gloklaste
LNU772_H5	aveia 11v1 GO592678_P1	928	3026	517	88,9	gloklaste
LNU772_H8	gainço 10v1 EVO454PM022643_P1	929	3027	517	86,6	gloklaste
LNU772_H6	arroz 11v1 CB000951	930	3028	517	86,3	gloklaste
LNU772_H9	milho_gainço 11v3 PHY7SI018070M_P1	931	3029	517	86	gloklaste
LNU772_H15	capim_chorão 12v1 DN144396_P1	932	3030	517	84,3	gloklaste
LNU772_H13	sorgo 12v1 SB04G008000	933	3031	517	83,9	gloklaste
LNU772_H10	capim_chorão gb167 DN144396	934	3032	517	83,8	gloklaste
LNU772_H11	milho 10v1 AA979978_P1	935	3033	517	83,7	gloklaste
LNU772_H14	cynodon 10v1 ES292031_P1	936	3034	517	82,1	gloklaste
LNU773_H1	centeio 12v1 DRR001012,115164	937	3035	518	94,6	gloklaste
LNU773_H2	brachypodium 12v1 BRADI1G02440_P1	938	3036	518	84,1	gloklaste
LNU773_H3	milho_gainço 11v3 PHY7SI034229M_P1	939	3037	518	82,1	gloklaste
LNU773_H4	milho_gainço 11v3 SICRP053164_P1	940	3037	518	82,1	gloklaste
LNU773_H5	arroz 11v1 CB634493	941	3038	518	81,5	gloklaste
LNU774_H1	brachypodium 12v1 BRADI4G38810_P1	942	3039	519	82,9	gloklaste
LNU775_H1	centeio 12v1 DRR001012,110859	943	3040	520	93,5	gloklaste
LNU775_H2	trigo 12v3 CD937862	944	3041	520	82,8	gloklaste
LNU775_H3	brachypodium 12v1 BRADI2G04447_P1	945	3042	520	82,6	gloklaste
LNU777_H1	centeio 12v1 DRR001012,142992	946	3043	522	92,4	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU777_H2	centeio 12v1 DRR001012.313229	947	3044	522	91,8	gloklaste
LNU777_H3	trigo 12v3 BE499027	948	3045	522	81,89	glotblastn
LNU778_H1	trigo 12v3 BE402486	949	3046	523	96,9	gloklaste
LNU778_H2	trigo 12v3 SRR073321X42757D1	950	3047	523	96,9	gloklaste
LNU778_H3	trigo 12v3 CD871315	951	3048	523	91,7	gloklaste
LNU778_H4	brachypodium 12v1 BRADI2G46340_P1	952	3049	523	91,6	gloklaste
LNU778_H5	arroz 11v1 BI811994	953	3050	523	87,2	gloklaste
LNU778_H6	milho_painço 11v3 PHY7SI000364M_P1	954	3051	523	85,2	gloklaste
LNU778_H7	sorgo 12v1 SB03G030890	955	3052	523	85,1	gloklaste
LNU778_H8	milho 10v1 CA399726_P1	956	3053	523	84,5	gloklaste
LNU778_H9	milho 10v1 AI615203_T1	957	3054	523	83,35	glotblastn
LNU779_H1	pseudoroegneria gb167 FF346373	958	3055	524	98,1	gloklaste
LNU779_H2	centeio 12v1 BE587009	959	3056	524	97,8	gloklaste
LNU779_H3	trigo 12v3 BE402818	960	3057	524	97,5	gloklaste
LNU779_H4	trigo 12v3 BE586120	961	3058	524	97,5	gloklaste
LNU779_H5	trigo 12v3 CV778626	962	3059	524	96,91	glotblastn
LNU779_H6	aveia 11v1 CN815634_T1	963	3060	524	94,44	glotblastn
LNU779_H7	brachypodium 12v1 BRADI3G42790_P1	964	3061	524	91,7	gloklaste
LNU779_H8	arroz 11v1 BI794901	965	3062	524	88,6	gloklaste
LNU779_H9	milho_painço 11v3 PHY7SI014086M_P1	966	3063	524	87,7	gloklaste
LNU779_H10	capim_chorão gb167 DN144658	967	3064	524	87,7	gloklaste
LNU779_H11	capim_chorão gb167 FE631532	968	3065	524	87,7	gloklaste
LNU779_H12	painço 10v1 EVO454PM012215_P1	969	3066	524	87,4	gloklaste
LNU779_H13	milho 10v1 AI649552_P1	970	3067	524	86,8	gloklaste
LNU779_H14	sorgo 12v1 SB07G024220	971	3068	524	86,8	gloklaste
LNU779_H15	cana_de_açúcar 10v1 CA065962	972	3069	524	86,8	gloklaste
LNU779_H16	milho 10v1 BG354183_P1	973	3070	524	83,7	gloklaste
LNU779_H17	capim_chorão 12v1 FE639284_P1	974	3071	524	81,8	gloklaste
LNU781_H1	centeio 12v1 DRR001012.110372	975	3072	526	98,9	gloklaste
LNU781_H2	centeio 12v1 DRR001012.15876	976	3073	526	97,11	glotblastn
LNU781_H3	trigo 12v3 CA666142	977	3074	526	96,1	gloklaste
LNU781_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G07870_P1	978	3075	526	91,3	gloklaste
LNU781_H5	milho_painço 11v3 EC612060_P1	979	3076	526	84,2	gloklaste
LNU781_H6	arroz 11v1 BI118738	980	3077	526	84	gloklaste
LNU781_H7	sorgo 12v1 SB01G007340	981	3078	526	83,7	gloklaste
LNU781_H8	painço 10v1 EVO454PM114571_P1	982	3079	526	82,4	gloklaste
LNU781_H12	capim_chorão 12v1 FL756770_P1	983	3080	526	82,2	gloklaste
LNU781_H9	milho 10v1 CA403670_P1	984	3081	526	82,2	gloklaste
LNU781_H10	trigo 12v3 CA593786	985	3082	526	81,84	glotblastn
LNU781_H13	capim_chorão 12v1 FE611031_P1	986	3083	526	80,8	gloklaste
LNU781_H11	milho 10v1 BM498386_P1	987	3084	526	80,3	gloklaste
LNU782_H1	trigo 12v3 BQ788965	988	3085	527	97,9	gloklaste
LNU782_H2	centeio 12v1 DRR001012.594129	989	3086	527	96,2	gloklaste
LNU783_H1	centeio 12v1 DRR001012.216554	990	3087	528	92,8	gloklaste
LNU783_H2	brachypodium 12v1 BRADI2G04360_P1	991	3088	528	81,8	gloklaste
LNU783_H3	arroz 11v1 BE040181	992	3089	528	80	gloklaste
LNU787_H12	centeio 12v1 DRR001012.395832	993	3090	532	91,4	gloklaste
LNU787_H13	centeio 12v1 DRR001012.20638	994	3091	532	90,8	gloklaste
LNU787_H1	pseudoroegneria gb167 FF355972	995	3092	532	90,5	gloklaste
LNU787_H2	trigo 12v3 BG909595	996	3093	532	89,9	gloklaste
LNU787_H4	trigo 12v3 AL821420	997	-	532	89,63	glotblastn
LNU787_H9	arroz 11v1 AJU092213	998	3094	532	87,7	gloklaste
LNU787_H6	capim_chorão gb167 GD010772	999	3095	532	86,5	gloklaste
LNU787_H8	milho_painço 11v3 PHY7SI006894M_P1	1000	3096	532	86,5	gloklaste
LNU787_H14	capim_chorão 12v1 GD010772_P1	1001	3097	532	86,2	gloklaste
LNU787_H7	cenchrus gb166 EB661125_P1	1002	3098	532	86,2	gloklaste
LNU787_H10	painço 10v1 EVO454PM055809_T1	1003	-	532	84,97	glotblastn
LNU787_H3	leymus gb166 EG384638_P1	1004	3099	532	84,7	gloklaste
LNU787_H11	milho 10v1 AI670300_P1	1005	3100	532	83,7	gloklaste
LNU788_H1	centeio 12v1 DRR001012.407094	1006	3101	533	91,4	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de lat. global	Algor.
LNU788_H2	centeio 12v1 DRR001012.189907	1007	3102	533	91,1	globlaste
LNU788_H3	trigo 12v3 BE606973	1008	3103	533	90,7	globlaste
LNU788_H5	sorgo 12v1 SB10G003000	1009	3104	533	83,3	globlaste
LNU789_H1	trigo 12v3 BJ312717	1010	3105	534	93,65	globlaste
LNU789_H2	trigo 12v3 CD898702	1011	3106	534	91,8	globlaste
LNU789_H3	centeio 12v1 DRR001012.152256	1012	3107	534	91,7	globlaste
LNU789_H4	trigo 12v3 AL821622	1013	3108	534	91,1	globlaste
LNU789_H5	cevada 12v1 BG344287_P1	1014	3109	534	90,2	globlaste
LNU789_H6	milho_painço 11v3 PHY7SI034969M_P1	1015	3110	534	89,2	globlaste
LNU789_H7	capim_chorão gb167 FL695828	1016	3111	534	88,6	globlaste
LNU789_H8	painço 10v1 EVO454PM015227_P1	1017	3112	534	87	globlaste
LNU789_H13	capim_chorão 12v1 FL695828_P1	1018	3113	534	86,8	globlaste
LNU789_H9	arroz 11v1 C27096	1019	3114	534	86,8	globlaste
LNU789_H10	sorgo 12v1 SB01G037160	1020	3115	534	86,1	globlaste
LNU789_H11	milho 10v1 AJ783213_P1	1021	3116	534	85,9	globlaste
LNU789_H12	cana_de_açúcar 10v1 CA066166	1022	3117	534	85,6	globlaste
LNU790_H1	arroz 11v1 BI804641	1023	3118	535	90,8	globlaste
LNU790_H2	milho 10v1 AJ461507_P1	1024	3119	535	90,4	globlaste
LNU790_H3	sorgo 12v1 SB01G038000	1025	3120	535	90,4	globlaste
LNU790_H10	capim_chorão 12v1 FE603656_P1	1026	3121	535	90,2	globlaste
LNU790_H4	milho 10v1 BI096427_P1	1027	3122	535	90	globlaste
LNU790_H5	milho_painço 11v3 PHY7SI035653M_P1	1028	3123	535	89,6	globlaste
LNU790_H6	centeio 12v1 DRR001012.151815	1029	3124	535	88,6	globlaste
LNU790_H7	capim_chorão gb167 DN142553	1030	3125	535	88,52	globlaste
LNU790_H8	painço 10v1 EVO454PM083041_P1	1031	3126	535	86,5	globlaste
LNU790_H9	trigo 12v3 CA605241	1032	3127	535	82,3	globlaste
LNU791_H1	sorgo 12v1 SB01G041890	1033	3128	536	89,6	globlaste
LNU791_H2	trigo 12v3 ERR125558X24074D1	1034	3129	536	89,6	globlaste
LNU791_H3	centeio 12v1 DRR001012.416966	1035	3130	536	88,7	globlaste
LNU791_H4	milho_painço 11v3 PHY7SI038156M_P1	1036	3131	536	85,8	globlaste
LNU791_H5	arroz 11v1 CA752611	1037	3132	536	85,8	globlaste
LNU791_H6	capim_chorão gb167 FL973644	1038	3133	536	85,8	globlaste
LNU791_H7	painço 10v1 PMSLX0872180D1_P1	1039	3134	536	84,9	globlaste
LNU792_H1	centeio 12v1 GXFJ374582X1	1040	3135	537	94	globlaste
LNU792_H2	cevada 12v1 AV833692_P1	1041	3136	537	93,6	globlaste
LNU792_H3	arroz 11v1 AJU056540	1042	3137	537	89,9	globlaste
LNU792_H4	milho_painço 11v3 PHY7SI000485M_P1	1043	3138	537	88,7	globlaste
LNU792_H10	capim_chorão 12v1 FE640305_P1	1044	3139	537	88,3	globlaste
LNU792_H5	milho 10v1 JAW600616_P1	1045	3140	537	87,7	globlaste
LNU792_H6	milho 10v1 CD439418_P1	1046	3141	537	84,7	globlaste
LNU792_H7	trigo 12v3 BE412277	1047	3142	537	82,4	globlaste
LNU792_H8	sorgo 12v1 SB03G036050	1048	3143	537	82,3	globlaste
LNU792_H9	trigo 12v3 CA614780	1049	3144	537	80	globlaste
LNU794_H1	trigo 12v3 BF201200	1050	3145	539	96,7	globlaste
LNU794_H2	pseudoroegneria gb167 FF344480	1051	3146	539	96,3	globlaste
LNU794_H3	centeio 12v1 DRR001012.108384	1052	3147	539	96,3	globlaste
LNU794_H4	aveia 11v1 GO588032_P1	1053	3148	539	95,5	globlaste
LNU794_H5	arroz 11v1 AF074750	1054	3149	539	89,8	globlaste
LNU794_H13	capim_chorão 12v1 FE601825_P1	1055	3150	539	88,5	globlaste
LNU794_H6	capim_chorão gb167 FE601825	1056	3150	539	88,5	globlaste
LNU794_H7	capim_chorão gb167 FE644897	1057	3151	539	88,1	globlaste
LNU794_H8	cana_de_açúcar 10v1 CA102960	1058	3152	539	87,7	globlaste
LNU794_H9	painço 10v1 EVO454PM002886_P1	1059	3153	539	87,3	globlaste
LNU794_H10	milho_painço 11v3 PHY7SI014266M_P1	1060	3154	539	86,5	globlaste
LNU794_H11	sorgo 12v1 SB07G003760	1061	3155	539	86,5	globlaste
LNU794_H12	milho 10v1 AJ944207_P1	1062	3156	539	84,8	globlaste
LNU794_H14	capim_chorão 12v1 FL968985_T1	1063	3157	539	80	globlaste
LNU797_H1	leymus gb166 EG376487_P1	1064	3158	542	99,6	globlaste
LNU797_H2	trigo 12v3 BE400744	1065	3159	542	99,2	globlaste
LNU797_H3	trigo 12v3 BE406331	1066	3160	542	99,2	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU797_H4	trigo 12v3 CA730405	1067	3159	542	99,2	globlaste
LNU797_H5	centeio 12v1 BF429235	1068	3161	542	98,7	globlaste
LNU797_H6	festuca gb161 CK801981_P1	1069	3162	542	98,3	globlaste
LNU797_H7	aveia 11v1 CN816314_P1	1070	3163	542	98,3	globlaste
LNU797_H8	aveia 11v1 GO589763_P1	1071	3164	542	97,9	globlaste
LNU797_H9	arroz 11v1 BE039235	1072	3165	542	97,9	globlaste
LGP52	sorgo 12v1 SB05G024560	1073	3166	542	97,5	globlaste
LNU797_H10	brachypodium 12v1 BRADI4G13740T2_P1	1074	3167	542	97,5	globlaste
LNU797_H11	milho 10v1 A1395988_P1	1075	3166	542	97,5	globlaste
LNU797_H12	cana_de_açúcar 10v1 BQ536939	1076	3166	542	97,5	globlaste
LNU797_H13	cenchrus gb166 BM084421_P1	1077	3168	542	97	globlaste
LNU797_H14	milho_painço 11v3 PHY7S1026806M_P1	1078	3168	542	97	globlaste
LNU797_H15	onion 12v1 CF439938_P1	1079	3169	542	97	globlaste
LNU797_H16	onion 12v1 CF441222_P1	1080	3170	542	97	globlaste
LNU797_H17	sorgo 12v1 SB01G046910	1081	3171	542	97	globlaste
LGP52_H1	capim_chorão 12v1 FE602145_P1	1082	3172	542	96,6	globlaste
LNU797_H18	euonymus 11v1 SRR070038X135997_P1	1083	3173	542	96,6	globlaste
LNU797_H19	festuca gb161 DT675202_P1	1084	3174	542	96,6	globlaste
LNU797_H20	milho 10v1 A1714766_P1	1085	3175	542	96,6	globlaste
LNU797_H21	painço 10v1 EVO454PM001587_P1	1086	3176	542	96,6	globlaste
LNU797_H22	painço 10v1 EVO454PM005709_P1	1087	3177	542	96,6	globlaste
LNU797_H23	pseudoroegneria gb167 FF343070	1088	3178	542	96,6	globlaste
LNU797_H24	centeio 12v1 DRR001012.1101136	1089	3178	542	96,6	globlaste
LNU797_H25	centeio 12v1 DRR001012.112514	1090	3178	542	96,6	globlaste
LNU797_H26	centeio 12v1 DRR001012.193069	1091	3178	542	96,6	globlaste
LNU797_H27	capim_chorão gb167 FE602145	1092	3172	542	96,6	globlaste
LNU797_H28	capim_chorão gb167 FE619094	1093	3172	542	96,6	globlaste
LNU797_H29	capim_chorão gb167 FE624039	1094	3172	542	96,6	globlaste
LNU797_H30	amíca 11v1 SRR099034X109165_P1	1095	3179	542	96,2	globlaste
LNU797_H31	artemisia 10v1 EY043858_P1	1096	3180	542	96,2	globlaste
LNU797_H32	euonymus 11v1 SRR070038X195269_P1	1097	3181	542	96,2	globlaste
LNU797_H33	wal 11v1 GSVIVT01016670001_P1	1098	3182	542	96,2	globlaste
LNU797_H34	soja 11v1 GLYMA02G01700	1099	3183	542	96,2	globlaste
LNU797_H34	soja 12v1 GLYMA02G01700_P1	1100	3183	542	96,2	globlaste
LNU797_H35	girassol 12v1 CD848350	1101	3179	542	96,2	globlaste
LNU797_H36	girassol 12v1 DY926327	1102	3179	542	96,2	globlaste
LNU797_H37	trigo 12v3 BE398301	1103	3184	542	96,2	globlaste
LNU797_H38	trigo 12v3 BE638088	1104	3185	542	96,2	globlaste
LNU797_H39	trigo 12v3 CA616043	1105	3185	542	96,2	globlaste
LGP52_H3	feijão 12v2 CA898157_P1	1106	3186	542	95,8	globlaste
LNU797_H40	amsonia 11v1 SRR098688X100584_P1	1107	3187	542	95,8	globlaste
LNU797_H41	cevada 12v1 BE420554_P1	1108	3188	542	95,8	globlaste
LNU797_H42	feijão 12v1 CA898157	1109	3186	542	95,8	globlaste
LNU797_H43	castanha gb170 SRR006295S0000440_P1	1110	3189	542	95,8	globlaste
LNU797_H44	cichorium gb171 EH695394_P1	1111	3190	542	95,8	globlaste
LNU797_H45	cofe 10v1 DV681794_P1	1112	3191	542	95,8	globlaste
LNU797_H46	algodão 11v1 C0098301_P1	1113	3192	542	95,8	globlaste
LNU797_H47	feijão_fradinho 12v1 FF391241_P1	1114	3186	542	95,8	globlaste
LNU797_H48	dente_de_leão 10v1 DR398974_P1	1115	3190	542	95,8	globlaste
LNU797_H49	eschscholzia 11v1 CK745182_P1	1116	3193	542	95,8	globlaste
LNU797_H50	euonymus 11v1 SRR070038X148521_P1	1117	3194	542	95,8	globlaste
LNU797_H51	gossypium_raidonaii 12v1 DR460270_P1	1118	3195	542	95,8	globlaste
LNU797_H52	heribera 10v1 SRR005794S0001293_P1	1119	3196	542	95,8	globlaste
LNU797_H53	alfaca 12v1 DW046332_P1	1120	3190	542	95,8	globlaste
LNU797_H54	lótus 09v1 AW720222_P1	1121	3197	542	95,8	globlaste
LNU797_H55	carvalho 10v1 FP043285_P1	1122	3189	542	95,8	globlaste
LNU797_H56	girassol 12v1 CD849067	1123	3198	542	95,8	globlaste
LNU797_H57	jasmim 11v1 SRR098689X106530	1124	3199	542	95,8	globlaste
LNU797_H58	tragopogon 10v1 SRR020205S0002302	1125	3190	542	95,8	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU797_H59	vinca 11v1 SRR098690X108966	1126	3200	542	95,8	globlaste
LNU797_H60	vinca 11v1 SRR098690X131739	1127	3201	542	95,8	globlaste
LGP52_H2	prunus_mume 13v1 BU045923_P1	1128	3202	542	95,4	globlaste
LNU797_H61	ambrosia 11v1 SRR346935,111437_P1	1129	3203	542	95,4	globlaste
LNU797_H62	ambrosia 11v1 SRR346943,182031_P1	1130	3203	542	95,4	globlaste
LNU797_H63	amica 11v1 SRR099034X103642_P1	1131	3204	542	95,4	globlaste
LNU797_H64	banana 12v1 BBS104T3_P1	1132	3205	542	95,4	globlaste
LNU797_H65	cacau 10v1 CU484574_P1	1133	3206	542	95,4	globlaste
LNU797_H66	catharanthus 11v1 SRR098691X100536_P1	1134	3207	542	95,4	globlaste
LNU797_H67	algodão 11v1 BE052796_P1	1135	3208	542	95,4	globlaste
LNU797_H68	algodão 11v1 BF272890_P1	1136	3209	542	95,4	globlaste
LNU797_H69	gossypium_raidmondii 12v1 BE052796_P1	1137	3208	542	95,4	globlaste
LNU797_H70	gossypium_raidmondii 12v1 BG440472_P1	1138	3209	542	95,4	globlaste
LNU797_H71	humulus 11v1 E5653444_P1	1139	3210	542	95,4	globlaste
LNU797_H72	medicago 12v1 BE205283_P1	1140	3211	542	95,4	globlaste
LNU797_H73	momordica 10v1 SRR071315S0000877_P1	1141	3212	542	95,4	globlaste
LNU797_H74	nasturtium 11v1 SRR032558,130953_P1	1142	3213	542	95,4	globlaste
LNU797_H75	papoulias 11v1 SRR030261,67760_P1	1143	3214	542	95,4	globlaste
LNU797_H76	prunus 10v1 BU045923	1144	3202	542	95,4	globlaste
LNU797_H77	soja 11v1 GLYMA10G01760	1145	3215	542	95,4	globlaste
LNU797_H77	soja 12v1 GLYMA10G01760_P1	1146	3215	542	95,4	globlaste
LNU797_H78	soja 11v1 GLYMA10G42650	1147	3213	542	95,4	globlaste
LNU797_H78	soja 12v1 GLYMA10G42650_P1	1148	3213	542	95,4	globlaste
LNU797_H79	soja 11v1 GLYMA20G24380	1149	3213	542	95,4	globlaste
LNU797_H79	soja 12v1 GLYMA20G24380_P1	1150	3213	542	95,4	globlaste
LNU797_H80	trigonella 11v1 SRR066194X100358	1151	3211	542	95,4	globlaste
LNU797_H81	trigo 12v3 BE516233	1152	3216	542	95,4	globlaste
LNU797_H82	trevo gb162 BB904539_T1	1153	3217	542	95,36	globlastn
LNU797_H83	tripterygium 11v1 SRR098677X108743	1154	3218	542	95,36	globlastn
LNU797_H84	ambrosia 11v1 SRR346935,162287_T1	1155	3219	542	94,94	globlastn
LNU797_H85	arabidopsis_lyrata 09v1 JGIAL004906_P1	1156	3220	542	94,9	globlaste
LNU797_H86	arabidopsis 10v1 AT1G53850_P1	1157	3220	542	94,9	globlaste
LNU797_H87	arabidopsis 10v1 AT3G14290_P1	1158	3221	542	94,9	globlaste
LNU797_H88	aristolochia 10v1 FD753041_P1	1159	3222	542	94,9	globlaste
LNU797_H89	centaurea gb166 EH720898_P1	1160	3223	542	94,9	globlaste
LNU797_H90	chelidonium 11v1 SRR084752X101469_P1	1161	3224	542	94,9	globlaste
LNU797_H91	grao_de_kico 11v1 GR406082	1162	3225	542	94,9	globlaste
LNU797_H91	grao_de_kico 13v2 GR406082_P1	1163	3225	542	94,9	globlaste
LNU797_H92	cirsium 11v1 SRR346952,1003064_P1	1164	3223	542	94,9	globlaste
LNU797_H93	cirsium 11v1 SRR346952,101704_P1	1165	3223	542	94,9	globlaste
LNU797_H94	clementina 11v1 CF418418_P1	1166	3226	542	94,9	globlaste
LNU797_H95	feijão_fradinho 12v1 FF400036_P1	1167	3227	542	94,9	globlaste
LNU797_H96	cynara gb167 GE586707_P1	1168	3223	542	94,9	globlaste
LNU797_H97	flaveria 11v1 SRR149229,124001_P1	1169	3228	542	94,9	globlaste
LNU797_H98	flaveria 11v1 SRR149229,164802_P1	1170	3228	542	94,9	globlaste
LNU797_H99	flaveria 11v1 SRR149229,187551_P1	1171	3228	542	94,9	globlaste
LNU797_H100	flaveria 11v1 SRR149232,124521_P1	1172	3228	542	94,9	globlaste
LNU797_H101	kiwi gb166 FG416367_P1	1173	3229	542	94,9	globlaste
LNU797_H102	óleo_de_palma 11v1 GH636084_P1	1174	3230	542	94,9	globlaste
LNU797_H103	laranja 11v1 CB322089_P1	1175	3226	542	94,9	globlaste
LNU797_H104	ervilha 11v1 AM161973_P1	1176	3231	542	94,9	globlaste
LNU797_H105	feijão_guandu 11v1 SRR054580X103301_P1	1177	3232	542	94,9	globlaste
LNU797_H106	papoulias 11v1 FG610932_P1	1178	3233	542	94,9	globlaste
LNU797_H107	safflower gb162 EL375904	1179	3223	542	94,9	globlaste
LNU797_H108	scabiosa 11v1 SRR063723X104505	1180	3234	542	94,9	globlaste
LNU797_H109	valeriana 11v1 SRR099039X102707	1181	3235	542	94,9	globlaste
LNU797_H110	melancia 11v1 CK756307	1182	3236	542	94,9	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de ló. global	Algor.
LNU797_H111	antirrhinum gb166 AJ793100_T1	1183	3237	542	94,51	glotklastn
LNU797_H112	sarracenia 11v1 SRR192669_135220	1184	3238	542	94,51	glotklastn
LGP52_H4	feijão 12v2 CA905741_P1	1185	3239	542	94,5	gloklaste
LNU797_H113	arabidopsis_lyrata 09v1 JGIAL009899_P1	1186	3240	542	94,5	gloklaste
LNU797_H114	feijão 12v1 CA905741	1187	3239	542	94,5	gloklaste
LNU797_H115	faia 11v1 SRR006293_26585_P1	1188	3241	542	94,5	gloklaste
LNU797_H116	faia 11v1 SRR006293_26859_P1	1189	3241	542	94,5	gloklaste
LNU797_H117	mirtilo 12v1 CV090936_P1	1190	3242	542	94,5	gloklaste
LNU797_H118	mirtilo 12v1 SRR353282X53162D1_P1	1191	3243	542	94,5	gloklaste
LNU797_H119	cleome_spinosa 10v1 GR932132_P1	1192	3244	542	94,5	gloklaste
LNU797_H120	eschscholzia 11v1 SRR014116_104453_P1	1193	3245	542	94,5	gloklaste
LNU797_H121	euphorbia 11v1 DV112478_P1	1194	3246	542	94,5	gloklaste
LNU797_H122	oleo_de_palma 11v1 EL688733_P1	1195	3247	542	94,5	gloklaste
LNU797_H123	amendoim 10v1 CX128176_P1	1196	3248	542	94,5	gloklaste
LNU797_H124	salvia 10v1 SRR014553S0016175	1197	3249	542	94,5	gloklaste
LNU797_H125	sesame 12v1 SESH12V1222326	1198	3250	542	94,5	gloklaste
LNU797_H126	thellungiella_parvulum 11v1 BY811542	1199	3251	542	94,5	gloklaste
LNU797_H127	maçã 11v1 CN544917_P1	1200	3252	542	94,1	gloklaste
LNU797_H128	lb_uncea 12v1 E6ANDIZ01A5869_P1	1201	3253	542	94,1	gloklaste
LNU797_H129	lb_uncea 12v1 E6ANDIZ01AGQ24_P1	1202	3254	542	94,1	gloklaste
LNU797_H130	lb_uncea 12v1 E6ANDIZ01B06M7_P1	1203	3255	542	94,1	gloklaste
LNU797_H131	lb_uncea 12v1 E6ANDIZ01BBFF_P1	1204	3256	542	94,1	gloklaste
LNU797_H132	lb_raja 11v1 CD821133_P1	1205	3257	542	94,1	gloklaste
LNU797_H133	lb_raja 11v1 CD824786_P1	1206	3255	542	94,1	gloklaste
LNU797_H134	canola 11v1 CN734250_P1	1207	3257	542	94,1	gloklaste
LNU797_H135	canola 11v1 CN736323_P1	1208	3255	542	94,1	gloklaste
LNU797_H136	canola 11v1 EE457068_P1	1209	3255	542	94,1	gloklaste
LNU797_H137	cleome_spinosa 10v1 GR931830_P1	1210	3258	542	94,1	gloklaste
LNU797_H138	abóbora_amarela 11v1 FG227107_P1	1211	3259	542	94,1	gloklaste
LNU797_H139	eucalipto 11v2 CD669666_P1	1212	3260	542	94,1	gloklaste
LNU797_H140	euphorbia 11v1 SRR098678X123510_P1	1213	3261	542	94,1	gloklaste
LNU797_H141	fagopyrum 11v1 SRR063703X104315_P1	1214	3262	542	94,1	gloklaste
LNU797_H142	flaveria 11v1 SRR149229_113631_P1	1215	3263	542	94,1	gloklaste
LNU797_H143	orobanche 10v1 SRR023189S0023437_P1	1216	3264	542	94,1	gloklaste
LNU797_H144	phalaenopsis 11v1 CB033196_P1	1217	3265	542	94,1	gloklaste
LNU797_H145	plátano 11v1 SRR096786X100928_P1	1218	3266	542	94,1	gloklaste
LNU797_H146	papoula 11v1 FE964610_P1	1219	3267	542	94,1	gloklaste
LNU797_H147	rabanete gb164 EV528186	1220	3255	542	94,1	gloklaste
LNU797_H148	eufórcio gb161 DV112478	1221	3268	542	94,1	gloklaste
LNU797_H149	takaco gb162 AB001552	1222	3269	542	94,1	gloklaste
LNU797_H150	triphysaria 10v1 EX999501	1223	3270	542	94,1	gloklaste
LNU797_H151	triphysaria 10v1 EY014414	1224	3271	542	94,1	gloklaste
LNU797_H216	olea 13v1 SRR014463X18338D1_P1	1225	3272	542	94,1	gloklaste
LNU797_H152	ginseng 10v1 CN845666_T1	1226	3273	542	94,09	glotklastn
LNU797_H153	sarracenia 11v1 SRR192669_105817	1227	3274	542	94,09	glotklastn
LGP52_H5	mamonã 12v1 EE260427_P1	1228	3275	542	93,7	gloklaste
LGP52_H7	mimulus 12v1 DV206269_P1	1229	3276	542	93,7	gloklaste
LNU797_H154	lb_oleracea gb161 DY026308_P1	1230	3277	542	93,7	gloklaste
LNU797_H155	lb_raja 11v1 BG543962_P1	1231	3277	542	93,7	gloklaste
LNU797_H156	canola 11v1 DY006413_P1	1232	3277	542	93,7	gloklaste
LNU797_H157	canola 11v1 EE454294_P1	1233	3278	542	93,7	gloklaste
LNU797_H158	canola 11v1 EE454622_P1	1234	3277	542	93,7	gloklaste
LNU797_H160	cleome_gynandra 10v1 SRR015532S0002255_P1	1235	3279	542	93,7	gloklaste
LNU797_H161	pepino 09v1 CK756307_P1	1236	3280	542	93,7	gloklaste
LNU797_H162	abóbora_amarela 11v1 SRR091276X151710_P1	1237	3281	542	93,7	gloklaste
LNU797_H163	hombeam 12v1 SRR364455_122361_P1	1238	3282	542	93,7	gloklaste
LNU797_H164	ipomoea_nil 10v1 BJ559450_P1	1239	3283	542	93,7	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU797_H165	melão 10v1 DV633226_P1	1240	3280	542	93,7	globlaste
LNU797_H167	phyla 11v2 SRR099035X105603_P1	1241	3284	542	93,7	globlaste
LNU797_H168	papoulas 11v1 SRR030259.236762_P1	1242	3285	542	93,7	globlaste
LNU797_H169	rabanete gb164 EV532244	1243	3277	542	93,7	globlaste
LNU797_H170	rabanete gb164 EV544576	1244	3286	542	93,7	globlaste
LNU797_H171	rabanete gb164 EW724310	1245	3287	542	93,7	globlaste
LNU797_H172	rabanete gb164 EX895850	1246	3277	542	93,7	globlaste
LNU797_H173	solanum_phureja 09v1 SPHAJ487384	1247	3288	542	93,7	globlaste
LNU797_H174	tomate 11v1 AB001552	1248	3289	542	93,7	globlaste
LNU797_H175	tomate 11v1 AJ487384	1249	3288	542	93,7	globlaste
LNU797_H188	populus 13v1 BU823181_P1	1250	3290	542	93,7	globlaste
LNU797_H176	mandioca 09v1 JGICASSAVA42237VALI DM1_T1	1251	3291	542	93,67	glotblastn
LNU797_H177	fagopyrum 11v1 SRR063689X100469_T1	1252	3292	542	93,67	glotblastn
LNU797_H178	fraxinus 11v1 SRR058827.113356_T1	1253	3293	542	93,67	glotblastn
LNU797_H179	fraxinus 11v1 SRR058827.100546_T1	1254	3293	542	93,25	glotblastn
LNU797_H180	plátano 11v1 SRR096786X125700_T1	1255	3294	542	93,25	glotblastn
LGP52_H6	mimulus 12v1 DV206044_P1	1256	3295	542	93,2	globlaste
LGP52_H8	nicotiana_benthiana 12v1 BP748670_P1	1257	3296	542	93,2	globlaste
LGP52_H10	nicotiana_benthiana 12v1 CN747657_P1	1258	3297	542	93,2	globlaste
LNU797_H181	fraxinus 11v1 SRR058827.105716_P1	1259	3298	542	93,2	globlaste
LNU797_H182	gingibre gb164 DY345083_P1	1260	3299	542	93,2	globlaste
LNU797_H183	jatropha 09v1 FM889898_P1	1261	3300	542	93,2	globlaste
LNU797_H184	mimulus 10v1 DV206044	1262	3295	542	93,2	globlaste
LNU797_H185	orobanche 10v1 SRR023189S0003752_P1	1263	3301	542	93,2	globlaste
LNU797_H186	pimenta 12v1 BM067274_P1	1264	3302	542	93,2	globlaste
LNU797_H187	phyla 11v2 SRR099035X28578_P1	1265	3303	542	93,2	globlaste
LNU797_H188	populus 10v1 BU823181	1266	3304	542	93,2	globlaste
LNU797_H189	populus 10v1 BU887035	1267	3305	542	93,2	globlaste
LNU797_H189	populus 13v1 BU887035_P1	1268	3305	542	93,2	globlaste
LNU797_H190	rosa 12v1 EC589334	1269	3306	542	93,2	globlaste
LNU797_H191	salvia 10v1 FE536702	1270	3307	542	93,2	globlaste
LNU797_H192	morango 11v1 DV439642	1271	3308	542	93,2	globlaste
LNU797_H193	takaco gb162 CV018545	1272	3309	542	93,2	globlaste
LNU797_H194	thellungiella_halophilum 11v1 BY811542	1273	3310	542	92,83	glotblastn
LNU797_H262	nicotiana_benthiana 12v1 EB425542_P1	1274	3311	542	92,8	globlaste
LGP52_H9	zostera 12v1 AM766202_P1	1275	3312	542	92,8	globlaste
LNU797_H195	beringela 10v1 FS014765_P1	1276	3313	542	92,8	globlaste
LNU797_H196	nuphar gb166 CK746396_P1	1277	3314	542	92,8	globlaste
LNU797_H197	parthenium 10v1 GW780462_P1	1278	3315	542	92,8	globlaste
LNU797_H198	phalaenopsis 11v1 CB032504_P1	1279	3316	542	92,8	globlaste
LNU797_H199	zostera 10v1 AM766202	1280	3312	542	92,8	globlaste
LNU797_H200	banana 12v1 DN239316_P1	1281	3317	542	92,6	globlaste
LNU797_H201	centeio 12v1 DRR001012.220584	1282	3318	542	92,41	glotblastn
LNU797_H263	olea 13v1 SRR014464X10873D1_P1	1283	3319	542	92,4	globlaste
LGP52_H11	olea 13v1 SRR014463X25018D1_P1	1284	3320	542	92,4	globlaste
LNU797_H202	amorphophallus 11v2 SRR089351X147361_P1	1285	3321	542	92,4	globlaste
LNU797_H203	antirrhinum gb166 AJ798448_P1	1286	3322	542	92,4	globlaste
LNU797_H204	silene 11v1 GH294688	1287	3323	542	92,4	globlaste
LNU797_H205	cycas gb166 DR061950_P1	1288	3324	542	92	globlaste
LNU797_H206	takaco gb162 EB425542	1289	3325	542	92	globlaste
LNU797_H207	euphorbia 11v1 BP961521_T1	1290	3326	542	91,98	glotblastn
LNU797_H208	zamia gb166 FD773811	1291	3327	542	91,6	globlaste
LNU797_H209	lovegrass gb167 EH183763_T1	1292	3328	542	91,14	glotblastn
LNU797_H210	tripterygium 11v1 SRR098677X101097	1293	3329	542	91,1	globlaste
LNU797_H211	vinca 11v1 SRR098690X109756	1294	3330	542	91,1	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU797_H212	banana 12v1 MAGEN2012011862_P1	1295	3331	542	90,7	globlaste
LNU797_H213	clementina 11v1 EY827323_T1	1296	3332	542	90,3	globlastn
LNU797_H214	laranja 11v1 CF835946_T1	1297	3333	542	90,3	globlastn
LGP52_H12	nicotiana_benthiana 12v1 FG198486_P1	1298	3334	542	90,1	globlaste
LNU797_H215	aguilegia 10v2 DR919315_P1	1299	3335	542	90	globlaste
LNU797_H216	oleal 11v1 SRR014463.18338	1300	3336	542	89,8	globlaste
LNU797_H217	petunia gb171 FN002916_P1	1301	3337	542	89,8	globlaste
LNU797_H218	guizotia 10v1 GE558856_P1	1302	3338	542	89,5	globlaste
LNU797_H219	parthenium 10v1 GW785978_P1	1303	3339	542	89,5	globlaste
LNU797_H220	liriodendron gb166 CK757590_T1	1304	3340	542	89,03	globlastn
LNU797_H221	centeio 12v1 DRR001012.749006	1305	3341	542	88,43	globlastn
LNU797_H222	ceratodon 10v1 SRR074890S0022447_P1	1306	3342	542	88,2	globlaste
LGP52_H13	nicotiana_benthiana 12v1 EH620293_T1	1307	3343	542	88,19	globlastn
LNU797_H223	amiroslia 11v1 SRR346943.100828_T1	1308	3344	542	87,76	globlastn
LNU797_H224	fraxinus 11v1 SRR058827.123528_T1	1309	3345	542	87,76	globlastn
LNU797_H225	physcomitrella 10v1 AJ225438_P1	1310	3346	542	87,3	globlaste
LNU797_H226	physcomitrella 10v1 AW699661_P1	1311	3347	542	87,3	globlaste
LNU797_H227	selaгинella gb165 FE508399	1312	3348	542	87,3	globlaste
LNU797_H228	cephalotaxus 11v1 SRR064395X105137_P1	1313	3349	542	86,9	globlaste
LNU797_H229	cryptomeria gb166 BP174342_P1	1314	3350	542	86,9	globlaste
LNU797_H230	pinheiro_maritimo 10v1 BX249273_P1	1315	3351	542	86,9	globlaste
LNU797_H231	pinheiro 10v2 AW587810_P1	1316	3351	542	86,9	globlaste
LNU797_H232	podocarpus 10v1 SRR065014S0007113_P1	1317	3352	542	86,9	globlaste
LNU797_H233	batata 10v1 AJ487384_P1	1318	3353	542	86,9	globlaste
LNU797_H234	sequoia 10v1 SRR065044S00017123	1319	3354	542	86,9	globlaste
LNU797_H235	spruce 11v1 ES249872	1320	3355	542	86,9	globlaste
LNU797_H236	taxus 10v1 SRR032523S0013310	1321	3349	542	86,9	globlaste
LNU797_H237	flaveria 11v1 SRR149232.152816_P1	1322	3356	542	86,5	globlaste
LNU797_H238	pseudotsuga 10v1 SRR065119S0007920	1323	3357	542	86,5	globlaste
LNU797_H239	pteridium 11v1 SRR043594X10900	1324	3358	542	86,5	globlastn
LNU797_H240	marchantia gb166 BJ844657_P1	1325	3359	542	86,1	globlaste
LNU797_H241	soaiolopitys 10v1 SRR065035S0004334	1326	3360	542	86,1	globlaste
LNU797_H242	abies 11v2 SRR098676X104726_P1	1327	3361	542	85,7	globlaste
LNU797_H243	cedrus 11v1 SRR065007X120238_P1	1328	3362	542	85,7	globlaste
LNU797_H244	rabanete gb164 EV532879	1329	3363	542	85,2	globlaste
LNU797_H245	tea 10v1 GT087989	1330	3364	542	85,2	globlaste
LNU797_H246	nicotiana_benthiana gb162 CN747657	1331	3365	542	84,4	globlaste
LNU797_H247	gnetales 10v1 EX949788_P1	1332	3366	542	84	globlaste
LNU797_H248	cana_de_açúcar 10v1 BQ536868	1333	3367	542	83,9	globlaste
LNU797_H249	liquorroz gb171 FS266885_P1	1334	3368	542	83,1	globlaste
LNU797_H250	papoulas 11v1 SRR096789.122184_P1	1335	3369	542	82,7	globlaste
LNU797_H251	rabanete gb164 EV529042	1336	3370	542	82,7	globlaste
LNU797_H252	rabanete gb164 EV539130	1337	3370	542	82,7	globlaste
LNU797_H253	rabanete gb164 EV542996	1338	3371	542	82,7	globlaste
LNU797_H254	cyamopsis 10v1 EG989234_P1	1339	3372	542	82,3	globlaste
LNU797_H255	papoulas 11v1 SRR030267.187266_P1	1340	3373	542	82,3	globlaste
LNU797_H256	flax 11v1 JG084720_T1	1341	3374	542	82,28	globlastn
LNU797_H257	gerbera 09v1 AJ754027_P1	1342	3375	542	81,9	globlaste
LNU797_H258	distylium 11v1 SRR065077X153511_P1	1343	3376	542	81,4	globlaste
LNU797_H259	lovegrass gb167 EH185755_P1	1344	3377	542	81,4	globlaste
LNU797_H260	mirtilo 12v1 SRR353285X11741D1_T1	1345	3378	542	81,01	globlastn
LNU797_H261	papoulas 11v1 SRR096789.253826_T1	1346	3379	542	81,01	globlastn
LNU798_H1	cevada 12v1 BE422159_P1	1347	3380	543	97	globlaste
LNU798_H2	sorgo 12v1 SB02G019500	1348	3381	543	93,8	globlaste
LNU798_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1029445M_P1	1349	3382	543	93,7	globlaste
LNU798_H4	milho 10v1 AI629903_P1	1350	3383	543	93,5	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU798_H5	trigo 12v3 AL819672	1351	3384	543	91,4	globlastp
LNU798_H6	arroz 11v1 AU174198	1352	3385	543	91,2	globlastp
LNU798_H10	capim_chorão 12v1 FE609190_P1	1353	3386	543	91	globlastp
LNU798_H7	trigo 12v3 BQ245545	1354	3387	543	91	globlastp
LNU798_H8	painço 10v1 EVO454PM023052_P1	1355	3388	543	87,3	globlastp
LNU798_H9	trigo 12v3 BG606377	1356	3389	543	85,4	globlastp
LNU799_H1	aveia 11v1 GR338611_P1	1357	3390	544	95,5	globlastp
LNU799_H2	leymus gb166 EG397348_P1	1358	3391	544	93,9	globlastp
LNU799_H3	centeio 12v1 DRR001012_356736	1359	3391	544	93,9	globlastp
LNU799_H4	centeio 12v1 DRR001012_648999	1360	3391	544	93,9	globlastp
LNU799_H5	centeio 12v1 DRR001012_761725	1361	3391	544	93,9	globlastp
LNU799_H6	trigo 12v3 BE403020	1362	3391	544	93,9	globlastp
LNU799_H7	cevada 12v1 BI953338_P1	1363	3392	544	93,5	globlastp
LNU799_H8	arroz 11v1 AU085931	1364	3393	544	91,1	globlastp
LNU799_H9	milho_painço 11v3 PHY7S1030913M_P1	1365	3394	544	84,4	globlastp
LNU799_H10	painço 10v1 PMSLX0021480_P1	1366	3395	544	84,1	globlastp
LNU799_H11	milho 10v1 FL234904_P1	1367	3396	544	84	globlastp
LNU799_H12	milho 10v1 AW076436_P1	1368	3397	544	83,3	globlastp
LNU799_H13	sorgo 12v1 SB02G024130	1369	3398	544	82,9	globlastp
LNU799_H15	capim_chorão 12v1 FE619626_P1	1370	3399	544	82,5	globlastp
LNU799_H14	capim_chorão gb167 FE619626	1371	3400	544	81,7	globlastp
LNU801_H9	capim_chorão 12v1 FL970980_P1	1372	3401	546	93,1	globlastp
LNU801_H1	painço 10v1 EVO454PM000992_P1	1373	3402	546	92,5	globlastp
LNU801_H2	sorgo 12v1 SB03G046360	1374	3403	546	90	globlastp
LNU801_H3	arroz 11v1 BM420996	1375	3404	546	88,79	globlastp
LNU801_H4	milho 10v1 AI734386_P1	1376	3405	546	87,9	globlastp
LNU801_H5	milho 10v1 BE552901_P1	1377	3406	546	87,2	globlastp
LNU801_H6	cevada 12v1 BE412491_P1	1378	3407	546	82,9	globlastp
LNU801_H7	brachypodium 12v1 BRAD12G61240_P1	1379	3408	546	82	globlastp
LNU801_H8	centeio 12v1 DRR001012_134722	1380	3409	546	81,6	globlastp
LNU802_H1	arroz 11v1 C26804	1381	3410	547	91,3	globlastp
LNU802_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1021421M_P1	1382	3411	547	89,1	globlastp
LNU802_H3	arroz 11v1 BF475211	1383	3412	547	88,9	globlastp
LNU802_H20	capim_chorão 12v1 FL702067_P1	1384	3413	547	88,5	globlastp
LNU802_H4	painço 10v1 EVO454PM003455_P1	1385	3414	547	88	globlastp
LNU802_H5	sorgo 12v1 SB09G029750	1386	3415	547	87,8	globlastp
LNU802_H6	brachypodium 12v1 BRAD12G15300T2_P1	1387	3416	547	87,2	globlastp
LNU802_H7	trigo 12v3 BJ257279	1388	3417	547	86,9	globlastp
LNU802_H8	trigo 12v3 SRR073321X559678D1	1389	3417	547	86,9	globlastp
LNU802_H9	cevada 12v1 AV833654_P1	1390	3418	547	86,7	globlastp
LNU802_H10	centeio 12v1 DRR001012_106866	1391	3419	547	86,5	globlastp
LNU802_H11	trigo 12v3 CA497108	1392	3420	547	86,5	globlastp
LNU802_H12	centeio 12v1 DRR001012_119952	1393	3421	547	86,3	globlastp
LNU802_H13	centeio 12v1 DRR001012_141039	1394	3422	547	86,3	globlastp
LNU802_H14	trigo 12v3 SRR043326X44117D1	1395	3423	547	85,7	globlastp
LNU802_H15	centeio 12v1 DRR001012_724073	1396	3424	547	84,84	globlastp
LNU802_H16	centeio 12v1 DRR001012_794078	1397	3425	547	84,63	globlastp
LNU802_H17	centeio 12v1 DRR001012_762098	1398	3426	547	84,6	globlastp
LNU802_H18	aveia 11v1 CN816181_P1	1399	3427	547	83,7	globlastp
LNU802_H19	trigo 12v3 SRR043323X82204D1	1400	3428	547	81,48	globlastp
LNU803_H7	capim_chorão 12v1 FL957205_P1	1401	3429	548	91,1	globlastp
LNU803_H1	painço 10v1 EVO454PM050490_P1	1402	3430	548	89,9	globlastp
LNU803_H8	capim_chorão 12v1 UG811131_P1	1403	3431	548	88,6	globlastp
LNU803_H2	brachypodium 12v1 BRAD12G60317_P1	1404	3432	548	88,6	globlastp
LNU803_H3	capim_chorão gb167 FL957205	1405	3433	548	86,1	globlastp
LNU803_H9	capim_chorão 12v1 SRR364496_92662_T1	1406	3434	548	83,54	globlastp
LNU803_H4	trigo 12v3 SRR043323X35031D1	1407	3435	548	81,2	globlastp
LNU803_H5	milho 10v1 AI629617_P1	1408	3436	548	81	globlastp
LNU803_H6	milho 10v1 AW288544_P1	1409	3436	548	81	globlastp

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU805_H2	capim_chorão 12v1 DN145962_T1	1410	3437	550	80,05	glotblastn
LNU805_H1	capim_chorão gb167 DN145962	1411	3438	550	80	glotblastn
LNU807_H1	sorgo 12v1 SB09G006610	1412	3439	552	96,1	globlastp
LNU807_H12	capim_chorão 12v1 FL935393_P1	1413	3440	552	94,6	globlastp
LNU807_H2	milho 10v1 CD950739_P1	1414	3441	552	93,8	globlastp
LNU807_H3	painço 10v1 EVO454PM000715_P1	1415	3442	552	88	globlastp
LNU807_H4	trigo 12v3 BG605330	1416	3443	552	85,2	globlastp
LNU807_H5	trigo 12v3 CA627721	1417	3444	552	85	globlastp
LNU807_H6	trigo 12v3 SRR043323X42120D1	1418	3444	552	85	globlastp
LNU807_H7	centeio 12v1 DRR001012_103250	1419	3445	552	84,9	globlastp
LNU807_H8	trigo 12v3 CD917464	1420	3446	552	84,7	globlastp
LNU807_H9	brachypodium 12v1 BRADI4G26810_P1	1421	3447	552	84,3	globlastp
LNU807_H10	arroz 11v1 AA753940	1422	3448	552	84,3	globlastp
LNU807_H11	arroz 11v1 BI807965	1423	3449	552	84,3	globlastp
LNU808_H1	painço 10v1 EVO454PM012822_P1	1424	3450	553	95	globlastp
LNU808_H5	capim_chorão 12v1 DN145950_P1	1425	3451	553	94,5	globlastp
LNU808_H2	capim_chorão gb167 DN145950	1426	3451	553	94,5	globlastp
LNU808_H6	capim_chorão 12v1 FL698385_P1	1427	3452	553	93,1	globlastp
LNU808_H3	sorgo 12v1 SB06G033120	1428	3453	553	90	globlastp
LNU808_H4	milho 10v1 CF636626_P1	1429	3454	553	89	globlastp
LNU809_H1	capim_chorão gb167 DN142820	1430	3455	554	93,9	globlastp
LNU809_H2	milho 10v1 BE344743_P1	1431	3456	554	87,9	globlastp
LNU809_H3	sorgo 12v1 SB01G001260	1432	3457	554	87,3	globlastp
LNU809_H4	cana_de_açúcar 10v1 CA110374	1433	3458	554	84,7	globlastp
LNU809_H5	arroz 11v1 BI0306268	1434	3459	554	82,4	globlastp
LNU810_H1	milho_painço 11v3 SICRP020917_P1	1435	3460	555	95,8	globlastp
LNU810_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1012527M_T1	1436	3461	555	94,17	glotblastn
LNU810_H3	milho_painço 11v3 SICRP100316_P1	1437	3462	555	89,2	globlastp
LNU810_H4	painço 10v1 EVO454PM110704_T1	1438	3463	555	86,67	glotblastn
LNU811_H1	cana_de_açúcar 10v1 BU103402	1439	3464	556	81,9	globlastp
LNU811_H2	sorgo 12v1 SB09G001370	1440	3465	556	80,5	globlastp
LNU813_H1	sorgo 12v1 SB01G011930	1441	3466	557	89	globlastp
LNU815_H1	sorgo 12v1 SB03G031180	1442	3467	559	94	globlastp
LNU815_H2	cana_de_açúcar 10v1 CA123143	1443	3468	559	93,4	globlastp
LNU815_H11	capim_chorão 12v1 SRR187765_104957_P1	1444	3469	559	91	globlastp
LNU815_H12	capim_chorão 12v1 FL826760_P1	1445	3470	559	89,3	globlastp
LNU815_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1003141M_P1	1446	3471	559	89,2	globlastp
LNU815_H4	capim_chorão gb167 FL826760	1447	3472	559	88,7	globlastp
LNU815_H5	arroz 11v1 IAU174360	1448	3473	559	88,6	globlastp
LNU815_H6	painço 10v1 PMSLX0006943_P1	1449	3474	559	85,6	globlastp
LNU815_H7	centeio 12v1 DRR001012_175289	1450	3475	559	85	globlastp
LNU815_H8	centeio 12v1 DRR001012_458810	1451	3475	559	85	globlastp
LNU815_H9	brachypodium 12v1 BRADI2G46560_T1	1452	3476	559	83,23	glotblastn
LNU815_H10	trigo 12v3 BE442626	1453	3477	559	82,6	globlastp
LNU816_H5	brachypodium 12v1 BRADI3G53550_P1	1454	3478	560	91,5	globlastp
LNU816_H6	arroz 11v1 CA759966	1455	3479	560	91,1	globlastp
LNU816_H10	centeio 12v1 DRR001014_10485	1456	3480	560	82,1	globlastp
LNU817_H1	sorgo 12v1 SB06G032840	1457	3481	561	91,6	globlastp
LNU817_H2	milho 10v1 AI714648_P1	1458	3482	561	88,9	globlastp
LNU817_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1018613M_P1	1459	3483	561	85,5	globlastp
LNU817_H7	capim_chorão 12v1 FL735544_P1	1460	3484	561	84,7	globlastp
LNU817_H4	cenchrus gb166 EB660297_P1	1461	3485	561	84,1	globlastp
LNU817_H5	capim_chorão gb167 FL735544	1462	3486	561	82,9	globlastp
LNU817_H6	painço 10v1 EVO454PM108926_P1	1463	3487	561	80,1	globlastp
LNU819_H5	capim_chorão 12v1 SRR187765_390310_P1	1464	3488	563	86,8	globlastp
LNU819_H1	milho 10v1 EU946864_P1	1465	3489	563	86,3	globlastp
LNU819_H6	capim_chorão 12v1 FL841069_P1	1466	3490	563	85,7	globlastp
LNU819_H2	capim_chorão gb167 FL841069	1467	3491	563	84,6	globlastp
LNU819_H3	sorgo 12v1 CF759244	1468	3492	563	82,42	glotblastn

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU819_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1031669M_P1	1469	3493	563	80,2	globlastp
LNU820_H1	sorgo 12v1 SB07G028630	1470	3494	564	91,3	globlaste
LNU820_H2	painço 10v1 EVO454PM458338_P1	1471	3495	564	87	globlastp
LNU820_H7	capim_chorão 12v1 FE655496_P1	1472	3496	564	86,4	globlaste
LNU820_H8	capim_chorão 12v1 FE619575_P1	1473	3497	564	86,1	globlaste
LNU820_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1014065M_P1	1474	3498	564	86,1	globlaste
LNU820_H4	capim_chorão gb167 FE619575	1475	3499	564	86,1	globlaste
LNU820_H5	capim_chorão gb167 FE655496	1476	3500	564	81,6	globlaste
LNU820_H6	brachypodium 12v1 BRADI3G39210_P1	1477	3501	564	80,7	globlastp
LNU822_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1011544M_P1	1478	3502	566	94,3	globlastp
LNU822_H2	sorgo 12v1 SB06G001560	1479	3503	566	94,3	globlaste
LNU822_H3	cana_de_açúcar 10v1 CA087712	1480	3503	566	94,3	globlaste
LNU822_H4	trigo 12v3 CA484262	1481	3503	566	94,3	globlaste
LNU822_H17	capim_chorão 12v1 FL830389_P1	1482	3504	566	92,9	globlastp
LNU822_H5	capim_chorão gb167 FL830388	1483	3504	566	92,9	globlaste
LNU822_H6	cynodon 10v1 ES301162_P1	1484	3505	566	91,4	globlaste
LNU822_H7	painço 10v1 EVO454PM225827_P1	1485	3506	566	91,4	globlaste
LNU822_H18	capim_chorão 12v1 FL830388_P1	1486	3507	566	90	globlaste
LNU822_H8	brachypodium 12v1 BRADI5G00560_P1	1487	3508	566	90	globlaste
LNU822_H9	cevada 12v1 BI949537_P1	1488	3509	566	88,6	globlaste
LNU822_H10	arroz 11v1 AA750203	1489	3510	566	88,6	globlaste
LNU822_H11	cynodon 10v1 ES294723_T1	1490	3511	566	87,14	globlastn
LNU822_H12	aveia 11v1 GO594699_P1	1491	3512	566	85,7	globlastp
LNU822_H13	trigo 12v3 BE490468	1492	3513	566	85,7	globlaste
LNU822_H14	trigo 12v3 BI751481	1493	3513	566	85,7	globlastp
LNU822_H15	óleo_de_palma 11v1 SRR190699,168391_P1	1494	3514	566	81,4	globlastp
LNU822_H16	zostera 10v1 SRR057351S0024697	1495	3515	566	80	globlastp
LNU823_H1	sorgo 12v1 SB10G008020	1496	3516	567	96,4	globlaste
LNU823_H2	milho 10v1 AI861542_P1	1497	3517	567	92,7	globlaste
LNU823_H20	capim_chorão 12v1 FE618890_P1	1498	3518	567	90,6	globlaste
LNU823_H21	capim_chorão 12v1 FE626264_P1	1499	3518	567	90,6	globlaste
LNU823_H3	capim_chorão gb167 FE618890	1500	3518	567	90,6	globlaste
LNU823_H4	cynodon 10v1 ES300242_P1	1501	3519	567	89,6	globlaste
LNU823_H5	milho_painço 11v3 PHY7S1007340M_P1	1502	3520	567	89,1	globlaste
LNU823_H6	lovegrass gb167 EH186334_P1	1503	3521	567	87	globlaste
LNU823_H7	painço 10v1 EVO454PM084286_P1	1504	3522	567	86,5	globlaste
LNU823_H8	arroz 11v1 BE230397	1505	3523	567	86	globlaste
LNU823_H9	cana_de_açúcar 10v1 CA098201	1506	3524	567	84,9	globlastp
LNU823_H10	leymus gb166 CD808583_P1	1507	3525	567	83,5	globlaste
LNU823_H11	trigo 12v3 BE416640	1508	3526	567	83,5	globlaste
LNU823_H12	pseudoroegneria gb167 FF347817	1509	3527	567	83	globlaste
LNU823_H13	cerchus gb166 EB656741_P1	1510	3528	567	82,8	globlaste
LNU823_H14	cevada 12v1 BE603265_P1	1511	3529	567	82,5	globlaste
LNU823_H15	aveia 11v1 GO588574_P1	1512	3530	567	81,9	globlaste
LNU823_H16	brachypodium 12v1 BRADI1G45240_P1	1513	3531	567	81,8	globlaste
LNU823_H17	centeio 12v1 BE495527	1514	3532	567	81,6	globlaste
LNU823_H18	centeio 12v1 BE587517	1515	3532	567	81,6	globlaste
LNU823_H19	lolium 10v1 ES700436_P1	1516	3533	567	80,3	globlaste
LNU824_H1	milho 10v1 BE575106_P1	1517	3534	568	97,8	globlastp
LNU824_H5	painço 10v1 EVO454PM005683_P1	1518	3535	568	95,2	globlaste
LNU824_H21	milho 10v1 BE056872_P1	1519	3536	568	89,4	globlastp
LNU824_H27	trigo 12v3 BE400910	1520	3537	568	88	globlaste
LNU824_H28	trigo 12v3 SRR073322X587000D1	1521	3538	568	88	globlastn
LNU824_H29	centeio 12v1 DRR001012,606957	1522	3539	568	87,96	globlastn
LNU824_H30	trigo 12v3 BQ483480	1523	3540	568	87,7	globlaste
LNU824_H37	populus 10v1 BI139016	1524	3541	568	81,3	globlaste
LNU824_H37	populus 13v1 BI139016_P1	1525	3541	568	81,3	globlaste
LNU824_H42	tripterygium 11v1 SRR098677X102165	1526	3542	568	80,78	globlastn
LNU824_H47	banana 12v1 MAGEN2012015228_P1	1527	3543	568	80,5	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. Global	Algor.
LNU824_H49	plátano 11v1 SRR096786X106999_T1	1528	3544	568	80,45	glotblastn
LNU828_H1	sorgo 12v1 SB01G037440	1529	3545	570	93,9	globlaste
LNU828_H2	cana_de_açúcar 10v1 CA069736	1530	3546	570	93,3	globlaste
LNU828_H3	milho 10v1 BI991815_P1	1531	3547	570	88,2	globlaste
LNU828_H4	milho_painço 11v3 EC613572_P1	1532	3548	570	87,5	globlaste
LNU828_H10	capim_chorão 12v1 FE628831_P1	1533	3549	570	86,9	globlaste
LNU828_H5	capim_chorão gb167 FE628831	1534	3549	570	86,9	globlaste
LNU828_H11	capim_chorão 12v1 FE635562_P1	1535	3550	570	86,6	globlaste
LNU828_H6	capim_chorão gb167 FE635562	1536	3550	570	86,6	globlaste
LNU828_H7	painço 10v1 EVO454PM010680_P1	1537	3551	570	84,3	globlaste
LNU828_H8	arroz 11v1 BF430629	1538	3552	570	80,9	globlaste
LNU828_H9	cenchrus gb166 BM084141_P1	1539	3553	570	80,8	globlaste
LNU829_H1	sorgo 12v1 SB10G002790	1540	3554	571	94,5	globlaste
LNU829_H4	milho_painço 11v3 PHY7SI007445M_P1	1541	3555	571	93,8	globlaste
LNU700_H2	capim_chorão 12v1 FE646787_T1	1542	3556	571	92,47	glotblastn
LNU829_H5	capim_chorão gb167 FL894055	1543	-	571	91,1	glotblastn
LNU830_H1	sorgo 12v1 SB05G022780	1544	3557	572	96,9	globlaste
LNU830_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI025963M_P1	1545	3558	572	96,2	globlaste
LNU830_H3	milho 10v1 CD942361_P1	1546	3559	572	95,8	globlaste
LNU830_H13	capim_chorão 12v1 FL692292_T1	1547	3560	572	94,72	glotblastn
LNU830_H14	capim_chorão 12v1 FL694591_P1	1548	3561	572	94,5	globlaste
LNU830_H4	arroz 11v1 BE039844	1549	3562	572	91,9	globlaste
LNU830_H5	brachypodium 12v1 BRAD14G15130_P1	1550	3563	572	90,5	globlaste
LNU830_H6	centeio 12v1 DRR001012,122402	1551	3564	572	89,7	globlaste
LNU830_H7	trigo 12v3 BJ292957	1552	3565	572	89,6	globlaste
LNU830_H8	painço 10v1 EVO454PM046481_P1	1553	3566	572	88,7	globlaste
LNU830_H9	trigo 12v3 SRR400820X1166902D1	1554	3567	572	88,31	glotblastn
LNU830_H10	trigo 12v3 CA640921	1555	3568	572	86,1	globlaste
LNU830_H11	centeio 12v1 DRR001013,178186	1556	3569	572	85,62	glotblastn
LNU830_H12	trigo 12v3 BJ299341	1557	3570	572	80,7	globlaste
LNU832_H3	capim_chorão 12v1 FL740797_T1	1558	3571	574	83,82	glotblastn
LNU832_H1	milho_painço 11v3 PHY7SI005129M_T1	1559	3572	574	83,82	glotblastn
LNU833_H2	capim_chorão gb167 FE608977	1560	3573	575	87,3	globlaste
LNU833_H4	capim_chorão 12v1 FL864642_P1	1561	3574	575	87,1	globlaste
LNU834_H3	capim_chorão 12v1 FE628655_P1	1562	3575	576	88,5	globlaste
LNU834_H4	capim_chorão 12v1 FL721897_P1	1563	3576	576	87,1	globlaste
LNU834_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI032419M_P1	1564	3577	576	84,2	globlaste
LNU835_H1	sorgo 12v1 SB03G036980	1565	3578	577	92,7	globlaste
LNU835_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI001322M_P1	1566	3579	577	87,8	globlaste
LNU835_H3	capim_chorão 12v1 FL816691_P1	1567	3580	577	86	globlaste
LNU835_H4	capim_chorão 12v1 DN148836_T1	1568	3581	577	82,43	glotblastn
LNU837_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA099580	1569	3582	578	93,6	globlaste
LNU837_H3	sorgo 12v1 SB01G044830	1570	3583	578	89,7	globlaste
LNU837_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI036841M_P1	1571	3584	578	81,3	globlaste
LNU838_H1	sorgo 12v1 SB08G016060	1572	3585	579	81,4	globlaste
LNU838_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI022177M_P1	1573	3586	579	80	globlaste
LNU839_H1	sorgo 12v1 SB01G035480	1574	3587	580	94,7	globlaste
LNU839_H6	capim_chorão 12v1 FL711007_P1	1575	3588	580	92,7	globlaste
LNU839_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI034579M_P1	1576	3589	580	90,9	globlaste
LNU839_H3	capim_chorão gb167 FL711007	1577	3590	580	90,26	glotblastn
LNU839_H7	capim_chorão 12v1 FL913070_P1	1578	3591	580	88,6	globlaste
LNU839_H4	cevada 12v1 AK365006_P1	1579	3592	580	83,1	globlaste
LNU839_H5	arroz 11v1 CI197575	1580	3593	580	82,7	globlaste
LNU840_H1	milho 10v1 GRMZM2G126856T01_T1	1581	3594	581	89,53	glotblastn
LNU840_H2	sorgo 12v1 SB01G012580	1582	3595	581	83,58	glotblastn
LNU840_H3	capim_chorão 12v1 SRR187767,717986_P1	1583	3596	581	82,2	globlaste
LNU841_H1	sorgo 12v1 SB08G017100	1584	3597	582	94,3	globlaste
LNU841_H2	sorgo 12v1 XM_002442210	1585	3597	582	94,3	globlaste
LNU841_H3	milho_painço 11v3 PHY7SI023738M_P1	1586	3598	582	93,3	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de lat. global	Algor.
LNU841_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1023743M_P1	1587	3599	582	93,3	gloklaste
LNU841_H17	capim_chorão 12v1 SRR187766,726682_P1	1588	3600	582	92,3	gloklaste
LNU841_H5	sorgo 12v1 SB08G017170	1589	3601	582	90,6	gloklaste
LNU841_H18	capim_chorão 12v1 SRR187768,166352_P1	1590	3602	582	90,4	gloklaste
LNU841_H19	capim_chorão 12v1 FL882657_P1	1591	3603	582	89,4	gloklaste
LNU841_H20	capim_chorão 12v1 SRR187769,1407427_P1	1592	3604	582	86,7	gloklaste
LNU841_H6	milho 10v1 GRMZM2G303536T01_P1	1593	3605	582	84,9	gloklaste
LNU841_H7	cynodon 10v1 ES306830_P1	1594	3606	582	84,6	gloklaste
LNU841_H8	trigo 12v3 CA658370	1595	3607	582	83,8	gloklaste
LNU841_H9	cevada 12v1 HV12v1CRP170116_P1	1596	3608	582	82,9	gloklaste
LNU841_H10	arroz 11v1 BH18730	1597	3609	582	82,9	gloklaste
LNU841_H11	centeio 12v1 DRR001012,239987	1598	3608	582	82,9	gloklaste
LNU841_H12	brachypodium 12v1 BRADI4G05620_P1	1599	3610	582	81,9	gloklaste
LNU841_H13	cynodon 10v1 ES298100_P1	1600	3611	582	81,7	gloklaste
LNU841_H14	centeio 12v1 DRR001012,383938	1601	3612	582	81,7	gloklaste
LNU841_H21	capim_chorão 12v1 SRR187771,1169651_P1	1602	3613	582	81,2	gloklaste
LNU841_H15	brachypodium 12v1 BRADI4G05650_P1	1603	3614	582	81	gloklaste
LNU841_H22	capim_chorão 12v1 SRR187769,117822_P1	1604	3615	582	80,8	gloklaste
LNU841_H16	pseudoroegneria gb167 FF355748	1605	3616	582	80,8	gloklaste
LNU843_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1005850M_P1	1606	3617	583	83,6	gloklaste
LNU843_H1	sorgo 12v1 SB10G014220	1607	3618	583	83,4	gloklaste
LNU843_H3	cevada 12v1 BJ449862_P1	1608	3619	583	80,1	gloklaste
LNU844_H1	sorgo 12v1 SB06G023170	1609	3620	584	86,7	gloklaste
LNU844_H7	capim_chorão 12v1 FE634672_P1	1610	3621	584	84	gloklaste
LNU844_H8	capim_chorão 12v1 FL828787_P1	1611	3622	584	83,7	gloklaste
LNU844_H2	capim_chorão gb167 FE634672	1612	3623	584	83,6	gloklaste
LNU844_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1010995M_P1	1613	3624	584	81,3	gloklaste
LNU844_H4	painço 10v1 EVO454PM170895_P1	1614	3625	584	81	gloklaste
LNU844_H5	brachypodium 12v1 BRADI5G16300_T1	1615	3626	584	80,59	gloklaste
LNU844_H6	milho 10v1 CF632136_P1	1616	3627	584	80	gloklaste
LNU845_H1	sorgo 12v1 SB02G039730	1617	3628	585	91	gloklaste
LNU890_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA092661	1618	3629	586	80,5	gloklaste
LNU890_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA092661	1618	3629	625	88,1	gloklaste
LNU849_H1	arroz 11v1 AF140491	1619	3630	589	98,67	gloklaste
LNU849_H2	cevada 12v1 BM443537_P1	1620	3631	589	87,5	gloklaste
LNU849_H3	leymus gb166 EG396571_P1	1621	3632	589	87,5	gloklaste
LNU849_H4	milho 10v1 AI746262_P1	1622	3633	589	86,7	gloklaste
LNU849_H5	milho_painço 11v3 PHY7S1002848M_P1	1623	3634	589	86,6	gloklaste
LNU849_H6	pseudoroegneria gb167 FF366817	1624	3635	589	86,6	gloklaste
LNU849_H7	centeio 12v1 BE587488	1625	3636	589	86,6	gloklaste
LNU849_H8	centeio 12v1 DRR001012,10525	1626	3636	589	86,6	gloklaste
LNU849_H9	cana_de_açúcar 10v1 CA065802	1627	3637	589	86,6	gloklaste
LNU849_H10	trigo 12v3 BQ483162	1628	3638	589	86,6	gloklaste
LNU849_H17	capim_chorão 12v1 FE636162_P1	1629	3639	589	86,2	gloklaste
LNU849_H11	sorgo 12v1 SB03G030650	1630	3640	589	86,2	gloklaste
LNU849_H18	capim_chorão 12v1 FE625302_P1	1631	3641	589	85,7	gloklaste
LNU849_H12	capim_chorão gb167 FE625301	1632	3642	589	85,7	gloklaste
LNU849_H13	brachypodium 12v1 BRADI2G46060_P1	1633	3643	589	85,3	gloklaste
LNU849_H14	aveia 11v1 GR357640_T1	1634	3644	589	82,59	gloklaste
LNU849_H15	painço 10v1 EVO454PM504671_P1	1635	3645	589	80,8	gloklaste
LNU849_H19	capim_chorão 12v1 FL757304_T1	1636	3646	589	80,36	gloklaste
LNU849_H16	capim_chorão gb167 FL757304	1637	3646	589	80,36	gloklaste
LNU850_H1	milho 10v1 AI677001_P1	1638	3647	590	80,2	gloklaste
LNU852_H1	brachypodium 12v1 BRADI5G21580_P1	1639	3648	592	82	gloklaste
LNU852_H2	aveia 11v1 GR321105_P1	1640	3649	592	81,8	gloklaste
LNU852_H3	cevada 12v1 BF630808_P1	1641	3650	592	81,7	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU852_H4	pseudoroegneria gb167 FF354586	1642	3651	592	80,9	gloklaste
LNU852_H5	trigo 12v3 BE403524	1643	3652	592	80,7	gloklaste
LNU854_H1	arroz 11v1 AA752561	1644	3653	594	95,94	glotblastn
LNU854_H2	milho 10v1 AW330902_P1	1645	3654	594	90,8	gloklaste
LNU854_H3	sorgo 12v1 SB01G007880	1646	3655	594	90,8	gloklaste
LNU854_H22	capim_chorão 12v1 FE619859_P1	1647	3656	594	90,1	gloklaste
LNU854_H4	trigo 12v3 BG604569	1648	3657	594	90	gloklaste
LNU854_H5	centeio 12v1 DRR001012_108381	1649	3658	594	87,99	glotblastn
LNU854_H6	capim_chorão gb167 FE619859	1650	3659	594	87,8	gloklaste
LNU854_H7	milho_painço 11v3 PHY7S1034415M_P1	1651	3660	594	86,4	gloklaste
LNU854_H8	banana 12v1 GFXAC186756X17_P1	1652	3661	594	82,9	gloklaste
LNU854_H9	banana 12v1 BBS110T3_P1	1653	3662	594	82,7	gloklaste
LNU854_H10	banana 12v1 MAGEN2012031765_T1	1654	3663	594	81,24	glotblastn
LNU854_H11	carvalho 10v1 CU640269_P1	1655	3664	594	80,3	gloklaste
LNU854_H12	arabidopsis_jyrata 09v1 JGIAL026584_P1	1656	3665	594	80,2	gloklaste
LNU854_H13	lb_uncea 12v1 E6ANDIZ01BGQGU_P1	1657	3666	594	80,2	gloklaste
LNU854_H14	lb_rapa 11v1 CD832802_P1	1658	3666	594	80,2	gloklaste
LNU854_H15	canola 11v1 EE459921_P1	1659	3666	594	80,2	gloklaste
LNU854_H16	eucalipto 11v2 SRR001659X91383_P1	1660	3667	594	80,2	gloklaste
LNU854_H17	lb_uncea 12v1 AJ561120_P1	1661	3668	594	80,1	gloklaste
LNU854_H18	phalaenopsis 11v1 SRR125771_100605_P1	1662	3669	594	80,1	gloklaste
LNU854_H19	arabidopsis 10v1 AT4G16370_T1	1663	3670	594	80,05	glotblastn
LNU854_H20	solanum_gheureja 09v1 SPHA1774365	1664	3671	594	80,05	glotblastn
LNU854_H21	thellungiella_parvatum 11v1 BY803192	1665	3672	594	80	glotblastn
LNU856_H2	capim_chorão gb167 FE644937	1666	3673	595	91,45	glotblastn
LNU856_H7	milho 10v1 BM896061_P1	1667	3674	595	87,9	gloklaste
LNU861_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1013407M_T1	1668	3675	598	97,26	glotblastn
LNU861_H2	milho 10v1 CD438306_T1	1669	3676	598	94,32	glotblastn
LNU861_H4	arroz 11v1 CK071575	1670	3677	598	89,82	glotblastn
LNU861_H5	arroz 11v1 SOLX00081332	1671	3677	598	89,82	glotblastn
LNU861_H6	brachypodium 12v1 BRADI3G37580_T1	1672	3678	598	89,67	glotblastn
LNU861_H7	centeio 12v1 DRR001012_202554	1673	3679	598	89,28	glotblastn
LNU861_H8	cevada 12v1 CA028638_T1	1674	3680	598	89,24	glotblastn
LNU861_H9	arroz 11v1 CA756830	1675	3681	598	82,97	glotblastn
LNU861_H10	arroz 11v1 CK008076	1676	3682	598	82,97	glotblastn
LNU861_H11	milho_painço 11v3 PHY7S1031891M_T1	1677	3683	598	82,36	glotblastn
LNU861_H12	trigo 12v3 SRR073321X296640D1	1678	3684	598	81,5	gloklaste
LNU861_H13	cevada 12v1 CA008529_T1	1679	3685	598	81,41	glotblastn
LNU861_H14	milho 10v1 DN222557_T1	1680	3686	598	80,93	glotblastn
LNU861_H15	brachypodium 12v1 BRADI4G31270_T1	1681	3687	598	80,58	glotblastn
LNU861_H16	sorgo 12v1 SB02G025750	1682	3688	598	80,5	glotblastn
LNU861_H17	milho 10v1 EE160122_T1	1683	3689	598	80,15	glotblastn
LNU862_H1	sorgo 12v1 SB08G001030	1684	3690	599	94,5	gloklaste
LNU862_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1009715M_P1	1685	3691	599	93,8	gloklaste
LNU862_H2	capim_chorão gb167 FL705388	1686	3692	599	93,7	gloklaste
LNU862_H16	capim_chorão 12v1 FE626506_P1	1687	3693	599	93,3	gloklaste
LNU862_H6	milho_painço 11v3 PHY7S1026163M_P1	1688	3694	599	92,8	gloklaste
LNU862_H7	painço 10v1 EVO454PM031355_P1	1689	3695	599	91,9	gloklaste
LNU862_H5	painço 10v1 EVO454PM017321_P1	1690	3696	599	90,2	gloklaste
LNU862_H4	milho 10v1 CO449955_P1	1691	3697	599	89,5	gloklaste
LNU862_H8	arroz 11v1 BI806647	1692	3698	599	87,7	gloklaste
LNU862_H9	arroz 11v1 CK041467	1693	3699	599	86,82	glotblastn
LNU862_H12	trigo 12v3 BE424023	1694	3700	599	82,5	gloklaste
LNU862_H11	brachypodium 12v1 BRADI4G26590_P1	1695	3701	599	82,3	gloklaste
LNU862_H14	centeio 12v1 DRR001012_223104	1696	3702	599	82	gloklaste
LNU864_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA284192	1697	3703	600	88,1	gloklaste
LNU864_H2	milho 10v1 BG841837_P1	1698	3704	600	83,3	gloklaste
LNU864_H3	milho 10v1 BM074912_P1	1699	3705	600	82	gloklaste
LNU864_H4	capim_chorão gb167 FL763699	1700	3706	600	82	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU864_H7	capim_chorão 12v1 FL763699_T1	1701	3707	600	81,97	glotblast
LNU864_H5	milho_painço 11v3 PHY7S1003614M_T1	1702	3708	600	80	glotblast
LNU864_H6	milho_painço 11v3 SOLX00021347_T1	1703	-	600	80	glotblast
LNU865_H4	capim_chorão 12v1 FL867036_P1	1704	3709	601	90,7	gloklaste
LNU865_H5	capim_chorão 12v1 FL693600_P1	1705	3710	601	90,1	gloklaste
LNU865_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1019927M_P1	1706	3711	601	89,6	gloklaste
LNU865_H2	milho 10v1 AW056335_P1	1707	3712	601	87	gloklaste
LNU865_H3	brachypodium 12v1 BRADI3G55730_P1	1708	3713	601	80,6	gloklaste
LNU867_H1	milho 10v1 AI622284_P1	1709	3714	603	95,4	gloklaste
LNU867_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1034422M_P1	1710	3715	603	91,4	gloklaste
LNU867_H6	capim_chorão 12v1 FE639293_P1	1711	3716	603	88,8	gloklaste
LNU867_H3	arroz 11v1 AU065908	1712	3717	603	85,1	gloklaste
LNU867_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G04830_P1	1713	3718	603	84,5	gloklaste
LNU867_H5	centeio 12v1 DRR001012_163223	1714	3719	603	83,4	gloklaste
LNU867_H7	capim_chorão 12v1 DN143060_T1	1715	3720	603	80,57	glotblast
LNU868_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA093083	1716	3721	604	89,96	glotblast
LNU868_H2	milho 10v1 AI947616_P1	1717	3722	604	89,2	gloklaste
LNU868_H9	capim_chorão 12v1 FL739389_P1	1718	3723	604	88,8	gloklaste
LNU868_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1037194M_P1	1719	3724	604	88,8	gloklaste
LNU868_H4	capim_chorão glb167 FL739389	1720	3723	604	88,8	gloklaste
LNU868_H5	cenchrus glb166 BM084505_P1	1721	3725	604	88	gloklaste
LNU868_H6	capim_chorão glb167 FL693838	1722	3726	604	88	gloklaste
LNU868_H10	capim_chorão 12v1 FL693838_T1	1723	3727	604	87,95	glotblast
LNU868_H7	painço 10v1 PMSLX0030911D1_P1	1724	3728	604	86,7	gloklaste
LNU868_H8	arroz 11v1 OSU16747	1725	3729	604	80,6	gloklaste
LNU869_H1	milho 10v1 BM266786_T1	1726	3730	605	84,71	glotblast
LNU870_H2	milho 10v1 CB616889_P1	1727	3731	606	93,7	gloklaste
LNU870_H5	capim_chorão 12v1 FL933190_P1	1728	3732	606	89,8	gloklaste
LNU870_H6	capim_chorão 12v1 FL689654_P1	1729	3733	606	89	gloklaste
LNU870_H3	milho 10v1 DR811947_P1	1730	3734	606	87,3	gloklaste
LNU870_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G07390_P1	1731	3735	606	83,6	gloklaste
LNU870_H7	arroz 11v1 GFXAC107207X23_P1	1732	3736	606	80,8	gloklaste
LNU871_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA073953	1733	3737	607	97,59	glotblast
LNU871_H2	milho 10v1 H35900_P1	1734	3738	607	97	gloklaste
LNU871_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1035239M_P1	1735	3739	607	92,2	gloklaste
LNU871_H4	painço 10v1 EVO454PM012409_P1	1736	3740	607	90,8	gloklaste
LNU871_H5	brachypodium 12v1 BRADI3G38220_P1	1737	3741	607	88,8	gloklaste
LNU871_H6	capim_chorão glb167 DN150454	1738	3742	607	88,2	gloklaste
LNU871_H10	capim_chorão 12v1 DN150454_P1	1739	3743	607	88	gloklaste
LNU871_H7	trigo 12v3 CA663733	1740	3744	607	84,8	gloklaste
LNU871_H8	trigo 12v3 BQ240433	1741	3745	607	84,6	gloklaste
LNU871_H9	centeio 12v1 DRR001012_137460	1742	3746	607	84,34	glotblast
LNU872_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA074015	1743	3747	608	99	gloklaste
LNU872_H2	trigo 12v3 CA486412	1744	3748	608	99	gloklaste
LNU872_H3	milho 10v1 T70637_P1	1745	3749	608	96,7	gloklaste
LNU872_H4	milho 10v1 AI714486_P1	1746	3750	608	95,7	gloklaste
LNU872_H5	capim_chorão glb167 FL766492	1747	3751	608	94,4	gloklaste
LNU872_H6	cenchrus glb166 BM083980_P1	1748	3752	608	93,9	gloklaste
LNU872_H7	painço 10v1 CD724561_P1	1749	3753	608	93,9	gloklaste
LNU872_H8	milho_painço 11v3 PHY7S1037482M_P1	1750	3754	608	92,9	gloklaste
LNU872_H9	capim_chorão glb167 FE626012	1751	3755	608	91,6	gloklaste
LNU872_H10	aveia 11v1 GO591754_P1	1752	3756	608	88,7	gloklaste
LNU872_H11	centeio 12v1 DRR001012_107218XX1	1753	3757	608	88,7	gloklaste
LNU872_H12	centeio 12v1 DRR001012_112003	1754	3757	608	88,7	gloklaste
LNU872_H13	cynodon 10v1 ES292020_P1	1755	3758	608	88,6	gloklaste
LNU872_H14	arroz 11v1 BI806552	1756	3759	608	88,3	gloklaste
LNU872_H15	cevada 12v1 BE412496_P1	1757	3760	608	87,8	gloklaste
LNU872_H16	trigo 12v3 BE430362	1758	3761	608	87,8	gloklaste
LNU872_H17	pseudoroegneria glb167 FF346564	1759	3762	608	87,3	gloklaste
LNU872_H18	brachypodium 12v1 BRADI1G11830_P1	1760	3763	608	87,1	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU872_H19	lovegrass gb167 EH183935_T1	1761	3764	608	85,51	glotblastn
LNU873_H1	milho 10v1 CD969989_P1	1762	3765	609	88,7	globlaste
LNU873_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI038649M_P1	1763	3766	609	83,1	globlaste
LNU873_H4	capim_chorão 12v1 FL842367_T1	1764	3767	609	82,55	glotblastn
LNU873_H5	capim_chorão 12v1 FL842366_P1	1765	3768	609	82,1	globlaste
LNU873_H3	milho_painço 11v3 SIFRD087917_T1	1766	3769	609	81,03	glotblastn
LNU874_H1	milho 10v1 AW308694_P1	1767	3770	610	97	globlaste
LNU874_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI033940M_P1	1768	3771	610	93,6	globlaste
LNU874_H3	brachypodium 12v1 BRADI1G15377_P1	1769	3772	610	88,1	globlaste
LNU874_H4	trigo 12v3 BM137286	1770	3773	610	87,6	globlaste
LNU874_H5	arroz 11v1 BI797720	1771	3774	610	86,3	globlaste
LNU874_H6	trigo 12v3 SRR043326X71705D1	1772	3775	610	80,7	globlaste
LNU875_H1	milho 10v1 AI600310_P1	1773	3776	611	96,3	globlaste
LNU875_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI034375M_P1	1774	3777	611	92,2	globlaste
LNU875_H9	capim_chorão 12v1 FL692975_P1	1775	3778	611	91,7	globlaste
LNU875_H3	arroz 11v1 GFXAC025296X19	1776	3779	611	86,9	globlaste
LNU875_H4	centeio 12v1 DRR001012,181409	1777	3780	611	86,3	globlaste
LNU875_H5	trigo 12v3 CA609528	1778	3781	611	86,2	globlaste
LNU875_H6	trigo 12v3 CJ953973	1779	3782	611	86,2	globlaste
LNU875_H7	trigo 12v3 BE417057	1780	3783	611	85,8	globlaste
LNU875_H8	brachypodium 12v1 BRADI3G30830_P1	1781	3784	611	84,5	globlaste
LNU878_H1	milho_painço 11v3 PHY7SI038002M_P1	1782	3785	613	96,2	globlaste
LNU878_H2	milho 10v1 BE511455_P1	1783	3786	613	95,5	globlaste
LNU878_H16	capim_chorão 12v1 DN141295_P1	1784	3787	613	94,7	globlaste
LNU878_H3	milho 10v1 AI947516_P1	1785	3788	613	94,7	globlaste
LNU878_H4	painço 10v1 EVO454PM069646_P1	1786	3789	613	94,7	globlaste
LNU878_H5	capim_chorão gb167 DN141295	1787	3787	613	94,7	globlaste
LNU878_H6	cana_de_açúcar 10v1 CA084602	1788	3790	613	94	globlaste
LNU878_H7	capim_chorão gb167 FE658531	1789	3791	613	94	globlaste
LNU878_H8	cenchrus gb166 EB665787_T1	1790	3792	613	90,98	glotblastn
LNU878_H9	arroz 11v1 BE040893	1791	3793	613	84,4	globlaste
LNU878_H10	pseudoroegneria gb167 FF366886	1792	3794	613	82,2	globlaste
LNU878_H11	brachypodium 12v1 BRADI1G62860_P1	1793	3795	613	81,6	globlaste
LNU878_H12	cevada 12v1 BE455249_P1	1794	3796	613	80,9	globlaste
LNU878_H13	pseudoroegneria gb167 FF349713	1795	3797	613	80,9	globlaste
LNU878_H14	centeio 12v1 BE636984	1796	3798	613	80,7	globlaste
LNU878_H15	trigo 12v3 CA655678	1797	3799	613	80,7	globlaste
LNU879_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA112170	1798	3800	614	96,8	globlaste
LNU879_H2	milho 10v1 BG517175_P1	1799	3801	614	95,5	globlaste
LNU879_H3	cynodon 10v1 ES301377_P1	1800	3802	614	89	globlaste
LNU879_H4	trigo 12v3 BE426554	1801	3803	614	84	globlaste
LNU879_H8	capim_chorão 12v1 HO253185_T1	1802	3804	614	83,18	glotblastn
LNU879_H5	arroz 11v1 BI306445	1803	3805	614	83	globlaste
LNU879_H6	cevada 12v1 BJ454262_P1	1804	3806	614	82,2	globlaste
LNU879_H7	brachypodium 12v1 BRADI1G67110_P1	1805	3807	614	81,7	globlaste
LNU880_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA065186	1806	3808	615	96,5	globlaste
LNU880_H2	milho 10v1 AI600362_P1	1807	3809	615	95,1	globlaste
LNU880_H3	milho_painço 11v3 PHY7SI035863M_P1	1808	3810	615	94,3	globlaste
LNU880_H10	capim_chorão 12v1 FE601297_P1	1809	3811	615	93,6	globlaste
LNU880_H4	capim_chorão gb167 FE601297	1810	3812	615	92,9	globlaste
LNU880_H11	capim_chorão 12v1 FL761681_P1	1811	3813	615	91,7	globlaste
LNU880_H5	brachypodium 12v1 BRADI1G74650_P1	1812	3814	615	82,6	globlaste
LNU880_H6	arroz 11v1 BM037902	1813	3815	615	82,6	globlaste
LNU880_H7	trigo 12v3 BF483896	1814	3816	615	81,9	globlaste
LNU880_H8	centeio 12v1 DRR001012,109304	1815	3817	615	81,4	globlaste
LNU880_H9	centeio 12v1 DRR001012,101331	1816	3818	615	81,2	globlaste
LNU881_H1	milho 10v1 AI622122_P1	1817	3819	616	88,2	globlaste
LNU881_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI034179M_P1	1818	3820	616	83	globlaste
LNU881_H3	capim_chorão 12v1 FE597492_P1	1819	3821	616	80,5	globlaste
LNU882_H1	milho 10v1 BM072852_P1	1820	3822	617	93,7	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU882_H2	milho_painço 11v3 EC612475_P1	1821	3823	617	91,9	globlaste
LNU882_H3	painço 10v1 EVO454PM047888_P1	1822	3824	617	91,5	globlaste
LNU882_H4	arroz 11v1 B1796737	1823	3825	617	89,4	globlaste
LNU882_H5	cevada 12v1 BF064865_P1	1824	3826	617	88,1	globlaste
LNU882_H6	centeio 12v1 DRR001012_119640	1825	3827	617	87,6	globlaste
LNU882_H7	brachypodium 12v1 BRADI1G76280_P1	1826	3828	617	86,5	globlaste
LNU883_H1	milho_painço 11v3 PHY7SI034726M_P1	1827	3829	618	95,2	globlaste
LNU883_H2	milho 10v1 CO529769_P1	1828	3830	618	94,7	globlaste
LNU883_H3	arroz 11v1 B1803402	1829	3831	618	91	globlaste
LNU883_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G76640_T1	1830	3832	618	84,29	globlaste
LNU883_H5	trigo 12v3 CJ904265	1831	3833	618	82,1	globlaste
LNU884_H1	milho 10v1 A1666123_P1	1832	3834	619	91,8	globlaste
LNU884_H4	capim_chorão 12v1 FL810399_P1	1833	3835	619	87,6	globlaste
LNU884_H2	capim_chorão gb167 FL692715	1834	3836	619	87,6	globlaste
LNU884_H5	capim_chorão 12v1 FL692715_P1	1835	3837	619	86,6	globlaste
LNU884_H3	milho_painço 11v3 EC613926_P1	1836	3838	619	85,9	globlaste
LNU885_H1	milho 10v1 AA979999_P1	1837	3839	620	98,9	globlaste
LNU885_H2	milho 10v1 A1932058_P1	1838	3840	620	98,3	globlaste
LNU885_H3	capim_chorão gb167 FE598943	1839	3841	620	98,1	globlaste
LNU885_H156	capim_chorão 12v1 FE598943_P1	1840	3842	620	97,9	globlaste
LNU885_H4	cenchrus gb166 EB653919_P1	1841	3843	620	97,9	globlaste
LNU885_H5	sorgo 12v1 SB10G022220	1842	3844	620	97,9	globlaste
LNU885_H6	milho_painço 11v3 PHY7SI006215M_P1	1843	3845	620	97,8	globlaste
LNU885_H157	capim_chorão 12v1 FE604237_P1	1844	3846	620	97,6	globlaste
LNU885_H7	milho_painço 11v3 PHY7SI029447M_P1	1845	3847	620	97,6	globlaste
LNU885_H8	painço 10v1 EVO454PM002715_P1	1846	3848	620	97,6	globlaste
LNU885_H158	capim_chorão 12v1 FE617027_P1	1847	3849	620	97,2	globlaste
LNU885_H9	capim_chorão gb167 FE617027	1848	3849	620	97,2	globlaste
LNU885_H10	arroz 11v1 AA753506	1849	3850	620	95,7	globlaste
LNU885_H11	brachypodium 12v1 BRADI1G37790_P1	1850	3851	620	94,6	globlaste
LNU885_H12	brachypodium 12v1 BRADI3G33860_P1	1851	3852	620	93,1	globlaste
LNU885_H159	capim_chorão 12v1 FE603637_P1	1852	3853	620	92,3	globlaste
LNU885_H13	morango 11v1 CO381502	1853	3854	620	92,3	globlaste
LNU885_H14	aveia 11v1 CN815217_P1	1854	3855	620	92,1	globlaste
LNU885_H15	batata 10v1 BG593674_P1	1855	3856	620	92,1	globlaste
LNU885_H16	tomate 11v1 BG129608	1856	3857	620	92,1	globlaste
LNU885_H17	liriodendron gb166 CK755344_P1	1857	3858	620	92	globlaste
LNU885_H18	aveia 11v1 CN817660_P1	1858	3859	620	92	globlaste
LNU885_H19	óleo_de_palma 11v1 EL684287_P1	1859	3860	620	92	globlaste
LNU885_H20	takao gb162 BQ842866	1860	3861	620	92	globlaste
LNU885_H21	melancia 11v1 X85013	1861	3862	620	92	globlaste
LNU885_H160	nicotiana_benthiana 12v1 EB446376_P1	1862	3863	620	91,8	globlaste
LNU885_H22	pepino 09v1 X85013_P1	1863	3864	620	91,8	globlaste
LNU885_H23	centeio 12v1 BG264101	1864	3865	620	91,8	globlaste
LNU885_H24	centeio 12v1 DRR001012_133776	1865	3865	620	91,8	globlaste
LNU885_H25	solanum_phureja 09v1 SPHBG129608	1866	3866	620	91,6	globlaste
LNU885_H26	trigo 12v3 BE404507	1867	3867	620	91,6	globlaste
LNU885_H27	trigo 12v3 BE406710	1868	3867	620	91,6	globlaste
LNU885_H161	prunus_mume 13v1 BU044204_P1	1869	3868	620	91,4	globlaste
LNU885_H28	aristolochia 10v1 SRR039082S0002361_T1	1870	3869	620	91,4	globlaste
LNU885_H29	eucalipto 11v2 CD669053_P1	1871	3870	620	91,4	globlaste
LNU885_H30	óleo_de_palma 11v1 EL681083_P1	1872	3871	620	91,4	globlaste
LNU885_H31	amendoim 10v1 EE126045_P1	1873	3872	620	91,4	globlaste
LNU885_H32	phalaenopsis 11v1 CB032203XX1_P1	1874	3873	620	91,4	globlaste
LNU885_H162	mimulus 12v1 DV206835_P1	1875	3874	620	91,2	globlaste
LNU885_H33	amorphophallus 11v2 SRR089351X17307_8_P1	1876	3875	620	91,2	globlaste
LNU885_H34	catharanthus 11v1 SRR098691X112848_P1	1877	3876	620	91,2	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU885_H35	flaveria 11v1 SRR149229,103924_P1	1878	3877	620	91,2	globlastp
LNU885_H36	flaveria 11v1 SRR149229,114493_P1	1879	3877	620	91,2	globlastp
LNU885_H37	mimulus 10v1 DV206835	1880	3874	620	91,2	globlastp
LNU885_H38	carvalho 10v1 DN950673_P1	1881	3878	620	91,2	globlastp
LNU885_H39	plantaço 11v2 SRR066373X102202_P1	1882	3879	620	91,2	globlastp
LNU885_H40	trigo 12v3 BE403876	1883	3880	620	91,2	globlastp
LNU885_H41	banana 12v1 BBS44073_P1	1884	3881	620	91	globlastp
LNU885_H42	cacau 10v1 CA796831_P1	1885	3882	620	91	globlastp
LNU885_H43	maníoca 09v1 CK643413_P1	1886	3883	620	91	globlastp
LNU885_H44	castanha gb170 SRR006295S0006601_P1	1887	3884	620	91	globlastp
LNU885_H45	cirsium 11v1 SRR346952,128271_P1	1888	3885	620	91	globlastp
LNU885_H46	alfafa 12v1 DWD044389_P1	1889	3886	620	91	globlastp
LNU885_H47	grunus 10v1 BU044204	1890	3887	620	91	globlastp
LNU885_H48	capim_chorão gb167 FE604237	1891	3888	620	91	globlastp
LNU885_H163	mamona 12v1 T15265_P1	1892	3889	620	90,8	globlastp
LNU885_H49	artemisia 10v1 EY033790_P1	1893	3890	620	90,8	globlastp
LNU885_H50	maníoca 09v1 CK647990_P1	1894	3891	620	90,8	globlastp
LNU885_H51	mamona 11v1 T15265	1895	3889	620	90,8	globlastp
LNU885_H52	euphorbia 11v1 AW990924_P1	1896	3892	620	90,8	globlastp
LNU885_H53	flaveria 11v1 SRR149232,246685_P1	1897	3893	620	90,8	globlastp
LNU885_H54	gossypium_rajmondii 12v1 DT557120_P1	1898	3894	620	90,8	globlastp
LNU885_H55	uva 11v1 BMA37210_P1	1899	3895	620	90,8	globlastp
LNU885_H56	soja 11v1 GLYMA11G37630	1900	3896	620	90,8	globlastp
LNU885_H56	soja 12v1 GLYMA11G37630_P1	1901	3896	620	90,8	globlastp
LNU885_H164	olea 13v1 SRR014463X5185601_P1	1902	3897	620	90,7	globlastp
LNU885_H57	maçã 11v1 CN490098_P1	1903	3898	620	90,7	globlastp
LNU885_H58	clementina 11v1 CF417075_P1	1904	3899	620	90,7	globlastp
LNU885_H59	algodão 11v1 AI054652_P1	1905	3900	620	90,7	globlastp
LNU885_H60	laranja 11v1 CF417075_P1	1906	3899	620	90,7	globlastp
LNU885_H61	soja 11v1 GLYMA18G01580	1907	3901	620	90,7	globlastp
LNU885_H61	soja 12v1 GLYMA18G01580_P1	1908	3901	620	90,7	globlastp
LNU885_H62	amborella 12v3 FD432979_P1	1909	3902	620	90,5	globlastp
LNU885_H63	amsonia 11v1 SRR098688X101304_P1	1910	3903	620	90,5	globlastp
LNU885_H64	maçã 11v1 CN489384_P1	1911	3904	620	90,5	globlastp
LNU885_H65	aquilegia 10v2 DR937313_P1	1912	3905	620	90,5	globlastp
LNU885_H66	centaurea gb166 EH713231_P1	1913	3906	620	90,5	globlastp
LNU885_H67	cichorium gb171 EH673881_P1	1914	3907	620	90,5	globlastp
LNU885_H68	cirsium 11v1 SRR346952,1001022_P1	1915	3906	620	90,5	globlastp
LNU885_H69	feijão_fratinho 12v1 FF387653_P1	1916	3908	620	90,5	globlastp
LNU885_H70	eschscholzia 11v1 CD476599_P1	1917	3909	620	90,5	globlastp
LNU885_H71	eschscholzia 11v1 CD478545_P1	1918	3910	620	90,5	globlastp
LNU885_H72	feijão_guanaju 11v1 SRR054580X107320_P1	1919	3911	620	90,5	globlastp
LNU885_H73	centeio 12v1 DRR001012,135185	1920	3912	620	90,5	globlastp
LNU885_H74	triphysaria 10v1 DR174094	1921	3913	620	90,5	globlastp
LNU885_H165	mimulus 12v1 DV209559_P1	1922	3914	620	90,3	globlastp
LNU885_H75	ambrosia 11v1 SRR346935,112544_P1	1923	3915	620	90,3	globlastp
LNU885_H76	ambrosia 11v1 SRR346935,130001_P1	1924	3916	620	90,3	globlastp
LNU885_H77	amíca 11v1 SRR099034X108499_P1	1925	3917	620	90,3	globlastp
LNU885_H78	banana 12v1 FF558852_P1	1926	3918	620	90,3	globlastp
LNU885_H79	mirtilo 12v1 CV090498_P1	1927	3919	620	90,3	globlastp
LNU885_H80	mimulus 10v1 DV209559	1928	3914	620	90,3	globlastp
LNU885_H81	trigonella 11v1 SRR066194X112617	1929	3920	620	90,3	globlastp
LNU885_H82	triphysaria 10v1 BM357149	1930	3921	620	90,3	globlastp
LNU885_H83	amíca 11v1 SRR099034X107278_T1	1931	3922	620	90,28	globlastn
LNU885_H84	orokancho 10v1 SRR023189S0002711_T1	1932	3923	620	90,28	globlastn
LNU885_H85	ambrosia 11v1 SRR346935,225484_P1	1933	3924	620	90,1	globlastp
LNU885_H86	euonymus 11v1 SRR070038X106031_P1	1934	3925	620	90,1	globlastp
LNU885_H87	gossypium_rajmondii 12v1 AI725994_P1	1935	3926	620	90,1	globlastp

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU885_H88	medicago 12v1 AW256519_P1	1936	3927	620	90,1	globlaste
LNU885_H89	spruce 11v1 EF678303	1937	3928	620	90,1	globlaste
LNU885_H90	spruce 11v1 ES226997	1938	3929	620	90,1	globlaste
LNU885_H91	spruce 11v1 EX358693	1939	3930	620	90,1	globlaste
LNU885_H166	feijão 12v2 CA898352_P1	1940	3931	620	89,9	globlaste
LNU885_H92	feijão 12v1 CA898352	1941	3931	620	89,9	globlaste
LNU885_H93	faia 11v1 SRR006293_13457_P1	1942	3932	620	89,9	globlaste
LNU885_H94	chelonium 11v1 SRR084752X103249_P1	1943	3933	620	89,9	globlaste
LNU885_H95	algodão 11v1 AI725994_P1	1944	3934	620	89,9	globlaste
LNU885_H96	alfafa 12v1 DW066578_P1	1945	3935	620	89,9	globlaste
LNU885_H97	papoulas 11v1 SRR030259_334416_P1	1946	3936	620	89,9	globlaste
LNU885_H98	tripterygium 11v1 SRR098677X103558	1947	3937	620	89,9	globlaste
LNU885_H167	grão-de-bico 13v2 ES560343_P1	1948	3938	620	89,7	globlaste
LNU885_H99	abies 11v2 SRR098676X100633_P1	1949	3939	620	89,7	globlaste
LNU885_H100	uva 11v1 GSVIVT01000590001_P1	1950	3940	620	89,7	globlaste
LNU885_H101	pinheiro 10v2 AW011601_P1	1951	3941	620	89,7	globlaste
LNU885_H102	pseudotsuga 10v1 SRR065119S0006094	1952	3942	620	89,7	globlaste
LNU885_H103	safflower gb162 EL375744	1953	3943	620	89,7	globlaste
LNU885_H104	girassol 12v1 CD851729	1954	3944	620	89,7	globlaste
LNU885_H105	vinca 11v1 SRR098690X103497	1955	3945	620	89,7	globlaste
LNU885_H106	solanum_phureja 09v1 SPHBE920118	1956	3946	620	89,6	globlaste
LNU885_H107	pinheiro_marítimo 10v1 BX251751_P1	1957	3947	620	89,5	globlaste
LNU885_H108	papoulas 11v1 FE964991_P1	1958	3948	620	89,5	globlaste
LNU885_H109	rabanete gb164 EV546967	1959	3949	620	89,5	globlaste
LNU885_H110	valeriana 11v1 SRR099039X104384	1960	3950	620	89,5	globlaste
LNU885_H111	cirsium 11v1 SRR346952_209008_P1	1961	3951	620	89,4	globlaste
LNU885_H112	le_rapa 11v1 CD827580_P1	1962	3952	620	89,3	globlaste
LNU885_H113	canola 11v1 CN735656_P1	1963	3953	620	89,3	globlaste
LNU885_H114	canola 11v1 DY011412_P1	1964	3954	620	89,3	globlaste
LNU885_H115	canola 11v1 EE444048_P1	1965	3955	620	89,3	globlaste
LNU885_H116	populus 10v1 AI162097	1966	3956	620	89,3	globlaste
LNU885_H116	populus 13v1 AI162097_P1	1967	3956	620	89,3	globlaste
LNU885_H117	thellungiella_halophilum 11v1 DN774318	1968	3957	620	89,3	globlaste
LNU885_H118	vinca 11v1 SRR098690X104249	1969	3958	620	89,3	globlaste
LNU885_H119	le_juncea 12v1 E6ANDIZ01AULG5_P1	1970	3959	620	89,2	globlaste
LNU885_H120	le_rapa 11v1 CD815423_P1	1971	3960	620	89,2	globlaste
LNU885_H121	canola 11v1 DY006806_P1	1972	3961	620	89,2	globlaste
LNU885_H122	rabanete gb164 EW731499	1973	3962	620	89,2	globlaste
LNU885_H123	jasmin 11v1 SRR098689X100123	1974	3963	620	89,2	globlaste
LNU885_H124	tripterygium 11v1 SRR098677X106478	1975	3964	620	89,2	globlaste
LNU885_H125	amírosia 11v1 SRR346935_160786_T1	1976	3965	620	89,16	globlaste
LNU885_H126	arakidopsis_jyrata 09v1 JGIAL002814_P1	1977	3966	620	89	globlaste
LNU885_H127	le_rapa 11v1 CX188616_P1	1978	3967	620	89	globlaste
LNU885_H128	canola 11v1 EE459861_T1	1979	3968	620	88,97	globlaste
LNU885_H129	centaurea gb166 EL934279_T1	1980	3969	620	88,97	globlaste
LNU885_H130	zostera 10v1 AM769778	1981	3970	620	88,97	globlaste
LNU885_H131	arakidopsis 10v1 AT1G24510_P1	1982	3971	620	88,8	globlaste
LNU885_H132	populus 10v1 BU831685	1983	3972	620	88,8	globlaste
LNU885_H132	populus 13v1 BU824523_P1	1984	3972	620	88,8	globlaste
LNU885_H133	sequoia 10v1 SRR065044S0007458	1985	3973	620	88,8	globlaste
LNU885_H134	thellungiella_parvulum 11v1 DN774318	1986	3974	620	88,8	globlaste
LNU885_H135	cephalotaxus 11v1 SRR064395X110135_P1	1987	3975	620	88,6	globlaste
LNU885_H136	aguilegia 10v2 DR928892_P1	1988	3976	620	88,2	globlaste
LNU885_H137	podocarpus 10v1 SRR065014S0010290_P1	1989	3977	620	88,2	globlaste
LNU885_H138	soiadopitys 10v1 SRR065035S0017103	1990	3978	620	88,2	globlaste
LNU885_H139	cevada 12v1 BQ762736_T1	1991	3979	620	88,1	globlaste
LNU885_H140	pteridium 11v1 SRR043594X100385	1992	3980	620	88,04	globlaste
LNU885_H141	beterraba 12v1 BI543248_P1	1993	3981	620	88	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. N° do Polin.	ID SEQ. N° do Polip.	Hom. à ID SEQ. N°	% de Id. global	Algor.
LNU885_H142	gnetales 10v1 DN954800_T1	1994	3982	620	87,85	globlastn
LNU885_H143	nasturtium 11v1 SRR032558,163106_P1	1995	3983	620	87,3	globlaste
LNU885_H144	physcomitrella 10v1 JAW145268_P1	1996	3984	620	87,3	globlaste
LNU885_H145	onion 12v1 SRR073446X113522D1_P1	1997	3985	620	86,9	globlaste
LNU885_H168	zostera 12v1 SRR057351X10529D1_P1	1998	3986	620	86,7	globlaste
LNU885_H146	zostera 10v1 SRR057351S0000962	1999	3986	620	86,7	globlaste
LNU885_H147	selaginella gb165 FE443744	2000	3987	620	86,6	globlaste
LNU885_H148	silene 11v1 SRR096785X166572	2001	3988	620	86,5	globlaste
LNU885_H149	ceratodon 10v1 SRR074890S0022653_P1	2002	3989	620	86	globlaste
LNU885_H150	vinca 11v1 SRR098690X104840	2003	3990	620	85,6	globlaste
LNU885_H151	distylium 11v1 SRR065077X10363_T1	2004	3991	620	85,42	globlastn
LNU885_H169	olea 13v1 SRR014463X11934D1_T1	2005	3992	620	85,23	globlastn
LNU885_H152	flaveria 11v1 SRR149229,10823_P1	2006	3993	620	84,7	globlaste
LNU885_H153	taxus 10v1 SRR032523S0062074	2007	3994	620	84,1	globlaste
LNU885_H154	capim_chorão gb167 DN151949	2008	3995	620	83,9	globlaste
LNU885_H155	selaginella gb165 FE436590	2009	3996	620	83,6	globlaste
LNU885_H170	nicotiana_benthiana 12v1 BF752014_P1	2010	3997	620	82,1	globlaste
LNU887_H1	milho 10v1 BG319820_P1	2011	3998	622	90,6	globlaste
LNU887_H2	milho_painço 11v3 EC612301_P1	2012	3999	622	84,6	globlaste
LNU887_H4	capim_chorão 12v1 FL748385_P1	2013	4000	622	82,5	globlaste
LNU887_H3	capim_chorão gb167 FL748385	2014	4001	622	81,4	globlastn
LNU887_H5	capim_chorão 12v1 GD046086_P1	2015	4002	622	80,7	globlaste
LNU888_H1	trigo 12v3 CD491419	2016	623	623	100	globlaste
LNU888_H2	cana_de_açúcar 10v1 CA111963	2017	4003	623	92,3	globlaste
LNU888_H6	capim_chorão 12v1 SRR187765,216058_P1	2018	4004	623	91,3	globlaste
LNU888_H3	milho_painço 11v3 EC613111_P1	2019	4005	623	91,3	globlaste
LNU888_H4	milho_painço 11v3 PHY7SI032010M_P1	2020	4006	623	91,3	globlaste
LNU888_H5	milho 10v1 BM379136_P1	2021	4007	623	91,3	globlaste
LNU888_H7	capim_chorão 12v1 SRR187769,1154845_P1	2022	4008	623	89,4	globlaste
LNU888_H8	capim_chorão 12v1 DN149585_T1	2023	4009	623	84,62	globlastn
LNU889_H1	milho 10v1 AI966901_P1	2024	4010	624	87,1	globlaste
LNU889_H3	capim_chorão 12v1 SRR187768,382752_P1	2025	4011	624	82	globlaste
LNU889_H4	capim_chorão 12v1 SRR187766,665224_P1	2026	4012	624	80,9	globlaste
LNU889_H2	capim_chorão gb167 FE616994	2027	4013	624	80,9	globlaste
LNU892_H1	sorgo 12v1 SB02G033220	2028	4014	626	95,7	globlaste
LNU892_H2	milho 10v1 AI619171_P1	2029	4015	626	92,7	globlaste
LNU892_H3	sorgo 12v1 SB02G033200	2030	4016	626	90,4	globlaste
LNU892_H4	milho_painço 11v3 PHY7SI029552M_P1	2031	4017	626	86,5	globlaste
LNU892_H7	capim_chorão 12v1 SRR187765,29978_P1	2032	4018	626	86,1	globlaste
LNU892_H8	capim_chorão 12v1 GD022360_P1	2033	4019	626	85,5	globlaste
LNU892_H5	milho_painço 11v3 PHY7SI029584M_P1	2034	4020	626	85,3	globlaste
LNU892_H6	milho_painço 11v3 PHY7SI029578M_P1	2035	4021	626	81,8	globlaste
LNU893_H13	capim_chorão 12v1 FL793626_P1	2036	4022	627	98,6	globlaste
LNU893_H14	capim_chorão 12v1 SRR187771,339181_P1	2037	4022	627	98,6	globlaste
LNU893_H1	capim_chorão gb167 FL793626	2038	4022	627	98,6	globlaste
LNU893_H2	cevada 12v1 JAW982181_P1	2039	4023	627	97,3	globlaste
LNU893_H3	milho_painço 11v3 PHY7SI031280M_P1	2040	4024	627	97,3	globlaste
LNU893_H4	milho 10v1 BG517269_P1	2041	4025	627	97,3	globlaste
LNU893_H5	painço 10v1 EVO454PM670348_P1	2042	4024	627	97,3	globlaste
LNU893_H6	centeio 12v1 BE495982	2043	4023	627	97,3	globlaste
LNU893_H7	trigo 12v3 CA728398	2044	4023	627	97,3	globlaste
LNU893_H8	festuca gb161 DT688545_P1	2045	4026	627	95,9	globlaste
LNU893_H9	lolium 10v1 JU246324_P1	2046	4026	627	95,9	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de lã. global	Algor.
LNU893_H10	arroz 11v1 CF330515	2047	4027	627	94,7	gloklaste
LNU893_H11	brachypodium 12v1 BRADI1G24640_P1	2048	4028	627	90,7	gloklaste
LNU893_H12	óleo_de_palma 11v1 SRR190701,565537_P1	2049	4029	627	82,4	gloklaste
LNU894_H1	sorgo 12v1 SB02G039433	2050	4030	628	93,5	gloklaste
LNU894_H2	trigo 12v3 CA502683	2051	4030	628	93,5	gloklaste
LNU894_H3	cana_de_açúcar 10v1 CA147729	2052	4031	628	86,9	gloklaste
LNU895_H1	milho 10v1 AW244938_P1	2053	4032	629	91,2	gloklaste
LNU895_H2	capim_chorão gb167 FE641349	2054	4033	629	85,3	gloklaste
LNU895_H4	capim_chorão 12v1 FE641349_P1	2055	4034	629	84,3	gloklaste
LNU895_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1031608M_P1	2056	4035	629	82,4	gloklaste
LNU896_H1	milho 10v1 AW497539_P1	2057	4036	630	81,1	gloklaste
LNU899_H1	milho 10v1 AW288640_P1	2058	4037	633	91,6	gloklaste
LNU899_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1000435M_P1	2059	4038	633	87,3	gloklaste
LNU899_H3	capim_chorão gb167 FL704161	2060	4039	633	86,64	gloklaste
LNU899_H4	capim_chorão 12v1 FL748364_P1	2061	4040	633	84,4	gloklaste
LNU899_H5	capim_chorão 12v1 FL704161_P1	2062	4041	633	80,8	gloklaste
LNU900_H1	milho 10v1 AW052900_P1	2063	4042	634	93,6	gloklaste
LNU900_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1002469M_P1	2064	4043	634	90,3	gloklaste
LNU900_H8	capim_chorão 12v1 FL696960_P1	2065	4044	634	89,5	gloklaste
LNU900_H3	centeio 12v1 DRR001012,183573	2066	4045	634	88,24	gloklaste
LNU900_H4	cevada 12v1 AJ466045_P1	2067	4046	634	87,5	gloklaste
LNU900_H5	trigo 12v3 CA743258	2068	4047	634	87,5	gloklaste
LNU900_H6	brachypodium 12v1 BRADI2G06440_P1	2069	4048	634	86,7	gloklaste
LNU901_H1	milho 10v1 AJ964628_P1	2070	4049	635	90,1	gloklaste
LNU901_H10	capim_chorão 12v1 FE638167_T1	2071	4050	635	83,6	gloklaste
LNU902_H1	milho 10v1 AJ622490_P1	2072	4051	636	93,4	gloklaste
LNU902_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1002453M_P1	2073	4052	636	88,6	gloklaste
LNU902_H3	painço 10v1 EVO454PM024444_T1	2074	4053	636	86,16	gloklaste
LNU902_H4	capim_chorão gb167 DN140927	2075	4054	636	84,08	gloklaste
LNU902_H5	capim_chorão 12v1 GD033452_T1	2076	4055	636	83,74	gloklaste
LNU903_H1	milho 10v1 AJ979716_P1	2077	4056	637	92,3	gloklaste
LNU903_H2	milho 10v1 AW16295_P1	2078	4057	637	91,1	gloklaste
LNU903_H3	milho_painço 11v3 EC612307_P1	2079	4058	637	89,9	gloklaste
LNU903_H5	capim_chorão 12v1 FL699073_P1	2080	4059	637	88,1	gloklaste
LNU903_H4	capim_chorão gb167 DN150122	2081	4060	637	87,9	gloklaste
LNU904_H1	milho 10v1 AJ947568_P1	2082	4061	638	83,1	gloklaste
LNU905_H1	milho 10v1 AW052874_P1	2083	4062	639	88,4	gloklaste
LNU908_H5	capim_chorão 12v1 HO266689_P1	2084	4063	642	88,7	gloklaste
LNU908_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1005411M_P1	2085	4064	642	88,6	gloklaste
LNU908_H6	capim_chorão 12v1 FL973257_P1	2086	4065	642	88,1	gloklaste
LNU908_H7	capim_chorão 12v1 SRR187765,276211_P1	2087	4065	642	88,1	gloklaste
LNU908_H2	milho 10v1 DT641006_P1	2088	4066	642	87,4	gloklaste
LNU908_H3	arroz 11v1 CK056423	2089	4067	642	83,5	gloklaste
LNU908_H4	arroz 11v1 HS372695	2090	4068	642	83,46	gloklaste
LNU908_H8	trigo 12v3 SRR400820X635658D1_T1	2091	4069	642	80,12	gloklaste
LNU908_H9	brachypodium 12v1 BRADI2G46140_P1	2092	4070	642	80,1	gloklaste
LNU909_H1	milho 10v1 BQ577951_P1	2093	4071	643	92,1	gloklaste
LNU910_H1	milho 10v1 BG837207_P1	2094	4072	644	90,1	gloklaste
LNU910_H2	cana_de_açúcar 10v1 CA242307	2095	4073	644	89,8	gloklaste
LNU910_H8	capim_chorão 12v1 FL945810_P1	2096	4074	644	88,9	gloklaste
LNU910_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1003477M_P1	2097	4075	644	88,9	gloklaste
LNU910_H4	capim_chorão gb167 FL927878	2098	4076	644	87,88	gloklaste
LNU910_H5	painço 10v1 EVO454PM187011_P1	2099	4077	644	84,8	gloklaste
LNU910_H9	brachypodium 12v1 BRADI2G50130_P1	2100	4078	644	83	gloklaste
LNU910_H7	arroz 11v1 BI795617	2101	4079	644	82	gloklaste
LNU910_H6	milho 10v1 CD946808_T1	2102	4080	644	81,63	gloklaste
LNU910_H10	brachypodium 12v1 BRADI2G50136_P1	2103	4081	644	80	gloklaste
LNU912_H9	capim_chorão 12v1 FL792538_P1	2104	4082	646	91	gloklaste
LNU912_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1001740M_P1	2105	4083	646	91	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de lat. global	Algor.
LNU912_H10	capim_chorão 12v1 FL751233_P1	2106	4084	646	90,5	globlaste
LNU912_H2	painço 10v1 EVO454PM056333_P1	2107	4085	646	89,8	globlaste
LNU912_H3	milho 10v1 A948274_P1	2108	4086	646	87,7	globlaste
LNU912_H4	arroz 11v1 BM420858	2109	4087	646	84,6	globlaste
LNU912_H5	brachypodium 12v1 BRADI2G52680_P1	2110	4088	646	83,1	globlaste
LNU912_H6	trigo 12v3 BU099391	2111	4089	646	80,9	globlaste
LNU912_H7	trigo 12v3 BM136936	2112	4090	646	80,4	globlaste
LNU912_H8	cevada 12v1 AK371517_P1	2113	4091	646	80,3	globlaste
LNU913_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA082310	2114	4092	647	97,9	globlaste
LNU913_H2	milho 10v1 W59840_P1	2115	4093	647	96,7	globlaste
LNU913_H3	milho_painço 11v3 EC612650_P1	2116	4094	647	93,8	globlaste
LNU913_H11	capim_chorão 12v1 FE617311_P1	2117	4095	647	92,5	globlaste
LNU913_H12	capim_chorão 12v1 FE616665_P1	2118	4096	647	91,5	globlaste
LNU913_H4	painço 10v1 EVO454PM018338_P1	2119	4097	647	86,1	globlaste
LNU913_H5	capim_chorão gb167 FE616665	2120	4098	647	85,33	globlaste
LNU913_H6	arroz 11v1 B1808261	2121	4099	647	83,3	globlaste
LNU913_H7	brachypodium 12v1 BRADI2G54580_P1	2122	4100	647	82,4	globlaste
LNU913_H8	centeio 12v1 DRR001012,116346	2123	4101	647	82,2	globlaste
LNU913_H9	trigo 12v3 BU100850	2124	4102	647	81,7	globlaste
LNU913_H10	cevada 12v1 AV834883_P1	2125	4103	647	81,6	globlaste
LNU914_H1	sorgo 12v1 SB04G000570	2126	4104	648	94,5	globlaste
LNU914_H2	milho 10v1 A1665003_P1	2127	4105	648	85,6	globlaste
LNU914_H3	milho 10v1 A1372104_P1	2128	4106	648	84,4	globlaste
LNU915_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1016626M_P1	2129	4107	649	88,4	globlaste
LNU915_H3	capim_chorão 12v1 FL695083_P1	2130	4108	649	87,8	globlaste
LNU915_H2	milho 10v1 BE453841_P1	2131	4109	649	86,3	globlaste
LNU916_H1	sorgo 12v1 AW284247	2132	4110	650	81,8	globlaste
LNU917_H1	cana_de_açúcar 10v1 BC534456	2133	4111	651	96,8	globlaste
LNU917_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1017544M_P1	2134	4112	651	91,2	globlaste
LNU917_H3	milho 10v1 A1673988_P1	2135	4113	651	90,4	globlaste
LNU917_H4	capim_chorão gb167 DN142589	2136	4114	651	90,2	globlaste
LNU917_H5	painço 10v1 EVO454PM028850_P1	2137	4115	651	89,6	globlaste
LNU917_H12	capim_chorão 12v1 FL813544_P1	2138	4116	651	88,1	globlaste
LNU917_H6	trigo 12v3 BE400183	2139	4117	651	85,1	globlaste
LNU917_H7	centeio 12v1 DRR001012,113593	2140	4118	651	84,3	globlaste
LNU917_H8	leymus gb166 EG375025_P1	2141	4119	651	84	globlaste
LNU917_H9	brachypodium 12v1 BRADI3G06290_P1	2142	4120	651	83,8	globlaste
LNU917_H10	festuca gb161 DT701360_P1	2143	4121	651	82,4	globlaste
LNU917_H11	milho 10v1 BC048402_P1	2144	4122	651	82,3	globlaste
LNU918_H1	milho 10v1 AJ006536_P1	2145	4123	652	85,6	globlaste
LNU918_H2	milho 10v1 EY960159_T1	2146	4124	652	83,73	globlaste
LNU918_H3	capim_chorão gb167 DN149185	2147	4125	652	81,15	globlaste
LNU918_H4	capim_chorão 12v1 DN149185_P1	2148	4126	652	80,6	globlaste
LNU920_H1	cana_de_açúcar 10v1 CF576045	2149	4127	654	89,2	globlaste
LNU920_H2	milho 10v1 A1677118_P1	2150	4128	654	84,2	globlaste
LNU920_H5	capim_chorão 12v1 FE646248_P1	2151	4129	654	81,5	globlaste
LNU920_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1018467M_P1	2152	4130	654	80,9	globlaste
LNU920_H4	capim_chorão gb167 FE646248	2153	4131	654	80,9	globlaste
LNU921_H1	milho 10v1 CA400159_P1	2154	4132	655	82	globlaste
LNU922_H16	capim_chorão 12v1 DN143068_P1	2155	4133	656	96,2	globlaste
LNU922_H1	capim_chorão gb167 FE620798	2156	4134	656	96,2	globlaste
LNU922_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1017460M_P1	2157	4135	656	95,7	globlaste
LNU922_H3	milho 10v1 AJ901428_P1	2158	4136	656	95,7	globlaste
LNU922_H4	capim_chorão gb167 DN143068	2159	4137	656	95,7	globlaste
LNU922_H5	painço 10v1 EVO454PM010006_P1	2160	4138	656	94,9	globlaste
LNU922_H6	milho 10v1 AA011883_P1	2161	4139	656	94,6	globlaste
LNU922_H7	arroz 11v1 B1805551	2162	4140	656	92,1	globlaste
LNU922_H8	brachypodium 12v1 BRADI3G52340T2_P1	2163	4141	656	87	globlaste
LNU922_H9	aveia 11v1 CN817149_P1	2164	4142	656	86,5	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. N° do Polin.	ID SEQ. N° do Polip.	Hom. à ID SEQ. N°	% de lat. global	Algor.
LNU922_H10	trigo 12v3 BQ802727	2165	4143	656	86,5	gloklaste
LNU922_H11	brachypodium 12v1 BRAD15G01350_P1	2166	4144	656	86,2	gloklaste
LNU922_H12	cevada 12v1 BE412861_P1	2167	4145	656	86	gloklaste
LNU922_H13	cenchrus gb166 EB660552_P1	2168	4146	656	86	gloklaste
LNU922_H14	centeio 12v1 BE586503	2169	4147	656	85,5	gloklaste
LNU922_H15	centeio 12v1 DRR001012_249546	2170	4148	656	80,7	gloklaste
LNU923_H1	milho 10v1 BI273413_P1	2171	4149	657	81,5	gloklaste
LNU924_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA070317	2172	4150	658	83,8	gloklaste
LNU924_H3	capim_chorão 12v1 FL935940_P1	2173	4151	658	80,9	gloklaste
LNU924_H4	capim_chorão 12v1 DN145033_P1	2174	4152	658	80,4	gloklaste
LNU924_H2	milho_painço 11v3 SOLX00022667_P1	2175	4153	658	80,4	gloklaste
LNU925_H1	milho 10v1 FL010481_P1	2176	4154	659	94,2	gloklaste
LNU925_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1016794M_P1	2177	4155	659	89,5	gloklaste
LNU925_H9	capim_chorão 12v1 SRR187770_1008801_P1	2178	4156	659	86	gloklaste
LNU925_H10	capim_chorão 12v1 SRR187769_231821_P1	2179	4157	659	85,7	gloklaste
LNU925_H3	brachypodium 12v1 BRAD13G51590_P1	2180	4158	659	85,4	gloklaste
LNU925_H4	trigo 12v3 TA12V11729457	2181	4159	659	85,31	gloklaste
LNU925_H5	cevada 12v1 HV12v1CRP055339_P1	2182	4160	659	85	gloklaste
LNU925_H6	arroz 11v1 CX104415	2183	4161	659	81,1	gloklaste
LNU925_H7	trigo 12v3 CA731766	2184	4162	659	80,2	gloklaste
LNU925_H8	cevada 12v1 BI777343_P1	2185	4163	659	80,1	gloklaste
LNU926_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA088361	2186	4164	660	96,4	gloklaste
LNU926_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1017439M_P1	2187	4165	660	94,3	gloklaste
LNU926_H3	milho 10v1 BI389475_P1	2188	4166	660	93,7	gloklaste
LNU926_H4	milho 10v1 BM078145_P1	2189	4167	660	93,7	gloklaste
LNU926_H7	capim_chorão 12v1 FL896622_P1	2190	4168	660	91,9	gloklaste
LNU926_H5	painço 10v1 EVO454PM001369_P1	2191	4169	660	91,9	gloklaste
LNU926_H6	capim_chorão gb167 FL736268	2192	4170	660	91,3	gloklaste
LNU926_H8	capim_chorão 12v1 FL736268_P1	2193	4171	660	91	gloklaste
LNU928_H1	milho 10v1 AI666263_P1	2194	4172	661	96,9	gloklaste
LNU928_H5	capim_chorão 12v1 FL703064_P1	2195	4173	661	90,2	gloklaste
LNU928_H6	capim_chorão 12v1 FL827336_P1	2196	4174	661	89,9	gloklaste
LNU928_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1016502M_P1	2197	4175	661	89,6	gloklaste
LNU928_H3	arroz 11v1 BI812770	2198	4176	661	80,26	gloklaste
LNU928_H4	centeio 12v1 DRR001012_253036	2199	4177	661	80,14	gloklaste
LNU929_H1	sorgo 12v1 SB04G036770	2200	4178	662	85,4	gloklaste
LNU929_H2	milho 10v1 BG836023_P1	2201	4179	662	83,4	gloklaste
LNU929_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1017734M_P1	2202	4180	662	83,1	gloklaste
LNU929_H5	capim_chorão 12v1 FL792661_P1	2203	4181	662	82,8	gloklaste
LNU929_H6	capim_chorão 12v1 SRR187772_1076529_P1	2204	4182	662	82,2	gloklaste
LNU929_H4	painço 10v1 EVO454PM007685_T1	2205	4183	662	80,76	gloklaste
LNU931_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA085385	2206	4184	664	95,3	gloklaste
LNU931_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1026372M_P1	2207	4185	664	91,7	gloklaste
LNU931_H3	milho 10v1 AW052904_P1	2208	4186	664	90,9	gloklaste
LNU931_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1010145M_P1	2209	4187	664	89,7	gloklaste
LNU931_H5	capim_chorão gb167 FL690712	2210	4188	664	89,51	gloklaste
LNU931_H13	capim_chorão 12v1 FL690712_P1	2211	4189	664	88,8	gloklaste
LNU931_H6	sorgo 12v1 SB05G000560	2212	4190	664	88,8	gloklaste
LNU931_H7	cana_de_açúcar 10v1 CA183007	2213	4191	664	87,5	gloklaste
LNU931_H8	sorgo 12v1 SB08G000580	2214	4192	664	87,1	gloklaste
LNU931_H9	painço 10v1 CD725261_P1	2215	4193	664	86,9	gloklaste
LNU931_H10	milho_painço 11v3 PHY7S1006320M_P1	2216	4194	664	82,6	gloklaste
LNU931_H11	milho 10v1 AI795587_P1	2217	4195	664	82	gloklaste
LNU931_H14	capim_chorão 12v1 FE652169_P1	2218	4196	664	81,2	gloklaste
LNU931_H12	capim_chorão gb167 FE652169	2219	4196	664	81,2	gloklaste
LNU934_H1	sorgo 12v1 SB05G006960	2220	4197	667	97,7	gloklaste
LNU934_H2	milho 10v1 AI920383_P1	2221	4198	667	91,1	gloklaste
LNU934_H3	milho 10v1 AI601020_P1	2222	4199	667	90,1	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de lat. global	Algor.
LNU934_H4	milho_painço 11v3 EC612232_P1	2223	4200	667	88,5	gloklaste
LNU934_H5	capim_chorão gb167 DN146252	2224	4201	667	88,1	gloklaste
LNU934_H6	capim_chorão gb167 FE626199	2225	4202	667	86,5	gloklaste
LNU934_H7	arroz 11v1 B1801587	2226	4203	667	83,2	gloklaste
LNU936_H1	milho 10v1 AW120427_P1	2227	4204	669	81,4	gloklaste
LNU940_H1	sorgo 12v1 SB01G006570	2228	4205	672	92,4	gloklaste
LNU940_H16	capim_chorão 12v1 GD019934_P1	2229	4206	672	89,1	gloklaste
LNU940_H2	milho 10v1 BM080112_P1	2230	4207	672	89,1	gloklaste
LNU940_H3	capim_chorão gb167 FL987004	2231	4206	672	89,1	gloklaste
LNU940_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1039636M_P1	2232	4208	672	88	gloklaste
LNU940_H5	painço 10v1 EVO454PM050387_P1	2233	4209	672	88	gloklaste
LNU940_H17	capim_chorão 12v1 FL987004_P1	2234	4210	672	87	gloklaste
LNU940_H18	capim_chorão 12v1 SRR187766,558595_P1	2235	4211	672	87	gloklaste
LNU940_H6	brachypodium 12v1 BRADI4G35010_P1	2236	4212	672	87	gloklaste
LNU940_H7	arroz 11v1 AU172742	2237	4213	672	85,9	gloklaste
LNU940_H8	cenchrus gb166 EB672242_P1	2238	4214	672	84,8	gloklaste
LNU940_H9	cevada 12v1 BG415270_P1	2239	4215	672	83,7	gloklaste
LNU940_H10	pseudoroegneria gb167 FF361949	2240	4216	672	83,7	gloklaste
LNU940_H11	festuca gb161 DT690522_P1	2241	4217	672	82,6	gloklaste
LNU940_H12	centeio 12v1 DRR001012,205554	2242	4218	672	82,6	gloklaste
LNU940_H13	centeio 12v1 DRR001012,443974	2243	4218	672	82,6	gloklaste
LNU940_H14	trigo 12v3 BF474839	2244	4218	672	82,6	gloklaste
LNU940_H15	trigo 12v3 SRX035157S105600	2245	4219	672	80,4	gloklaste
LNU941_H1	cana_de_açúcar 10v1 DV636549	2246	4220	673	82,8	gloklaste
LNU942_H15	capim_chorão 12v1 DN143194_P1	2247	4221	674	93	gloklaste
LNU942_H16	capim_chorão 12v1 FE600191_P1	2248	4222	674	93	gloklaste
LNU942_H1	capim_chorão gb167 DN143194	2249	4221	674	93	gloklaste
LNU942_H2	milho 10v1 AJ948177_P1	2250	4223	674	92,7	gloklaste
LNU942_H3	cana_de_açúcar 10v1 BU103195	2251	4224	674	92,6	gloklaste
LNU942_H4	sorgo 12v1 SB04G019760	2252	4225	674	92	gloklaste
LNU942_H5	milho 10v1 DV523108_P1	2253	4226	674	90,6	gloklaste
LNU942_H17	capim_chorão 12v1 FE600082_P1	2254	4227	674	88,6	gloklaste
LNU942_H6	capim_chorão gb167 FE600082	2255	4228	674	88,3	gloklaste
LNU942_H7	milho_painço 11v3 PHY7S1010700M_P1	2256	4229	674	87,4	gloklaste
LNU942_H8	painço 10v1 PMSLX0006862D1_P1	2257	4230	674	87,3	gloklaste
LNU942_H9	milho_painço 11v3 PHY7S1020925M_P1	2258	4231	674	85,7	gloklaste
LNU942_H10	leymus gb166 EG376656_P1	2259	4232	674	85,2	gloklaste
LNU942_H11	trigo 12v3 BE516147	2260	4233	674	85,2	gloklaste
LNU942_H12	centeio 12v1 DRR001012,268452	2261	4234	674	84,23	gloklaste
LNU942_H13	brachypodium 12v1 BRADI5G13320_P1	2262	4235	674	84,2	gloklaste
LNU942_H14	arroz 11v1 B1798333	2263	4236	674	83	gloklaste
LNU942_H18	capim_chorão 12v1 SRR187766,620238_T1	2264	4237	674	81,76	gloklaste
LNU943_H1	milho 10v1 AW165435_P1	2265	4238	675	93,5	gloklaste
LNU943_H2	milho 10v1 BU582245_P1	2266	4239	675	92,1	gloklaste
LNU943_H3	sorgo 12v1 SB01G018160	2267	4240	675	91,5	gloklaste
LNU943_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1022488M_P1	2268	4241	675	88,4	gloklaste
LNU943_H5	capim_chorão gb167 FL700923	2269	4242	675	87,5	gloklaste
LNU943_H9	capim_chorão 12v1 FL946368_P1	2270	4243	675	86,7	gloklaste
LNU943_H6	milho_painço 11v3 PHY7S1010535M_P1	2271	4244	675	86,4	gloklaste
LNU943_H7	arroz 11v1 CA762359	2272	4245	675	85	gloklaste
LNU943_H8	centeio 12v1 DRR001012,256371	2273	4246	675	80,45	gloklaste
LNU944_H1	milho 10v1 BE519358_P1	2274	4247	676	94,5	gloklaste
LNU944_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1013344M_P1	2275	4248	676	90,2	gloklaste
LNU944_H14	capim_chorão 12v1 FE605775_P1	2276	4249	676	89,6	gloklaste
LNU944_H3	capim_chorão gb167 FL691662	2277	4250	676	88,75	gloklaste
LNU944_H15	capim_chorão 12v1 FL693381_P1	2278	4251	676	87,4	gloklaste
LNU944_H4	arroz 11v1 AU065195	2279	4252	676	85,1	gloklaste
LNU944_H5	arroz 11v1 AA752897	2280	4253	676	84,5	gloklaste
LNU944_H6	brachypodium 12v1 BRADI5G26450_P1	2281	4254	676	83,4	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. Global	Algor.
LNU944_H16	capim_chorão 12v1 FL693806_P1	2282	4255	676	82,9	globlastp
LNU944_H7	brachypodium 12v1 BRADI3G12950_P1	2283	4256	676	82,5	globlaste
LNU944_H8	milho_painço 11v3 EC612109_P1	2284	4257	676	82,2	globlaste
LNU944_H9	sorgo 12v1 SB06G033190	2285	4258	676	82,1	globlaste
LNU944_H10	centeio 12v1 BE588044	2286	4259	676	81,9	globlaste
LNU944_H11	cevada 12v1 BE231241_P1	2287	4260	676	81,7	globlaste
LNU944_H12	trigo 12v3 BE416410	2288	4261	676	81,5	globlaste
LNU944_H13	milho 10v1 JAW119989_P1	2289	4262	676	81,2	globlaste
LNU945_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA102004	2290	4263	677	95,7	globlaste
LNU945_H2	milho 10v1 CF630693_P1	2291	4264	677	92,4	globlaste
LNU945_H12	capim_chorão 12v1 FE610584_P1	2292	4265	677	90,2	globlaste
LNU945_H13	capim_chorão 12v1 FL736798_P1	2293	4266	677	90,2	globlaste
LNU945_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1014236M_P1	2294	4267	677	89,6	globlaste
LNU945_H4	capim_chorão glb167 FE610584	2295	4268	677	88,21	globlastn
LNU945_H5	brachypodium 12v1 BRADI3G16410_P1	2296	4269	677	86,1	globlaste
LNU945_H6	trigo 12v3 BE399236	2297	4270	677	84,8	globlaste
LNU945_H7	trigo 12v3 BF483870	2298	4271	677	84,8	globlaste
LNU945_H8	arroz 11v1 BI796904	2299	4272	677	84,3	globlaste
LNU945_H9	aveia 11v1 GO589349_P1	2300	4273	677	83,3	globlaste
LNU945_H10	cevada 12v1 AV835214_P1	2301	4274	677	83	globlaste
LNU945_H11	centeio 12v1 DRR001012_115501	2302	4275	677	81,5	globlaste
LNU946_H3	capim_chorão 12v1 FE622311_P1	2303	4276	678	88,1	globlaste
LNU946_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1013314M_P1	2304	4277	678	86,8	globlaste
LNU946_H4	capim_chorão 12v1 FE631618_P1	2305	4278	678	86,3	globlaste
LNU946_H2	milho 10v1 CO517747_P1	2306	4279	678	85,3	globlaste
LNU947_H1	milho 10v1 JAW400079_T1	2307	4280	679	80,67	globlastn
LNU948_H1	milho 10v1 CF244014_T1	2308	4281	680	85,13	globlastn
LNU949_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA070316	2309	4282	681	91,6	globlaste
LNU949_H2	painço 10v1 CD725957_P1	2310	4283	681	80,3	globlaste
LNU950_H1	cana_de_açúcar 10v1 CA117340	2311	4284	682	93,5	globlaste
LNU950_H2	sorgo 12v1 SB05G001050	2312	4285	682	88,5	globlaste
LNU950_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1026369M_P1	2313	4286	682	86,5	globlaste
LNU950_H4	milho_painço 11v3 EC611923_P1	2314	4287	682	86,1	globlaste
LNU950_H5	capim_chorão glb167 DN142564	2315	4288	682	85,8	globlaste
LNU950_H21	capim_chorão 12v1 FE601370_P1	2316	4289	682	85,6	globlaste
LNU950_H22	capim_chorão 12v1 DN142564_P1	2317	4290	682	84,9	globlaste
LNU950_H6	milho 10v1 AJ665950_P1	2318	4291	682	84,5	globlaste
LNU950_H7	painço 10v1 EVO454PM003253_P1	2319	4292	682	84	globlaste
LNU950_H8	painço 10v1 EVO454PM002572_P1	2320	4293	682	82,7	globlaste
LNU950_H9	arroz 11v1 BI808891	2321	4294	682	82,7	globlastn
LNU950_H10	arroz 11v1 AF004947	2322	4295	682	82	globlaste
LNU950_H11	trigo 12v3 BE412095	2323	4296	682	81,3	globlaste
LNU950_H12	trigo 12v3 CA664401	2324	4297	682	81,3	globlaste
LNU950_H13	trigo 12v3 SRR043323X26334D1	2325	4297	682	81,3	globlaste
LNU950_H14	arroz 11v1 AJ174185	2326	4298	682	81,1	globlaste
LNU950_H15	cevada 12v1 AV910430_P1	2327	4299	682	80,9	globlaste
LNU950_H16	centeio 12v1 DRR001012_134503	2328	4300	682	80,9	globlaste
LNU950_H17	milho 10v1 DR804998_P1	2329	4301	682	80,7	globlaste
LNU950_H18	milho 10v1 EG041994_P1	2330	4302	682	80,7	globlaste
LNU950_H19	trigo 12v3 CA719005	2331	4303	682	80,7	globlaste
LNU950_H20	milho 10v1 CF064453_P1	2332	4304	682	80,3	globlaste
LNU953_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1021031M_P1	2333	4305	685	98,5	globlaste
LNU953_H2	milho 10v1 AJ947816_P1	2334	4306	685	98	globlaste
LNU953_H3	arroz 11v1 BI810241	2335	4307	685	94,8	globlaste
LNU953_H4	brachypodium 12v1 BRADI4G07167_P1	2336	4308	685	93,3	globlaste
LNU953_H5	centeio 12v1 BE587487	2337	4309	685	92,8	globlaste
LNU953_H6	arroz 11v1 AA752560	2338	4310	685	91,8	globlaste
LNU953_H7	trigo 12v3 BE606922	2339	4311	685	89,93	globlastn
LNU953_H8	brachypodium 12v1 BRADI4G15710_P1	2340	4312	685	89,8	globlaste
LNU953_H9	sorgo 12v1 SB05G022390	2341	4313	685	88,9	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. N° do Polin.	ID SEQ. N° do Polip.	Hom. à ID SEQ. N°	% de Id. global	Algor.
LNU953_H10	oleo_de_palma 11v1 EY408711XX1_T1	2342	4314	685	88,62	globlastn
LNU953_H11	oleo_de_palma 11v1 ES323990_P1	2343	4315	685	87,5	globlaste
LNU953_H12	banana 12v1 BBS995T3_P1	2344	4316	685	87,4	globlaste
LNU953_H13	milho_painço 11v3 PHY791025878M_P1	2345	4317	685	87,4	globlaste
LNU953_H14	aristolochia 10v1 FD752686_P1	2346	4318	685	87,1	globlaste
LNU953_H15	amborella 12v3 FD433166_P1	2347	4319	685	86,8	globlaste
LNU953_H16	banana 12v1 ES434911_P1	2348	4320	685	86,3	globlaste
LNU953_H18	soja 12v1 GLYMA02G43930_P1	2349	4321	685	86,1	globlaste
LNU953_H17	feijão_guandu 11v1 SRR054580X101829_P1	2350	4322	685	85,8	globlaste
LNU953_H18	soja 11v1 GLYMA14G04890	2351	4323	685	85,8	globlaste
LNU953_H19	morango 11v1 CO379742	2352	4324	685	85,7	globlaste
LNU953_H20	lótus 09v1 GFXAP006535X8_P1	2353	4325	685	85,5	globlaste
LNU953_H21	medicago 12v1 BE204582_P1	2354	4326	685	85,5	globlaste
LNU953_H22	papoulas 11v1 SRR030259.226807_T1	2355	4327	685	85,49	globlastn
LNU953_H126	mamonal 12v1 XM_002514388_T1	2356	4328	685	85,47	globlastn
LNU953_H24	algodão 11v1 AI725579_P1	2357	4329	685	85,4	globlaste
LNU953_H25	gossypium_raimondii 12v1 AI725579_P1	2358	4330	685	85,3	globlaste
LNU953_H26	soja 11v1 GLYMA02G43930	2359	4331	685	85,3	globlaste
LNU953_H27	melancia 11v1 AM738852	2360	4332	685	85,3	globlaste
LNU953_H28	prunus 10v1 BU575191	2361	4333	685	85,2	globlaste
LNU953_H127	soja 12v1 GLYMA14G04890_P1	2362	4334	685	85,1	globlaste
LNU953_H29	trigonella 11v1 SRR066194X104042	2363	4335	685	85,1	globlaste
LNU953_H128	feijão 12v2 CA899898_P1	2364	4336	685	85	globlaste
LNU953_H129	feijão 12v2 CB542475_P1	2365	4337	685	85	globlaste
LNU953_H130	populus 13v1 AI162526_P1	2366	4338	685	85	globlaste
LNU953_H30	feijão 12v1 CB542475	2367	4339	685	85	globlaste
LNU953_H31	mandioca 09v1 CK650982_P1	2368	4340	685	85	globlaste
LNU953_H35	populus 13v1 AI162784_P1	2369	4341	685	85	globlaste
LNU953_H32	trigo 12v3 BE403992	2370	4342	685	84,94	globlastn
LNU953_H33	banana 12v1 ES435104_P1	2371	4343	685	84,9	globlaste
LNU953_H34	euphorbia 11v1 BG467380_P1	2372	4344	685	84,9	globlaste
LNU953_H35	populus 10v1 AI162784	2373	4345	685	84,9	globlaste
LNU953_H37	grão_de_kico 13v2 GR396199_P1	2374	4346	685	84,9	globlaste
LNU953_H64	populus 13v1 BU815471_P1	2375	4347	685	84,9	globlaste
LNU953_H36	medicago 12v1 AW684864_P1	2376	4348	685	84,8	globlaste
LNU953_H37	grão_de_kico 11v1 GR396199	2377	4349	685	84,77	globlastn
LNU953_H38	soja 11v1 GLYMA20G11300	2378	4350	685	84,7	globlaste
LNU953_H39	trigo 12v3 BE606346	2379	4351	685	84,7	globlaste
LNU953_H131	populus 13v1 BU820987_P1	2380	4352	685	84,6	globlaste
LNU953_H40	aquilegia 10v2 DR913332_P1	2381	4353	685	84,6	globlaste
LNU953_H41	flaveria 11v1 SRR149229.10069_P1	2382	4354	685	84,6	globlaste
LNU953_H42	trigonella 11v1 SRR066194X163258	2383	4355	685	84,59	globlastn
LNU953_H43	abies 11v2 SRR098676X111217_P1	2384	4356	685	84,5	globlaste
LNU953_H44	eucalipto 11v2 CD668448_P1	2385	4357	685	84,5	globlaste
LNU953_H45	flaveria 11v1 SRR149229.216232_P1	2386	4358	685	84,5	globlaste
LNU953_H46	uva 11v1 GSV1V01034603001_P1	2387	4359	685	84,5	globlaste
LNU953_H47	euphorbia 11v1 DV127429_T1	2388	4360	685	84,49	globlastn
LNU953_H48	girassol 12v1 CX947317	2389	4361	685	84,4	globlaste
LNU953_H49	faia 11v1 SRR006293.655_T1	2390	4362	685	84,33	globlastn
LNU953_H132	prunus_mume 13v1 BU575191_P1	2391	4363	685	84,3	globlaste
LNU953_H50	maçã 11v1 CN444562_P1	2392	4364	685	84,3	globlaste
LNU953_H51	mandioca 09v1 CK645234_P1	2393	4365	685	84,3	globlaste
LNU953_H52	clementina 11v1 BQ623766_P1	2394	4366	685	84,3	globlaste
LNU953_H53	pinheiro 10v2 BF220411_P1	2395	4367	685	84,3	globlaste
LNU953_H54	clementina 11v1 CB292767_P1	2396	4368	685	84,2	globlaste
LNU953_H55	pepino 09v1 AM731249_P1	2397	4369	685	84,2	globlaste
LNU953_H56	laranja 11v1 BQ623766_P1	2398	4370	685	84,2	globlaste
LNU953_H57	aquilegia 10v2 DR925985_P1	2399	4371	685	84,1	globlaste
LNU953_H58	banana 12v1 ES431466_P1	2400	4372	685	84,1	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU953_H133	mamonã 12v1 XM_002524074_P1	2401	4373	685	84	globlaste
LNU953_H60	morango 11v1 DY674421	2402	4374	685	84	globlaste
LNU953_H61	valefãna 11v1 SRR099039X12407	2403	4375	685	84	globlaste
LNU953_H62	ambrosia 11v1 SRR346935_108676_T1	2404	4376	685	83,96	globlastn
LNU953_H63	algodão 11v1 BE052039XX1_T1	2405	4377	685	83,7	globlastn
LNU953_H64	populus 10v1 BU815471	2406	4378	685	83,7	globlaste
LNU953_H65	girassol 12v1 DY931792	2407	4379	685	83,7	globlaste
LNU953_H66	vinca 11v1 SRR098690X103474	2408	4380	685	83,7	globlaste
LNU953_H134	prunus_mume 13v1 BU041590_P1	2409	4381	685	83,2	globlaste
LNU953_H67	cephalotaxus 11v1 SRR064395X106034_P1	2410	4382	685	83,2	globlaste
LNU953_H68	prunus 10v1 BU041590	2411	4383	685	83,2	globlaste
LNU953_H69	cacau 10v1 CU471848_T1	2412	4384	685	82,93	globlastn
LNU953_H70	thellungiella_halophilum 11v1 BY808976	2413	4385	685	82,9	globlaste
LNU953_H135	prunus_mume 13v1 BU573002_P1	2414	4386	685	82,7	globlaste
LNU953_H71	algodão 11v1 DT049082_P1	2415	4387	685	82,6	globlaste
LNU953_H72	arabidopsis_lyrata 09v1 JGIAL020339_P1	2416	4388	685	82,5	globlaste
LNU953_H73	lb_rapa 11v1 CX189281_P1	2417	4389	685	82,5	globlaste
LNU953_H74	canola 11v1 EE456851_T1	2418	4390	685	82,47	globlastn
LNU953_H75	eucalipto 11v2 CU402999_P1	2419	4391	685	82,4	globlaste
LNU953_H76	gossypium_rajmondii 12v1 BF268450_P1	2420	4392	685	82,4	globlaste
LNU953_H77	vinca 11v1 SRR098690X106748	2421	4393	685	82,33	globlastn
LNU953_H78	lb_rapa 11v1 CD814501_P1	2422	4394	685	82,3	globlaste
LNU953_H79	chelidonium 11v1 SRR084752X101848_P1	2423	4395	685	82,3	globlaste
LNU953_H80	uva 11v1 GSVIVT01022498001_T1	2424	4396	685	82,27	globlastn
LNU953_H81	lb_rapa 11v1 CD818738_P1	2425	4397	685	82,2	globlaste
LNU953_H82	canola 11v1 EE553419_P1	2426	4398	685	82,2	globlaste
LNU953_H83	flaveria 11v1 SRR149229_106289_P1	2427	4399	685	82,2	globlaste
LNU953_H84	amora 11v1 SRR099034X101325_T1	2428	4400	685	82,17	globlastn
LNU953_H85	arabidopsis 10v1 AT5G06600_P1	2429	4401	685	82,1	globlaste
LNU953_H86	laranja 11v1 CB292767_P1	2430	4402	685	82,1	globlaste
LNU953_H87	pepino 09v1 DV737928_T1	2431	4403	685	82,05	globlastn
LNU953_H88	prunus 10v1 BU573002	2432	4404	685	81,94	globlastn
LNU953_H89	amorphophallus 11v2 SRR089351X103224_T1	2433	4405	685	81,91	globlastn
LNU953_H90	painço 10v1 EVO454PM000321_P1	2434	4406	685	81,9	globlaste
LNU953_H91	solanum_phureja 09v1 SPHBG123815	2435	4407	685	81,9	globlaste
LNU953_H92	maçã 11v1 CN495483_T1	2436	4408	685	81,72	globlastn
LNU953_H93	distylium 11v1 SRR065077X101856_T1	2437	4409	685	81,72	globlastn
LNU953_H136	mimulus 12v1 CV519760_P1	2438	4410	685	81,7	globlaste
LNU953_H94	gossypium_rajmondii 12v1 AI726752_P1	2439	4411	685	81,7	globlaste
LNU953_H95	mimulus 10v1 GO978886	2440	4410	685	81,7	globlaste
LNU953_H96	silene 11v1 SRR096785X10574	2441	4412	685	81,7	globlaste
LNU953_H97	tomate 11v1 BG123815	2442	4413	685	81,7	globlaste
LNU953_H98	silene 11v1 SRR096785X100325	2443	4414	685	81,69	globlastn
LNU953_H99	papoula 11v1 SRR030259_101122_P1	2444	4415	685	81,6	globlaste
LNU953_H100	arabidopsis_lyrata 09v1 JGIAL009620_P1	2445	4416	685	81,5	globlaste
LNU953_H101	solanum_phureja 09v1 SPHBG626752	2446	4417	685	81,5	globlaste
LNU953_H102	thellungiella_halophilum 11v1 BY815359	2447	4418	685	81,5	globlaste
LNU953_H103	populus 10v1 BU820987	2448	4419	685	81,41	globlastn
LNU953_H104	arabidopsis 10v1 AT3G11910_P1	2449	4420	685	81,4	globlaste
LNU953_H105	ambrosia 11v1 SRR346935_136915_T1	2450	4421	685	81,34	globlastn
LNU953_H106	tomate 11v1 AW030110	2451	4422	685	81,3	globlaste
LNU953_H107	tomate 11v1 BG626752	2452	4423	685	81,3	globlaste
LNU953_H108	valeriana 11v1 SRR099039X102728	2453	4424	685	81,21	globlastn
LNU953_H137	olea 13v1 SRR014463X11603D1_P1	2454	4425	685	81,2	globlaste
LNU953_H109	thellungiella_parvulum 11v1 BY815359	2455	4426	685	81,2	globlaste
LNU953_H138	nicotiana_benthiana 12v1 AM816011_P1	2456	4427	685	81,1	globlaste
LNU953_H110	eucalipto 11v2 SRR001659X101826_P1	2457	4428	685	81,1	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU953_H111	thellungiella_parvulum 11v1 BY808976	2458	4429	685	81,1	gloklaste
LNU953_H112	papou 11v1 SRR030259_122982_P1	2459	4430	685	81	gloklaste
LNU953_H113	ambrosia 11v1 SRR346935_109483_T1	2460	4431	685	80,99	glotblastn
LNU953_H114	cacau 10v1 CU631250_T1	2461	4432	685	80,94	glotblastn
LNU953_H139	grao_de_bico 13v2 GR398757_P1	2462	4433	685	80,9	gloklaste
LNU953_H140	nicotiana_benthiana 12v1 BP749195_P1	2463	4434	685	80,9	gloklaste
LNU953_H115	spruce 11v1 EX356361	2464	4435	685	80,87	glotblastn
LNU953_H116	taxus 10v1 SRR032523S0002905	2465	4436	685	80,84	glotblastn
LNU953_H117	cannakis 12v1 GR221441_P1	2466	4437	685	80,8	gloklaste
LNU953_H118	valeriana 11v1 SRR099039X102263	2467	4438	685	80,82	glotblastn
LNU953_H119	canola 11v1 EE446069_P1	2468	4439	685	80,5	gloklaste
LNU953_H120	arroz 11v1 BE230378	2469	4440	685	80,5	gloklaste
LNU953_H141	nicotiana_benthiana 12v1 BP748980_P1	2470	4441	685	80,4	gloklaste
LNU953_H142	nicotiana_benthiana 12v1 EG649585_P1	2471	4442	685	80,4	gloklaste
LNU953_H143	olea 13v1 SRR014463X13706D1_P1	2472	4443	685	80,4	gloklaste
LNU953_H144	capim_chorão 12v1 FE629023_P1	2473	4444	685	80,3	gloklaste
LNU953_H145	nicotiana_benthiana 12v1 EB682588_T1	2474	4445	685	80,28	glotblastn
LNU953_H121	brachypodium 12v1 BRADI1G56780_P1	2475	4446	685	80,2	gloklaste
LNU953_H122	centeio 12v1 DRR001012_10357	2476	4447	685	80,2	gloklaste
LNU953_H123	amorphophallus 11v2 SRR089351X11161_8_T1	2477	4448	685	80,14	glotblastn
LNU953_H124	pinheiro 10v2 AW043162_P1	2478	4449	685	80,1	gloklaste
LNU953_H125	pseudotsuga 10v1 SRR065119S0024421	2479	4450	685	80,05	glotblastn
LNU955_H12	capim_chorão 12v1 DN142337_P1	2480	4451	687	92	gloklaste
LNU955_H1	milho 10v1 CO622570_P1	2481	4452	687	91,5	gloklaste
LNU955_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1021896M_P1	2482	4453	687	90,5	gloklaste
LNU955_H3	capim_chorão gle167 FL785019	2483	4454	687	86,7	gloklaste
LNU955_H13	capim_chorão 12v1 FL785019_P1	2484	4455	687	86,3	gloklaste
LNU955_H4	arroz 11v1 CB665557	2485	4456	687	85,1	gloklaste
LNU955_H5	aveia 11v1 GR314727_P1	2486	4457	687	84,3	gloklaste
LNU955_H14	capim_chorão 12v1 SRR187771_727771_T1	2487	4458	687	83,85	glotblastn
LNU955_H6	trigo 12v3 CA625652	2488	4459	687	83,8	gloklaste
LNU955_H7	cevada 12v1 BQ659274_P1	2489	4460	687	83,2	gloklaste
LNU955_H8	brachypodium 12v1 BRADI4G06410_P1	2490	4461	687	83	gloklaste
LNU955_H9	centeio 12v1 DRR001012_117807	2491	4462	687	82,8	gloklaste
LNU955_H10	painço 10v1 PMSLX0023357D2_P1	2492	4463	687	81,8	gloklaste
LNU955_H15	capim_chorão 12v1 FL853651_P1	2493	4464	687	81,7	gloklaste
LNU955_H11	milho_painço 11v3 PHY7S1021894M_P1	2494	4465	687	81,1	gloklaste
LNU955_H16	capim_chorão 12v1 FL758990_P1	2495	4466	687	80,4	gloklaste
LNU957_H1	milho 10v1 BI388870_P1	2496	4467	689	85,6	gloklaste
LNU957_H2	milho_painço 11v3 EC613819_T1	2497	4468	689	82,08	glotblastn
LNU958_H1	milho 10v1 DR801342_P1	2498	4469	690	91	gloklaste
LNU958_H8	capim_chorão 12v1 FL952819_P1	2499	4470	690	88,1	gloklaste
LNU958_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1022391M_P1	2500	4471	690	86,6	gloklaste
LNU958_H3	cevada 12v1 BF623458_P1	2501	4472	690	82,1	gloklaste
LNU958_H4	centeio 12v1 DRR001012_18630	2502	4473	690	81,8	gloklaste
LNU958_H5	brachypodium 12v1 BRADI4G01370_P1	2503	4474	690	81,7	gloklaste
LNU958_H6	aveia 11v1 GR331570_P1	2504	4475	690	81,7	gloklaste
LNU958_H9	capim_chorão 12v1 SRR187769_180209_P1	2505	4476	690	81,2	gloklaste
LNU958_H7	arroz 11v1 C73705	2506	4477	690	80,9	gloklaste
LNU959_H1	milho_painço 11v3 SOLX00016974_P1	2507	4478	691	80,6	gloklaste
LNU959_H2	cana_de_aguçar 10v1 CA183011	2508	4479	691	80,1	gloklaste
LNU961_H1	milho 10v1 CF631183_P1	2509	4480	693	92,2	gloklaste
LNU961_H8	capim_chorão 12v1 FE655607_T1	2510	4481	693	91,32	glotblastn
LNU961_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1022987M_P1	2511	4482	693	89,4	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº.	% de Id. global	Algor.
LNU961_H3	capim_chorão gb167 FE655607	2512	4483	693	88,1	globlaste
LNU961_H4	trigo 12v3 CA662505	2513	4484	693	81,7	globlaste
LNU961_H5	aveia 11v1 GR320475_P1	2514	4485	693	81,3	globlaste
LNU961_H6	brachypodium 12v1 BRADI2G18310_P1	2515	4486	693	81,1	globlaste
LNU961_H7	arroz 11v1 C24906	2516	4487	693	80,8	globlaste
LNU963_H1	milho 10v1 BE238751_P1	2517	4488	695	96,4	globlaste
LNU963_H2	milho_painço 11v3 EC613777_P1	2518	4489	695	95,4	globlaste
LNU963_H4	capim_chorão 12v1 FE650575_P1	2519	4490	695	90,1	globlaste
LNU963_H3	arroz 11v1 AA752580	2520	4491	695	86	globlaste
LNU964_H1	milho 10v1 BE051847_P1	2521	4492	696	95	globlaste
LNU964_H12	capim_chorão 12v1 FL715928_P1	2522	4493	696	94,6	globlaste
LNU964_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI008583M_P1	2523	4494	696	93,5	globlaste
LNU964_H3	arroz 11v1 CA753376	2524	4495	696	91,9	globlaste
LNU964_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G36570_P1	2525	4496	696	90,6	globlaste
LNU964_H5	trigo 12v3 CA593860	2526	4497	696	90	globlaste
LNU964_H6	capim_chorão gb167 FL715928	2527	4498	696	88,91	globlaste
LNU964_H7	painço 10v1 EVO454PM024076_P1	2528	4499	696	84,1	globlaste
LNU964_H8	centeio 12v1 DRR001012,11081	2529	4500	696	83,98	globlaste
LNU964_H9	sorgo 12v1 SB04G006930	2530	4501	696	81,2	globlaste
LNU964_H10	arroz 11v1 CB096675	2531	4502	696	80,87	globlaste
LNU964_H13	capim_chorão 12v1 FL988009_T1	2532	4503	696	80,64	globlaste
LNU964_H11	milho_painço 11v3 PHY7SI017454M_P1	2533	4504	696	80,4	globlaste
LNU965_H1	cana_de_açúcar 10v1 BG533054	2534	4505	697	91,8	globlaste
LNU965_H2	milho 10v1 T12687_P1	2535	4506	697	86,8	globlaste
LNU965_H5	capim_chorão 12v1 FE648444_P1	2536	4507	697	82,3	globlaste
LNU965_H3	capim_chorão gb167 FE648444	2537	4507	697	82,3	globlaste
LNU965_H4	milho_painço 11v3 EC612769_P1	2538	4508	697	81,6	globlaste
LNU965_H6	capim_chorão 12v1 FL899717_T1	2539	4509	697	80,07	globlaste
LNU966_H1	milho_painço 11v3 EC612437_P1	2540	4510	698	90	globlaste
LNU966_H7	capim_chorão 12v1 FL704069_P1	2541	4511	698	88	globlaste
LNU966_H2	brachypodium 12v1 BRADI1G32350_P1	2542	4512	698	82,4	globlaste
LNU966_H3	centeio 12v1 DRR001012,705384	2543	4513	698	80,82	globlaste
LNU966_H4	centeio 12v1 DRR001012,277281	2544	4514	698	80,46	globlaste
LNU966_H5	trigo 12v3 CD934973	2545	4515	698	80,46	globlaste
LNU966_H6	arroz 11v1 B1808003	2546	4516	698	80,4	globlaste
LNU967_H1	milho 10v1 CD001313_P1	2547	4517	699	90,5	globlaste
LNU967_H2	milho_painço 11v3 PHY7SI005990M_P1	2548	4518	699	83,3	globlaste
LNU970_H1	soja 11v1 GLYMA10G05870	2549	4519	702	98,2	globlaste
LNU970_H64	soja 12v1 GLYMA10G05870_P1	2550	4520	702	95,6	globlaste
LNU970_H2	feijão_fradinho 12v1 FF384004_P1	2551	4521	702	92,3	globlaste
LNU970_H3	feijão_guandú 11v1 GW351178_P1	2552	4522	702	92	globlaste
LNU970_H65	feijão 12v2 CA911706_P1	2553	4523	702	91,2	globlaste
LNU970_H4	feijão 12v1 CA911706	2554	4523	702	91,2	globlaste
LNU970_H5	amendoim 10v1 EE126306_P1	2555	4524	702	89,1	globlaste
LNU970_H6	grão_de_bico 11v1 SRR133517,113773	2556	4525	702	88,3	globlaste
LNU970_H6	grão_de_bico 13v2 SRR133517,113773_P1	2557	4525	702	88,3	globlaste
LNU970_H8	soja 12v1 GLYMA19G36410_P1	2558	4526	702	88	globlaste
LNU970_H7	feijão_guandú 11v1 SRR054580X124449_P1	2559	4527	702	87,2	globlaste
LNU970_H8	soja 11v1 GLYMA19G36410	2560	4528	702	87,2	globlaste
LNU970_H9	medicago 12v1 AW692607_P1	2561	4529	702	86,9	globlaste
LNU970_H10	trigonella 11v1 SRR066194X103697	2562	4530	702	86,5	globlaste
LNU970_H11	soja 11v1 GLYMA03G33680	2563	4531	702	85,8	globlaste
LNU970_H11	soja 12v1 GLYMA03G33680_P1	2564	4531	702	85,8	globlaste
LNU970_H12	lótus 09v1 AW428709_P1	2565	4532	702	85,4	globlaste
LNU970_H13	populus 10v1 CA927561	2566	4533	702	85	globlaste
LNU970_H66	nicotiana_benthiana 12v1 CK284221_P1	2567	4534	702	84,3	globlaste
LNU970_H14	cacau 10v1 CU479946_P1	2568	4535	702	84,3	globlaste
LNU970_H15	uva 11v1 GSVIVT01025656001_P1	2569	4536	702	84,3	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. N° do Polin.	ID SEQ. N° do Polip.	Hom. à ID SEQ. N°	% de Id. global	Algor.
LNU970_H16	nicotiana_benthiana gb162 CK284221	2570	4534	702	84,3	globlaste
LNU970_H67	populus 13v1 CA927561_P1	2571	4537	702	83,9	globlaste
LNU970_H17	catharanthus 11v1 EG556643_P1	2572	4538	702	83,9	globlaste
LNU970_H18	maçã 11v1 CN580810_P1	2573	4539	702	83,6	globlaste
LNU970_H19	castanha gb170 SRR006295S0024406_P1	2574	4540	702	83,6	globlaste
LNU970_H68	mamona 12v1 EG692405_P1	2575	4541	702	83,3	globlaste
LNU970_H21	clementina 11v1 CF504408_P1	2576	4542	702	83,2	globlaste
LNU970_H22	carvalho 10v1 FP025429_P1	2577	4543	702	83,2	globlaste
LNU970_H23	laranja 11v1 CF504408_P1	2578	4542	702	83,2	globlaste
LNU970_H24	soabiosa 11v1 SRR063723X10102	2579	4544	702	83,2	globlaste
LNU970_H25	faia 11v1 SRR006293_15215_T1	2580	4545	702	82,91	globlaste
LNU970_H69	prunus_mume 13v1 DN553660_P1	2581	4546	702	82,9	globlaste
LNU970_H70	nicotiana_benthiana 12v1 EH664749_P1	2582	4547	702	82,8	globlaste
LNU970_H71	olea 13v1 SRR014463X18544D1_P1	2583	4548	702	82,8	globlaste
LNU970_H26	amsonia 11v1 SRR098688X105338_P1	2584	4549	702	82,8	globlaste
LNU970_H27	liquoamroz gb171 FS241348_P1	2585	4550	702	82,8	globlaste
LNU970_H28	populus 10v1 AI163995	2586	4551	702	82,8	globlaste
LNU970_H28	populus 13v1 AI163995_P1	2587	4552	702	82,8	globlaste
LNU970_H29	jasmim 11v1 SRR098689X105363	2588	4553	702	82,8	globlaste
LNU970_H30	morango 11v1 CO380524	2589	4554	702	82,6	globlaste
LNU970_H72	nicotiana_benthiana 12v1 EB425526_P1	2590	4555	702	82,5	globlaste
LNU970_H31	mirtilo 12v1 SRR353282X4041D1_P1	2591	4556	702	82,5	globlaste
LNU970_H32	eucalipto 11v2 CT980284_P1	2592	4557	702	82,5	globlaste
LNU970_H33	lotus 09v1 DC596145_P1	2593	4558	702	82,5	globlaste
LNU970_H34	prunus 10v1 CN580810	2594	4559	702	82,2	globlaste
LNU970_H35	tabaço gb162 EB425526	2595	4560	702	82,1	globlaste
LNU970_H36	tripterygium 11v1 SRR098677X12467	2596	4561	702	82,1	globlaste
LNU970_H37	momordica 10v1 SRR071315S0003149_P1	2597	4562	702	81,8	globlaste
LNU970_H38	nasturtium 11v1 SRR032558_101335_P1	2598	4563	702	81,8	globlaste
LNU970_H39	cleome_spinoso 10v1 GR933144_T1	2599	4564	702	81,75	globlaste
LNU970_H40	algodão 11v1 AW186771_P1	2600	4565	702	81,6	globlaste
LNU970_H73	olea 13v1 SRR014463X10063D1_P1	2601	4566	702	81,4	globlaste
LNU970_H41	valeana 11v1 SRR099039X116523	2602	4567	702	81,4	globlaste
LNU970_H42	melancia 11v1 AM726470	2603	4568	702	81,4	globlaste
LNU970_H43	gossypium_raidonai 12v1 AW186771_P1	2604	4569	702	81,2	globlaste
LNU970_H44	euonymus 11v1 SRR070038X13639_P1	2605	4570	702	81,1	globlaste
LNU970_H45	euonymus 11v1 SRR070038X296196_P1	2606	4571	702	81,1	globlaste
LNU970_H46	triphysaria 10v1 DR170439	2607	4572	702	81,1	globlaste
LNU970_H47	mandioca 09v1 JGICASSAVA23572VALI DM1_P1	2608	4573	702	81	globlaste
LNU970_H48	kiwi gb166 FG404513_P1	2609	4574	702	81	globlaste
LNU970_H49	solanum_phureja 09v1 SPHBG135560	2610	4575	702	81	globlaste
LNU970_H50	algodão 11v1 CO081144_P1	2611	4576	702	80,9	globlaste
LNU970_H51	gossypium_raidonai 12v1 AI728093_P1	2612	4577	702	80,9	globlaste
LNU970_H52	medicago 12v1 CA990040_P1	2613	4578	702	80,7	globlaste
LNU970_H53	tomate 11v1 BG135560	2614	4579	702	80,7	globlaste
LNU970_H54	vinca 11v1 SRR098690X104684	2615	4580	702	80,7	globlaste
LNU970_H55	ambrosia 11v1 SRR346935_110771_P1	2616	4581	702	80,4	globlaste
LNU970_H56	algodão 11v1 AI728093_P1	2617	4582	702	80,4	globlaste
LNU970_H57	guizotia 10v1 GE557045_P1	2618	4583	702	80,4	globlaste
LNU970_H58	girassol 12v1 DY912319	2619	4584	702	80,4	globlaste
LNU970_H59	cofeia 10v1 DV663991_P1	2620	4585	702	80,3	globlaste
LNU970_H60	abóbora_amarela 11v1 SRR091276X125648_P1	2621	4586	702	80,3	globlaste
LNU970_H61	pepino 09v1 AM726470_T1	2622	4587	702	80,29	globlaste
LNU970_H62	girassol 12v1 CD856036	2623	4588	702	80,1	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU970_H63	cynara gb167 GE590124_P1	2624	4589	702	80	gloklastp
LNU971_H1	tomate 11v1 A487766	2625	4590	703	91,9	gloklastp
LNU971_H2	tomate 11v1 BG132158	2626	4591	703	91,7	gloklastp
LNU971_H3	tomate 11v1 BG589613	2627	4591	703	91,7	gloklastp
LNU971_H4	solanum_ghureja 09v1 SPHA487915	2628	4592	703	89,5	glotblastn
LNU971_H5	tomate 11v1 AW218573	2629	4593	703	89,4	glotblastn
LNU971_H6	solanum_ghureja 09v1 SPHA777070	2630	4594	703	87,66	glotblastn
LNU971_H7	solanum_ghureja 09v1 SPHDN168697	2631	4594	703	87,66	glotblastn
LNU971_H8	solanum_ghureja 09v1 SPHBG125614	2632	4595	703	87,5	gloklastp
LNU971_H9	tomate 11v1 A777070	2633	4596	703	86,8	gloklastp
LNU971_H10	batata 10v1 BQ514990_T1	2634	4597	703	86,36	glotblastn
LNU971_H11	solanum_ghureja 09v1 SPHA772789	2635	4598	703	86,31	glotblastn
LNU971_H12	solanum_ghureja 09v1 SPHBI431905	2636	4599	703	85,71	glotblastn
LNU971_H13	batata 10v1 BI431905_P1	2637	4600	703	85,5	gloklastp
LNU971_H14	batata 10v1 CV475926_T1	2638	4601	703	85,47	glotblastn
LNU971_H15	solanum_ghureja 09v1 SPHBG132158	2639	4602	703	85,4	gloklastp
LNU971_H16	solanum_ghureja 09v1 SPHA776714	2640	4603	703	85,3	gloklastp
LNU971_H17	beringela 10v1 FS009193_P1	2641	4604	703	84	gloklastp
LNU971_H18	batata 10v1 BG589613_P1	2642	4605	703	83,8	gloklastp
LNU971_H19	tomate 11v1 SRR027939S0232941	2643	4606	703	82,9	gloklastp
LNU971_H22	nicotiana_benthiana 12v1 AM836977_T1	2644	4607	703	82,13	glotblastn
LNU971_H20	tomate 11v1 BG125614	2645	4608	703	81,5	gloklastp
LNU971_H21	pimenta 12v1 BM061037_P1	2646	4609	703	80,9	gloklastp
LNU972_H2	nicotiana_benthiana 12v1 EB699638_P1	2647	4610	704	91,4	gloklastp
LNU975_H1	solanum_ghureja 09v1 SPHBI422101	2648	4611	705	85,2	glotblastn
LNU975_H2	solanum_ghureja 09v1 SPHA896166_T1	2649	4612	705	80,17	glotblastn
LNU976_H1	pseudoroegneria gb167 FF347407	2650	4613	706	93,2	gloklastp
LNU976_H2	centeio 12v1 DRR001012_364991	2651	4614	706	91,47	glotblastn
LNU976_H3	leymus gb166 CD808542_P1	2652	4615	706	89,9	gloklastp
LNU977_H2	trigo 12v3 BM137333	2653	4616	707	86,1	gloklastp
LNU977_H10	arroz 11v1 C91689_P1	2654	4617	707	81,5	gloklastp
LNU977_H11	sorgo 12v1 SB01G048800_P1	2655	4618	707	80,7	gloklastp
LNU977_H12	milho 10v1 CO519634_T1	2656	4619	707	80,23	glotblastn
LNU750_H1	trigo 12v3 BQ744292	2657	4620	713	89,2	gloklastp
LNU750_H2	centeio 12v1 DRR001012_14416	2658	4621	713	88,8	gloklastp
LNU771_H1	trigo 12v3 BM068568	2659	4622	715	96,7	gloklastp
LNU771_H2	centeio 12v1 DRR001013_372156	2660	4623	715	87,38	glotblastn
LNU771_H3	trigo 12v3 BE426855	2661	4624	715	84,3	gloklastp
LNU771_H4	festuca gb161 DT701171_P1	2662	4625	715	84	gloklastp
LNU771_H5	centeio 12v1 DRR001012_320596	2663	4626	715	82,4	gloklastp
LNU771_H6	centeio 12v1 DRR001017_1352396	2664	4627	715	81,6	gloklastp
LNU772_H7	lolium 10v1 EY457993_T1	2665	4628	716	91,41	glotblastn
LNU772_H12	sorgo 12v1 CD209835	2666	4629	716	87,5	glotblastn
LNU785_H1	centeio 12v1 DRR001012_10208	2667	4630	717	95,63	glotblastn
LNU785_H2	trigo 12v3 CA653207	2668	4631	717	89,2	gloklastp
LNU786_H1	trigo 12v3 BJ222677	2669	4632	718	94,89	glotblastn
LNU786_H2	centeio 12v1 DRR001012_114677	2670	4633	718	93,69	glotblastn
LNU786_H4	brachypodium 12v1 BRADI3G52470_T1	2671	4634	718	86,3	glotblastn
LNU786_H5	trigo 12v3 SRR400820X100908D1	2672	4635	718	84,9	glotblastn
LNU786_H6	trigo 12v3 CA500094	2673	4636	718	83,88	glotblastn
LNU786_H7	arroz 11v1 AU062764	2674	4637	718	81,85	glotblastn
LNU786_H8	milho 10v1 JAW076421_T1	2675	4638	718	81,29	glotblastn
LNU786_H9	milho_painço 11v3 PHY7S1016091M_T1	2676	4639	718	81,18	glotblastn
LNU786_H10	sorgo 12v1 SB04G030880	2677	4640	718	80,7	glotblastn
LNU786_H11	capim_chorão 12v1 FL710092_T1	2678	4641	718	80,05	glotblastn
LNU787_H5	sorgo 12v1 SB10G022920	2679	4642	719	85,9	gloklastp
LNU787_H15	capim_chorão 12v1 GD039082_T1	2680	4643	719	83,45	glotblastn
LNU806_H3	arroz 11v1 CI312268	2681	4644	721	84,1	glotblastn
LNU806_H4	brachypodium 12v1 BRADI3G14530_T1	2682	4645	721	83,18	glotblastn

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU806_H5	centeio 12v1 DRR001012_245949	2683	4646	721	80,43	glotblastn
LNU806_H6	trigo 12v3 CA745011	2684	4647	721	80,43	glotblastn
LNU837_H8	capim_chorão 12v1 FL706711_T1	2685	4648	722	87,5	glotblastn
LNU837_H4	milho_painço 11v3 PHY7SI036733M_T1	2686	4649	722	83,33	glotblastn
LNU837_H9	capim_chorão 12v1 FL875810_T1	2687	4650	722	82,29	glotblastn
LNU837_H5	capim_chorão gb167 FL706712	2688	4651	722	82,29	glotblastn
LNU837_H10	capim_chorão 12v1 FL893419_T1	2689	4652	722	81,25	glotblastn
LNU837_H6	capim_chorão gb167 FL696926	2690	4653	722	81,25	glotblastn
LNU837_H11	capim_chorão 12v1 FL696926_T1	2691	4654	722	80,21	glotblastn
LNU837_H7	painço 10v1 EVO454PM106715_T1	2692	4655	722	80,21	glotblastn
LNU856_H1	milho_painço 11v3 PHY7SI006280M_P1	2693	4656	726	91,5	glotblastn
LNU856_H3	painço 10v1 CD725559_P1	2694	4657	726	90,5	glotblastn
LNU856_H4	sorgo 12v1 SB05G003390	2695	4658	726	90,3	glotblastn
LNU856_H5	milho_painço 11v3 PHY7SI017030M_P1	2696	4659	726	89,1	glotblastn
LNU856_H12	capim_chorão 12v1 FL749250_P1	2697	4660	726	88,9	glotblastn
LNU856_H6	milho 10v1 BM895627_P1	2698	4661	726	87,9	glotblastn
LNU856_H8	arroz 11v1 BI811616	2699	4662	726	84,2	glotblastn
LNU856_H9	brachypodium 12v1 BRADI1G43000_P1	2700	4663	726	82,4	glotblastn
LNU856_H10	brachypodium 12v1 BRADI2G09570_P1	2701	4664	726	80,7	glotblastn
LNU856_H11	cevada 12v1 BI949641_T1	2702	4665	726	80,08	glotblastn
LNU862_H10	cana_de_açúcar 10v1 CA147410	2703	4666	728	84,3	glotblastn
LNU862_H13	milho 10v1 BU037296_P1	2704	4667	728	81,9	glotblastn
LNU862_H15	cevada 12v1 AV921382_T1	2705	4668	728	80,84	glotblastn
LNU866_H1	sorgo 12v1 SB12V1CUFF392T1P3	2706	4669	729	95	glotblastn
LNU866_H2	milho 10v1 AI854982_P1	2707	4670	729	88,9	glotblastn
LNU866_H3	milho_painço 11v3 PHY7SI034627M_P1	2708	4671	729	83,2	glotblastn
LNU866_H4	painço 10v1 EVO454PM024441_T1	2709	4672	729	80,82	glotblastn
LNU870_H1	milho_painço 11v3 PHY7SI034640M_P1	2710	4673	730	91,1	glotblastn
LNU910_H11	capim_chorão 12v1 FL927878_T1	2711	4674	736	93,48	glotblastn
LNU911_H1	milho 10v1 AI622711_P1	2712	4675	737	83,6	glotblastn
LNU951_H1	milho_painço 11v3 PHY7SI009880M_P1	2713	4676	739	82,4	glotblastn
LNU951_H2	capim_chorão 12v1 FL765313_P1	2714	4677	739	80,3	glotblastn
LNU956_H1	cana_de_açúcar 10v1 BQ533901	2715	4678	741	93,94	glotblastn
LNU956_H3	milho 10v1 AW191064_T1	2716	4679	741	87,59	glotblastn
LNU956_H9	capim_chorão 12v1 FL728285_T1	2717	4680	741	82,79	glotblastn
LNU956_H6	painço 10v1 EVO454PM000846_T1	2718	4681	741	82,04	glotblastn
LNU956_H7	arroz 11v1 AA749599	2719	4682	741	81,25	glotblastn
LNU956_H8	brachypodium 12v1 BRADI4G04270_T1	2720	4683	741	80	glotblastn
LNU972_H1	solanum_phureja 09v1 SPHA1775263	2721	4684	743	96,6	glotblastn
LNU977_H8	trigo 12v3 SRR400820X1185207D1	2722	4685	745	87,8	glotblastn
LNU749_H1	trigo 12v3 BQ905774	2723	4686	747	93,4	glotblastn
LNU749_H2	centeio 12v1 DRR001012_593230	2724	4687	747	90,9	glotblastn
LNU749_H3	brachypodium 12v1 BRADI4G10110_P1	2725	4688	747	81,4	glotblastn
LNU752_H1	centeio 12v1 DRR001012_165407	2726	4689	748	96,9	glotblastn
LNU752_H2	trigo 12v3 BE415379	2727	4690	748	96,7	glotblastn
LNU766_H4	brachypodium 12v1 BRADI1G59210_P1	2728	4691	749	90	glotblastn
LNU769_H2	trigo 12v3 BE427519	2729	4692	750	94,4	glotblastn
LNU769_H1	trigo 12v3 BE402340	2730	4693	750	94,2	glotblastn
LNU769_H3	trigo 12v3 BQ841839	2731	4694	750	93,7	glotblastn
LNU769_H4	centeio 12v1 BE705675	2732	4695	750	92,9	glotblastn
LNU769_H5	trigo 12v3 CA692455	2733	4696	750	92,5	glotblastn
LNU769_H6	centeio 12v1 DRR001012_119684	2734	4697	750	91,9	glotblastn
LNU769_H7	trigo 12v3 CD888102	2735	4698	750	86,9	glotblastn
LNU769_H11	arroz 11v1 AU030808	2736	4699	750	82,4	glotblastn
LNU769_H9	sorgo 12v1 SB09G026980	2737	4700	750	82,3	glotblastn
LNU769_H10	milho_painço 11v3 PHY7SI026215M_P1	2738	4701	750	82	glotblastn
LNU769_H12	milho 10v1 CD445089_P1	2739	4702	750	81,9	glotblastn
LNU769_H15	capim_chorão 12v1 DN151230_P1	2740	4703	750	81,2	glotblastn
LNU769_H16	capim_chorão 12v1 GD008102_T1	2741	4704	750	81,03	glotblastn
LNU773_H6	sorgo 12v1 SB01G001980	2742	4705	751	80,6	glotblastn

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU780_H1	trigo 12v3 BM137500	2743	4706	753	81,2	gloklaste
LNU784_H1	trigo 12v3 BE406457	2744	4707	754	84,1	gloklaste
LNU784_H2	centeio 12v1 DRR001012,297633	2745	4708	754	81,7	gloklaste
LNU786_H3	centeio 12v1 DRR001012,109215	2746	4709	755	90,1	gloklaste
LNU788_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1006617M_P1	2747	4710	756	83,8	gloklaste
LNU804_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1009871M_P1	2748	4711	758	82,5	gloklaste
LNU804_H2	capim_chorão glb167 FE603029	2749	4712	758	82	gloklaste
LNU804_H3	sorgo 12v1 SB06G022510	2750	4713	758	80,2	gloklaste
LNU804_H4	sorgo 12v1 SB06G022500_P1	2751	4714	758	80	gloklaste
LNU806_H7	capim_chorão 12v1 SRR187768,79981_P1	2752	4715	759	88,3	gloklaste
LNU806_H8	capim_chorão 12v1 DN145288_P1	2753	4716	759	87,3	gloklaste
LNU806_H1	sorgo 12v1 SB07G002850	2754	4717	759	81,3	gloklaste
LNU806_H2	milho 10v1 CD966203_P1	2755	4718	759	80,6	gloklaste
LNU816_H1	milho_painço 11v3 GT091139_P1	2756	4719	761	95,8	gloklaste
LNU816_H2	sorgo 12v1 SB04G029730	2757	4720	761	95,7	gloklaste
LNU816_H3	milho 10v1 BQ485722_P1	2758	4721	761	95,6	gloklaste
LNU816_H16	capim_chorão 12v1 FL715086_P1	2759	4722	761	94,6	gloklaste
LNU816_H4	painço 10v1 EVO454PM008535_P1	2760	4723	761	94,5	gloklaste
LNU816_H7	centeio 12v1 BF145541	2761	4724	761	87,6	gloklaste
LNU816_H8	cevada 12v1 AV909829_P1	2762	4725	761	86,6	gloklaste
LNU816_H17	capim_chorão 12v1 FL746777_P1	2763	4726	761	83,3	gloklaste
LNU816_H9	trigo 12v3 BE400688	2764	4727	761	82,5	gloklaste
LNU816_H11	trigo 12v3 TAU67717	2765	4728	761	82	gloklaste
LNU816_H12	cevada 12v1 EX595315_P1	2766	4729	761	81,8	gloklaste
LNU816_H13	trigo 12v3 SRR400820X1008111D1	2767	4730	761	80,88	gloklaste
LNU816_H14	trigo 12v3 SRR400820X1034615D1	2768	4731	761	80,88	gloklaste
LNU816_H15	brachypodium 12v1 BRAD11G42750_P1	2769	4732	761	80,7	gloklaste
LNU821_H1	sorgo 12v1 SB02G033100	2770	4733	764	95,9	gloklaste
LNU821_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1029452M_P1	2771	4734	764	90,7	gloklaste
LNU821_H3	arroz 11v1 BI808865	2772	4735	764	82,3	gloklaste
LNU821_H4	brachypodium 12v1 BRAD11G28110T2_P1	2773	4736	764	81,1	gloklaste
LNU824_H2	sorgo 12v1 SB03G004750	2774	4737	765	96,9	gloklaste
LNU824_H3	cana_de_águçar 10v1 CA072104	2775	4737	765	96,9	gloklaste
LNU824_H4	milho_painço 11v3 PHY7S1002015M_P1	2776	4738	765	95,8	gloklaste
LNU824_H6	capim_chorão glb167 FL699463	2777	4739	765	95,2	gloklaste
LNU824_H52	capim_chorão 12v1 FE635824_P1	2778	4740	765	94,7	gloklaste
LNU824_H7	arroz 11v1 U37978	2779	4741	765	92,7	gloklaste
LNU824_H8	brachypodium 12v1 BRAD12G04130_P1	2780	4742	765	91,6	gloklaste
LNU824_H9	cevada 12v1 BI954198_P1	2781	4743	765	91,3	gloklaste
LNU824_H10	festuca glb161 DT698307_P1	2782	4744	765	91,3	gloklaste
LNU824_H11	aveia 11v1 GO582430X1_P1	2783	4745	765	91,3	gloklaste
LNU824_H12	centeio 12v1 DRR001012,148971	2784	4743	765	91,3	gloklaste
LNU824_H13	centeio 12v1 DRR001012,252020	2785	4743	765	91,3	gloklaste
LNU824_H14	arroz 11v1 AB060277	2786	4746	765	91	gloklaste
LNU824_H15	trigo 12v3 BE444676	2787	4747	765	91	gloklaste
LNU824_H16	centeio 12v1 DRR001012,21112	2788	4748	765	90,73	gloklaste
LNU824_H17	sorgo 12v1 SB09G005010	2789	4749	765	89,9	gloklaste
LNU824_H53	capim_chorão 12v1 DN141584_P1	2790	4750	765	89,9	gloklaste
LNU824_H18	milho_painço 11v3 PHY7S1022491M_P1	2791	4751	765	89,6	gloklaste
LNU824_H19	milho 10v1 AI783320_P1	2792	4752	765	89,6	gloklaste
LNU824_H20	capim_chorão glb167 DN141584	2793	4753	765	89,6	gloklaste
LNU824_H54	capim_chorão 12v1 FE599982_P1	2794	4753	765	89,6	gloklaste
LNU824_H22	painço 10v1 CD725074_P1	2795	4754	765	89,3	gloklaste
LNU824_H23	cevada 12v1 BI959386_P1	2796	4755	765	88,8	gloklaste
LNU824_H24	brachypodium 12v1 BRAD12G34470_P1	2797	4756	765	88,8	gloklaste
LNU824_H25	aveia 11v1 CN816246_P1	2798	4757	765	88,5	gloklaste
LNU824_H26	centeio 12v1 DRR001012,242642	2799	4758	765	88,2	gloklaste
LNU824_H31	centeio 12v1 DRR001012,153481	2800	4759	765	85,7	gloklaste
LNU824_H55	capim_chorão 12v1 DN145318_P1	2801	4760	765	83,7	gloklaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU824_H32	cacau 10v1 CU505404_P1	2802	4761	765	82,5	globlaste
LNU824_H34	cana_de_açúcar 10v1 CA084205	2803	4762	765	82,3	globlaste
LNU824_H33	euonymus 11v1 SRR070038X188424_P1	2804	4763	765	82,1	globlaste
LNU824_H35	uva 11v1 GSVIVT01024573001_P1	2805	4764	765	81,8	globlaste
LNU824_H36	laranja 11v1 CF418875_P1	2806	4765	765	81,6	globlaste
LNU824_H43	tripterygium 11v1 SRR098677X105610	2807	4766	765	81,01	globlaste
LNU824_H38	euphorbia 11v1 DV129031_P1	2808	4767	765	81	globlaste
LNU824_H39	mamão gb165 EX228132_P1	2809	4768	765	81	globlaste
LNU824_H40	amborella 12v3 CK763625_P1	2810	4769	765	80,8	globlaste
LNU824_H48	uva 11v1 GSVIVT01032677001_P1	2811	4770	765	80,8	globlaste
LNU824_H56	mamonã 12v1 EE260514_P1	2812	4771	765	80,8	globlaste
LNU824_H46	amlrosial 11v1 SRR346935_200226_P1	2813	4772	765	80,7	globlaste
LNU824_H44	algodão 11v1 CO077706_P1	2814	4773	765	80,6	globlaste
LNU824_H45	gossypium_raimondii 12v1 BE054298_P1	2815	4773	765	80,6	globlaste
LNU824_H51	faia 11v1 SRR006293_9817_T1	2816	4774	765	80,39	globlaste
LNU824_H50	algodão 11v1 BE054298_P1	2817	4775	765	80,3	globlaste
LNU824_H57	castanha gb170 SRR006295S0038807_P1	2818	4776	765	80,2	globlaste
LNU824_H58	eucalipto 11v2 CB967757_P1	2819	4777	765	80,2	globlaste
LNU824_H59	amsonia 11v1 SRR098688X158094_T1	2820	4778	765	80,17	globlaste
LNU829_H2	milho 10v1 SRR014550S0010991_T1	2821	4779	767	94,63	globlaste
LNU829_H3	cana_de_açúcar 10v1 CF572667	2822	4780	767	94,48	globlaste
LNU829_H8	capim_chorão 12v1 SRR187765_561639_P1	2823	4781	767	93,8	globlaste
LNU829_H6	sorgo 12v1 SB12V2PRD006827	2824	4782	767	90	globlaste
LNU829_H7	arroz 11v1 AF171223	2825	4783	767	81,4	globlaste
LNU831_H1	sorgo 12v1 SB01G011000	2826	4784	768	84,92	globlaste
LNU831_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1036219M_P1	2827	4785	768	84,1	globlaste
LNU833_H1	sorgo 12v1 SB02G029650	2828	4786	769	91,9	globlaste
LNU833_H3	milho_painço 11v3 EC612621_P1	2829	4787	769	87	globlaste
LNU847_H1	trigonella 11v1 SRR066194X264388	2830	4788	772	94,4	globlaste
LNU847_H2	soja 12v1 GLYMA17G02680_P1	2831	4789	772	83	globlaste
LNU847_H3	feijão 12v2 SRR001334_102552_P1	2832	4790	772	82	globlaste
LNU847_H4	soja 12v1 GLYMA07G38020_P1	2833	4791	772	80,4	globlaste
LNU858_H3	milho 10v1 BM266633_P1	2834	4792	774	93,5	globlaste
LNU858_H4	milho 10v1 AI834674_P1	2835	4793	774	90,3	globlaste
LNU858_H1	milho_painço 11v3 PHY7S1016470M_P1	2836	4794	774	86,9	globlaste
LNU858_H2	painço 10v1 EVO454PM002436_P1	2837	4795	774	86,6	globlaste
LNU858_H5	capim_chorão 12v1 FE613408_P1	2838	4796	774	85,2	globlaste
LNU858_H6	capim_chorão 12v1 FL693746_P1	2839	4797	774	81,8	globlaste
LNU898_H1	sorgo 12v1 SB04G003360	2840	4798	778	94,3	globlaste
LNU898_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1017281M_P1	2841	4799	778	93,7	globlaste
LNU898_H3	painço 10v1 EVO454PM005287_P1	2842	4800	778	93,7	globlaste
LNU898_H4	milho 10v1 AI948259_T1	2843	4801	778	93,63	globlaste
LNU898_H5	milho 10v1 BQ538526_P1	2844	4802	778	93,2	globlaste
LNU898_H9	capim_chorão 12v1 FE615026_P1	2845	4803	778	92,5	globlaste
LNU898_H6	capim_chorão gb167 FL699057	2846	4804	778	91,84	globlaste
LNU898_H7	arroz 11v1 BE229038	2847	4805	778	86	globlaste
LNU898_H8	brachypodium 12v1 BRADI3G03680_P1	2848	4806	778	82,9	globlaste
LNU900_H7	arroz 11v1 AU083413	2849	4807	779	83,4	globlaste
LNU901_H2	milho 10v1 AW244952_P1	2850	4808	780	90,1	globlaste
LNU901_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1001444M_P1	2851	4809	780	88,8	globlaste
LNU901_H4	brachypodium 12v1 BRADI2G02560T2_P1	2852	4810	780	84,5	globlaste
LNU901_H5	trigo 12v3 BE606820	2853	4811	780	83,6	globlaste
LNU901_H8	centeio 12v1 BE586835	2854	4812	780	82,47	globlaste
LNU901_H6	arroz 11v1 BI806473	2855	4813	780	82,4	globlaste
LNU901_H7	cevada 12v1 BI952377_P1	2856	4814	780	82,4	globlaste
LNU901_H9	centeio 12v1 DRR001012_187398	2857	4815	780	81,42	globlaste
LNU904_H2	milho_painço 11v3 EC613499_P1	2858	4816	781	82,1	globlaste
LNU906_H1	milho 10v1 AW055628_P1	2859	4817	782	88,2	globlaste

Hom. ao Nome	Organismo / Nome do agrupamento	ID SEQ. Nº do Polin.	ID SEQ. Nº do Polip.	Hom. à ID SEQ. Nº	% de Id. global	Algor.
LNU906_H2	milho 10v1 BQ703950_P1	2860	4818	782	88,2	globlastp
LNU906_H3	milho_painço 11v3 PHY7S1000363M_P1	2861	4819	782	84	globlastp
LNU909_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1000744M_P1	2862	4820	784	84,6	globlastp
LNU909_H3	capim_chorão gb167 FL723049	2863	4821	784	82,21	globlastn
LNU909_H5	capim_chorão 12v1 FL977640_T1	2864	4822	784	82,1	globlastn
LNU909_H4	painço 10v1 EVO454PM008179_P1	2865	4823	784	82,1	globlastp
LNU911_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1000115M_P1	2866	4824	785	85,1	globlastp
LNU930_H1	milho 10v1 AW787241_P1	2867	4825	786	91,5	globlastp
LNU930_H4	capim_chorão 12v1 FL706853_T1	2868	4826	786	83,49	globlastn
LNU930_H2	capim_chorão gb167 FE618499	2869	4827	786	82,9	globlastp
LNU930_H5	capim_chorão 12v1 FE618499_P1	2870	4828	786	82,4	globlastp
LNU930_H3	milho_painço 11v3 EC613524_P1	2871	4829	786	80,8	globlastp
LNU932_H1	milho 10v1 T27560_P1	2872	4830	787	85,1	globlastp
LNU938_H1	milho 10v1 DN222454_P1	2873	4831	789	87,6	globlastp
LNU938_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1027048M_P1	2874	4832	789	83,9	globlastp
LNU938_H4	capim_chorão 12v1 SRR187769,1104778_T1	2875	4833	789	83,33	globlastn
LNU938_H5	capim_chorão 12v1 FL787692_P1	2876	4834	789	82,6	globlastp
LNU938_H3	sorgo 12v1 SB05G025910	2877	4835	789	81,1	globlastp
LNU938_H6	milho_painço 11v3 PHY7S1027821M_P1	2878	4836	789	80,7	globlastp
LNU954_H1	cana_de_açúcar 10v1 BQ533017_P1	2879	4837	791	94,2	globlastp
LNU954_H2	milho_painço 11v3 PHY7S1022586M_P1	2880	4838	791	83	globlastp
LNU954_H3	cenchrus gb166 EB653183_P1	2881	4839	791	81	globlastp
LNU956_H2	milho 10v1 AW520032_T1	2882	4840	792	89,58	globlastn
LNU956_H4	capim_chorão gb167 FL701157	2883	4841	792	85,12	globlastn
LNU956_H10	capim_chorão 12v1 FL701157_P1	2884	4842	792	83,3	globlastp
LNU956_H5	milho_painço 11v3 PHY7S1021390M_P1	2885	4843	792	82,7	globlastp
LNU968_H1	milho 10v1 BI233953_P1	2886	4844	793	80,7	globlastp
LNU977_H4	centeio 12v1 DRR001012,145037	2887	4845	794	97,3	globlastp
LNU977_H5	centeio 12v1 DRR001012,173329	2888	4846	794	96,7	globlastp
LNU977_H6	centeio 12v1 DRR001012,153346	2889	4847	794	96,7	globlastp
LNU977_H7	cevada 12v1 BF254361_P1	2890	4848	794	96,3	globlastp
LNU977_H3	centeio 12v1 DRR001012,735828	2891	4849	794	95,89	globlastn
LNU977_H1	trigo 12v3 BE398977	2892	4850	794	93,7	globlastp
LNU977_H9	trachypodium 12v1 BRAD11G76830_P1	2893	4851	794	88,3	globlastp
LNU977_H13	painço 10v1 EVO454PM012399_T1	2894	4852	794	81,4	globlastn
LNU977_H14	milho_painço 11v3 PHY7S1035189M_P1	2895	4853	794	80,7	globlastp
LNU977_H15	capim_chorão 12v1 FL721232_P1	2896	4854	794	80,3	globlastp
LNU977_H16	capim_chorão 12v1 FL901810_T1	2897	4855	794	80,04	globlastn

Tabela 2: São fornecidos polipeptídeos e polinucleotídeos homólogos (p.ex., ortólogos) dos genes identificados na Tabela 1 e seus genes clonados, os quais podem aumentar a eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizante, produção, produção de sementes, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso de água de uma planta. A homologia foi calculada como % de identidade sobre as sequências de alinhamento. As sequências de consultas foram as sequências de polipeptídeos das ID SEQ. Nº 496-794 e as sequências de polinucleotídeos das ID SEQ. Nº 1-495 e as sequências em questão são sequências de polipeptídeos ou sequências de polinucleotídeos que foram dinamicamente transpostas em todos os seis quadros de leitura identificados no banco de dados com base em identidade maior que 80% com relação às sequências de polipeptídeos da consulta. “Polip.” = polipeptídeo; “Polin” – polinucleotídeo; “Algor.” = Algoritmo; “globlastp” – homologia global utilizando blastp; “globlastn” – homologia global utilizando tblastn. “Hom.” – homólogo, “Id.” = identidade.

[00386] O resultado da abordagem genômica funcional descrita aqui é um conjunto de genes com estimativas elevadas de melhoria da eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizante, produção, produção de sementes, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, produção da fibra, qualidade da fibra, comprimento da fibra, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso de água de uma planta, aumentando sua expressão.

[00387] Embora estime-se que cada gene tenha seu próprio impacto, espera-se que a modificação do modo de expressão de mais de um gene ou

produto de gene (RNA, polipeptídeo) forneça um efeito aditivo ou sinérgico sobre uma característica desejada (p.ex., eficiência no uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizante, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso de água de uma planta). Ao alterar a expressão de cada gene descrito aqui, o gene sozinho ou o conjunto de genes aumenta a produção global e/ou outros traços agrícolas importantes e, deste modo, espera-se aumentar a produtividade agrícola.

EXEMPLO 3

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE CEVADA E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE CEVADA 44K

[00388] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade, comparando o fenótipo da planta e o nível de expressão do gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de cevada, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto) com/Scripts/PDS (ponto) asp?lPage=50879]. O oligonucleotídeo do arranjo representa cerca de 47.500 genes e transcrições de cevada. Para definir as correlações entre os níveis de expressão de RNA e parâmetros relacionados aos componentes de produção ou vigor, várias características de plantas de 25 diferentes acessos de cevada foram analisadas. Dentre elas, 13 acessos englobando a variação observada foram selecionados para análise de expressão de RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação de Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

Procedimentos Experimentais:

[00389] Tecidos de cevada analisados - Cinco tecidos em diferentes estádios de desenvolvimento [meristema, flor, espiguetas, caule e folha] que representam diferentes características da planta foram amostrados e o RNA

foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido na Tabela 3 abaixo.

Tabela 3

Conjuntos de expressão de transcriptoma de cevada

Conjunto de Expressão	ID de Conjunto
Espiga em estágio inicial	1
Espiga em floração	2
Meristema	3
Caule	4

Tabela 3.

[00390] Avaliação dos parâmetros relacionados aos componentes de produção e vigor de Cevada – 25 acessos de cevada em 4 blocos repetitivos (chamados A, B, C e D), cada um contendo 4 plantas por lote foram cultivados em estufa com rede. As plantas foram fenotipadas em uma base diária, seguindo o descritor padrão de cevada (Tabela 4, abaixo). A colheita foi conduzida enquanto 50% das espigas foram secados para evitar liberação espontânea das sementes. As plantas foram separadas para a parte vegetativa e espigas, delas, 5 espigas foram debulhadas (grãos foram separados das glumas) para análise adicional de grão tal como medição do tamanho, contagem do grão por espigão e produção de grão por espigão. Todo o material foi secado no forno e as sementes foram debulhadas manualmente a partir das espigas antes da medição das características de semente (peso e tamanho) utilizando varredura e análise da imagem. O sistema de análise de imagem incluiu um computador pessoal (processador Intel P43.0 GHz) e um programa de domínio público - ImageJ 1.37 (programa de processamento de imagem com base em Java, desenvolvido no Instituto Nacional de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponível na internet [rsbweb (ponto) nih (ponto) gov/]). Em seguida, os dados analisados foram salvos como arquivos de texto e processados utilizando o software JMP de análise estatística (Instituto SAS).

Tabela 4

Descritores padrões da cevada

Tabela 4.

Traço	Parâmetro	Faixa	Descrição
Hábito de cultivo	Pontuação	1-9	Prostrado (1) ou Ereto (9)
Pilosidade das folhas basais	Pontuação	P (Presença) / A (Ausência)	Ausência (1) ou Presença (2)
Pigmentação do caule	Pontuação	1-5	Verde (1), Basal apenas ou Metade ou mais (5)
Dias para Floração	Dias		Dias da semeadura para surgimento de arestas
Altura da planta	Centímetro (cm)		Altura do nível do solo para topo das espigas mais longas excluindo as arestas
Espigas por planta	Número		Contagem Terminal
Comprimento da espiga	Centímetro (cm)		Contagem Terminal de 5 espigas por planta
Grãos por espiga	Número		Contagem Terminal de 5 espigas por planta
Peso seco vegetal	Gramas		Secado no forno por 48 horas a 70°C
Peso seco das espigas	Gramas		Secado no forno por 48 horas a 30°C

[00391] Grãos por espiga - No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletadas. O número total de grãos das 5 espigas que foram manualmente debulhadas foi contado. O grão médio por espiga foi calculado dividindo o número total do grão pelo número de espigas.

[00392] Tamanho médio do grão (cm) - No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletadas. Os grãos totais de 5 espigas que foram manualmente debulhadas foram digitalizados e as imagens foram analisadas utilizando o sistema de formação de imagem digital. A digitalização do grão foi feita utilizando o digitalizador Brother (modelo DCP-135), na resolução de 200 dpi e analisada com o software Imagem J. O tamanho médio do grão foi calculado dividindo o tamanho total do grão pelo número total do grão.

[00393] Peso médio do grão (mg) - No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletadas. Os grãos totais das 5 espigas que foram manualmente debulhadas foram contados e pesados. O peso médio foi calculado dividindo o peso total pelo número total do grão.

[00394] Produção de grão por espiga (g) - No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletadas. Os grãos totais de 5 espigas que foram manualmente debulhadas foram pesados. A produção de grão foi calculada dividindo o peso

total pelo número da espiga.

[00395] Análise do comprimento da espiga – No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletadas. As cinco espigas escolhidas por planta foram medidas utilizando fita métrica excluindo as arestas.

[00396] Análise do número de espigas - No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletadas. As espigas por planta foram contadas.

[00397] Pontuação do hábito de cultivo – No estágio de cultivo 10 (inicialização), cada uma das plantas foi pontuada para sua natureza de hábito de cultivo. A escala que foi utilizada foi 1 para natureza prostrada até para ereta.

[00398] Pilosidade de folhas basais – No estágio de cultivo 5 (revestimento da folha fortemente ereta; fim de perfilhamento), cada uma das plantas foi pontuada para sua natureza de pilosidade da folha antes da última. A escala que foi utilizada foi 1 para natureza prostrada até 9 para ereta.

[00399] Altura da planta – No estágio da colheita (50% das espigas foram secados), cada uma das plantas foi medida por sua altura utilizando fita métrica. A altura foi medida do nível do solo para o topo da espiga mais longa excluindo as arestas.

[00400] Dias para floração – Cada uma das plantas foi monitorada para data de floração. Dias de floração foram calculados a partir da data da semeadura até a data da floração.

[00401] Pigmentação do caule – No estágio de cultivo 10 (inicialização), cada uma das plantas foi pontuada por sua cor do caule. A escala que foi utilizada foi 1 para verde até 5 para roxo total.

[00402] Peso seco vegetal e produção de espiga - No final do experimento (50% das espigas foram secados), todas as espigas e material vegetal dos lotes dentro dos blocos A-D foram coletados. O peso da biomassa

e espigas de cada lote foi separado, medido e dividido pelo número de plantas.

[00403] Peso seco = peso total da parte vegetativa acima do solo (excluindo raízes) após secar a 70 °C no forno por 48 horas.

[00404] Produção de espiga por planta = peso total da espiga por planta (g) após secar a 30 °C no forno por 48 horas.

[00405] Índice de colheita (para cevada) – o índice de colheita foi calculado utilizando a Fórmula XVIII acima.

Tabela 5

Parâmetros correlacionados à Cevada (vetores)

Parâmetro correlacionado com (unidades)	ID de Correlação
Peso do Grão [miligramas]	1
Tamanho dos Grãos [mm ²]	2
Grãos por espiga [número]	3
Hábito de cultivo [pontuação 1-9]	4
Pilosidade de folhas basais [pontuação 1-2]	5
Altura da planta [cm]	6
Produção de sementes de 5 espigas [grama]	7
Comprimento da espiga [cm]	8
Espiga por planta [número]	9
Pigmentação do caule [pontuação 1-5]	10
Peso seco vegetal [grama]	11
Dias para floração [dias]	12

Tabela 5.

Resultados Experimentais:

[00406] 13 diferentes acessos de cevada foram cultivados e caracterizados com relação a 13 parâmetros, conforme descrito acima. A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP e os valores foram resumidos nas Tabelas 6 e 7 abaixo. A análise de correlação subsequente entre os vários conjuntos de expressão de transcriptoma (Tabela 3) e os parâmetros médios foi conduzida. Em seguida, os resultados foram integrados à base de dados.

Tabela 6

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de cevada

Acesso/Parâmetro	1	2	3	4	5	6
Linha-1	35,046	0,265	20,229	2,600	1,533	134,267
Linha-2	28,065	0,229	17,983	2,000	1,333	130,500
Linha-3	28,761	0,244	17,267	1,923	1,692	138,769

Linha-4	17,869	0,166	17,733	3,167	1,083	114,583
Linha-5	41,216	0,295	14,467	4,333	1,417	127,750
Linha-6	29,734	0,275	16,783	2,692	1,692	129,385
Linha-7	25,224	0,220	12,120	3,600	1,300	103,889
Linha-8	34,994	0,278	14,067	3,500	1,188	121,625
Linha-9	20,580	0,187	21,540	3,000	1,000	126,800
Linha-10	27,501	0,224	12,100	3,667	1,167	99,833
Linha-11	37,126	0,273	13,400	2,467	1,600	121,400
Linha-12	29,564	0,271	15,283	3,500	1,083	118,417
Linha-13	19,583	0,179	17,067	3,000	1,167	117,167

Tabela 6. São fornecidos os valores para cada um dos parâmetros medidos em acessos de Cevada, de acordo com as identificações de correlação (IDs de Correlação da Tabela 5 acima).

Tabela 7

Acesso/Parâmetro	7	8	9	10	11	12
Linha-1	3,559	12,036	48,846	1,133	78,871	62,400
Linha-2	2,538	10,932	48,273	2,500	66,141	64,083
Linha-3	2,583	11,825	37,417	1,692	68,491	65,154
Linha-4	1,574	9,900	61,917	1,750	53,389	58,917
Linha-5	3,030	11,682	33,273	2,333	68,300	63,000
Linha-6	2,517	11,532	41,692	2,308	74,173	70,538
Linha-7	1,549	8,863	40,000	1,700	35,354	52,800
Linha-8	2,624	11,216	40,625	2,188	58,334	60,875
Linha-9	2,300	11,108	62,000	2,300	62,230	58,100
Linha-10	1,678	8,583	49,333	1,833	38,322	53,000
Linha-11	2,677	10,179	50,600	3,067	68,306	60,400
Linha-12	2,353	10,505	43,091	1,583	56,148	64,583
Linha-13	1,673	9,803	51,400	2,167	42,682	56,000

Tabela 7. São fornecidos os valores para cada um dos parâmetros medidos em acessos de Cevada, de acordo com as identificações de correlação (IDs de Correlação da Tabela 5 acima).

Tabela 8

Correlação entre o nível de expressão de polinucleotídeos selecionados da invenção e seus homólogos em estágios de desenvolvimento ou tecidos específicos e o desempenho fenotípico em acessos de Cevada

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. Cor.
LNU750	0,80	5,15E-03	2	9	LNU756	0,70	1,59E-02	3	2
LNU756	0,73	1,05E-02	3	1	LNU756	0,74	8,57E-03	3	5
LNU757	0,75	7,80E-03	1	7	LNU757	0,74	8,71E-03	1	11
LNU761	0,74	9,03E-03	3	1	LNU761	0,72	1,20E-02	3	6
LNU761	0,85	9,78E-04	3	8	LNU761	0,88	4,09E-04	3	7
LNU761	0,76	6,14E-03	3	11	LNU766	0,73	1,10E-02	1	5
LNU767	0,82	2,06E-03	3	2	LNU767	0,87	5,84E-04	3	1
LNU767	0,77	6,08E-03	3	8	LNU767	0,94	1,99E-05	3	7
LNU767	0,85	9,09E-04	3	11	LNU767	0,76	6,33E-03	3	12
LNU768	0,79	3,98E-03	1	9	LNU768	0,73	1,74E-02	2	4
LNU768	0,75	7,84E-03	3	9	LNU770	0,72	1,20E-02	1	9
LNU771	0,70	2,32E-02	2	5	LNU771	0,78	4,51E-03	3	2
LNU771	0,74	9,02E-03	3	1	LNU773	0,75	7,74E-03	3	9
LNU774	0,81	2,78E-03	3	2	LNU774	0,87	4,25E-04	3	1
LNU774	0,71	1,36E-02	3	7	LNU780	0,70	1,56E-02	1	2
LNU780	0,77	6,07E-03	1	1	LNU780	0,86	1,40E-03	2	4
LNU782	0,74	8,54E-03	3	8	LNU785	0,70	1,57E-02	1	8
LNU834	0,75	7,95E-03	3	1	LNU839	0,75	7,95E-03	3	1

Tabela 8. São fornecidas as correlações (R) e os valores-p entre os níveis de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários estágios de desenvolvimento ou tecidos (Conjuntos de expressão) e o desempenho fenotípico em vários componentes de vigor, produção (produção de semente, produção de óleo, teor de óleo), biomassa e/ou taxa de crescimento [Correlação (Cor.), Vector (Vet.), Expressão (Exp.)] Vector de Corr. = vetor de correlação especificado na Tabela 5; Conj. de Exp. = conjunto de expressão especificado na Tabela 3.

EXEMPLO 4

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE CEVADA E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE CEVADA 60K

[00407] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade, comparando o fenótipo da planta e o nível de expressão do gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de Cevada, produzido pela Agilent Technologies [chem. (ponto) agilent (ponto) com/Scripts/PDS (ponto) asp?lPage=50879]. O oligonucleotídeo do arranjo representa cerca de 60.000 genes e transcrições de Cevada. Para definir as correlações entre os níveis da expressão de RNA e os parâmetros relacionados à produção ou vigor, várias características de planta de 15 diferentes acessos de Cevada foram analisadas. Dentre elas, acessos englobando a variação observada foram selecionados para a análise de expressão de RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisando utilizando o teste de correlação Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

Procedimentos Experimentais:

[00408] Tecidos de cevada analisados – Tecidos em diferentes estágios de desenvolvimento, representando diferentes características da planta, foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido nas Tabelas 9-11 abaixo.

Tabela 9

Conjuntos de expressão de transcriptoma de Cevada sob condições normais e de baixo N (no estágio vegetal)

Conjunto de Expressão	ID de Conjunto
Raiz adventícia/T3/Baixo N	1
Raiz adventícia/T3/Normal	2
Folha/T3/Baixo N	3
Folha/T3/Normal	4
Ponta da raiz/T3/Baixo N	5
Ponta da raiz/T3/Normal	6

Tabela 9. São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de Cevada sob condições normais e de baixo N (baixo nitrogênio) (no estágio vegetal).

Tabela 10

Conjuntos de expressão de transcriptoma de Cevada sob condições normais e de baixo N (no estágio reprodutivo)

ID de Conjunto	Conjunto de Expressão
1	Reprodutivo/espiga em estágio inicial/Baixo N
2	Reprodutivo/espiga em estágio inicial/Normal
3	Reprodutivo/folha/Baixo N
4	Reprodutivo/folha/Normal:
5	Reprodutivo/caule/Baixo N
6	Reprodutivo/caule/Normal

Tabela 10. São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de Cevada sob condições normais e de baixo N (no estágio reprodutivo).

Tabela 11

Conjuntos de expressão de transcriptoma de Cevada sob condições de seca (no estágio vegetal)

ID de Conjunto	Conjunto de Expressão
1	Seca/Espiga em estágio inicial/reprodutivo
2	Seca/folha/reprodutivo
3	Seca/ folha/vegetal
4	Seca/meristemas/vegetal
5	Seca/ponta da raiz/vegetal
6	Seca/ ponta da raiz/vegetal

Tabela 11. São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de Cevada sob condições de seca (no estágio vegetal).

[00409] Avaliação dos parâmetros relacionados aos componentes de produção e vigor de Cevada - 15 acessos de Cevada em 5 blocos repetitivos, cada um contendo 5 plantas por lote, foram cultivadas na estufa de rede. Três tratamentos diferentes foram aplicados: as plantas foram fertilizadas e regadas regularmente durante o crescimento da planta até a colheita (conforme recomendado para o crescimento comercial, as plantas foram irrigadas de 2 a 3 vezes por semana, e a fertilização foi dada nos primeiros 1,5 meses do período de crescimento) ou com baixo Nitrogênio (80% por cento menos Nitrogênio) ou sob estresse devido à seca (ciclos de seca e re-irrigação foram conduzidos ao longo de todo o experimento, total de 40% menos de água dadas no tratamento a seco). As plantas foram fenotipadas diariamente de acordo com parâmetros listados na Tabela 12 abaixo. A colheita foi realizada enquanto todas as espigas eram secas. Todo o material foi seco em estufa e as

sementes foram debulhadas manualmente a partir das espigas antes da medição das características da semente (peso e tamanho) utilizando varredura e análise de imagem. O sistema de análise de imagem inclui um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 Ghz) e um programa de domínio público - ImageJ 1.37 (Java com base no programa de processamento de imagem, que foi desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde Dos Estados Unidos e livremente disponível na internet [rsbweb (ponto) nih (ponto) gov/]. Em seguida, dados de análise foram salvos para arquivos de textos e processados utilizando o software de análise estatística JMP (instituto SAS).

[00410] Produção de Grão (g.) - No final do experimento, todas as espigas dos lotes foram coletadas. O total de grãos a partir de todas as espigas que foram debulhadas manualmente foi pesado. A produção de grão foi calculada por lote ou por planta.

[00411] Análise do comprimento e largura da espiga - No final do experimento, o comprimento e largura das cinco espigas escolhidas por planta foram medida utilizando fita métrica, excluindo as aristas.

[00412] Análise do número de espigas - As espigas por planta foram contadas.

[00413] Altura da planta - Cada uma das plantas foi medida quando a sua altura, utilizando fita métrica. A altura foi medida a partir do nível do solo até o topo mais distante da espiga excluindo as aristas em dois pontos de tempo no crescimento Vegetal (30 dias após semeadura) e na colheita.

[00414] Peso da espiga - O peso da biomassa e espigas de cada unidade foi separado, medido e dividido pelo número de plantas.

[00415] Peso seco = peso total da parte vegetal acima da terra (excluindo as raízes) após secagem a 70°C na estufa por 48 horas em dois pontos de tempo no crescimento Vegetal (30 dias após semeadura) e na colheita.

[00416] Espigueta por espiga = número de espiguetas por espiga foi

contado.

[00417] Proporção Raiz/Broto - A proporção Raiz/Broto é calculada utilizando a Fórmula XXII acima.

[00418] Nº Total de Perfilhos - todos os perfilhos foram contados por unidade em dois pontos de tempo no crescimento Vegetal (30 dias após semeadura) e na colheita.

[00419] Porcentagem de perfilhos reprodutivos - o número de perfilhos reprodutivos excluindo uma espiga na colheita foi dividido pelo número total de perfilhos.

[00420] SPAD - O teor de clorofila foi determinado utilizando um medidor de clorofila Minolta SPAD 502 e a medição foi realizada no momento da floração. As leituras de medição de SPAD foram feitas em folha nova totalmente desenvolvida. Três medições por folha foram tiradas por lote.

[00421] FW da raiz (g.), comprimento da raiz (cm) e Nº de raízes laterais - 3 plantas por unidade foram selecionadas para medição do peso da raiz, comprimento da raiz e para contagem do número de raízes laterais formadas.

[00422] FW do Broto (peso fresco) - peso de 3 plantas por vaso foi registrado em diferentes pontos de tempo.

[00423] Área Média de Grão (cm²) - No final do período de crescimento, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área de grão foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00424] Comprimento e Largura Média do Grão (cm) - No final do período de crescimento, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma do comprimento e largura dos grãos (eixo mais longo) foi medida a partir

daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00425] Perímetro Médio do Grão (cm) - No final do período de crescimento, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma do perímetro do grão foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00426] Data de descrição - o dia no qual o estágio de inicialização foi observado foi registrado e o número de dias a partir da semeadura até a descrição foi calculado.

[00427] Teor relativo de água – o peso fresco (FW|fresh weight) de três folhas de três plantas de cada um dos diferentes IDs das sementes foi registrado de imediato; em seguida, as folhas foram embebidas por 8 horas em água destilada em temperatura ambiente no escuro e o peso túrgido (TW|turgid weight) foi registrado. O peso seco total (DW|dry weight) foi registrado após secagem das folhas a 60°C a um peso constante. O teor relativo da água (RWC|relative water content) foi calculado de acordo com a Fórmula I acima.

[00428] Índice de Colheita (para cevada) - O índice de colheita foi calculado utilizando a Fórmula XVIII acima.

[00429] Taxa de crescimento relativo: as taxas de crescimento relativo (RGR | relative growth rate) da Altura da Planta (Fórmula III acima), SPAD (Fórmula IV acima) e Número de perfilhos (Fórmula V acima) foram calculadas utilizando as Fórmulas indicadas.

[00430] Proporção Seca/Normal: Representa a proporção para o parâmetro específico dos resultados de condição de Seca divididos pelos resultados das condições Normais (manutenção do fenótipo sob Seca em comparação às condições normais).

Tabela 12

Parâmetros correlacionados à Cevada (vetores) sob condições normais e de

baixo N (no estágio vegetal)

Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Raízes laterais por planta em TP3 [número] Normal	1
Área Foliar [cm ²]	2
Número de Folhas - TP4 - Baixo N [número]	3
Comprimento máximo da folha em TP4 [mm] Normal	4
Largura máxima da folha em TP4 [mm] Normal	5
Comprimento máximo da folha em TP4 [mm] Baixo N	6
Largura máxima da folha em TP4 [mm] Baixo N	7
Raízes laterais por planta em TP3 [número] Baixo N	8
Número de Perfilhos - Baixo N - TP2 [número]	9
Número de Folhas [número]	10
Número de Sementes [número]	11
Número de Espigas [número]	12
Número de Perfilhos [número]	13
Altura da Planta (cm) - Normal	14
Altura da Planta (cm) - Baixo N	15
Altura da Planta (cm) - Baixo N - TP2	16
FW da raiz por planta no estágio vegetal [g.] Normal	17
Comprimento da raiz por planta no estágio vegetal [cm] Normal	18
FW da raiz por planta no estágio vegetal [g.] Baixo N	19
Comprimento da raiz por planta no estágio vegetal [cm] Baixo N	20
Nível de clorofila no estágio vegetal [SPAD] Normal	21
Nível de clorofila no estágio vegetal [SPAD] Baixo N	22
Produção de Sementes [g.]	23
Número de Sementes (por lote) - Baixo N [número]	24
Produção de Sementes [g.] - Baixo N	25
Produção de Sementes [g.] - Normal	26
FW do Broto por planta no estágio vegetal [g.] Normal	27
Comprimento da espiga [cm] Normal	28
Largura da espiga [mm] Normal	29
Peso total da espiga (por lote) - normal [g.]	30
Comprimento da espiga (cm) - Baixo N	31
Largura da espiga (cm) - Baixo N	32

Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Peso total da espiga (por lote) - Baixo N [g.]	33
Total de Perfilhos [número]	34
Área Total Foliar (mm ²) - TP4 - Baixo N	35
Nº Total de Espigas por lote - Baixo N [número]	36
Nº Total de Perfilhos por lote - Baixo N [número]	37
FW do Broto [g.] - Baixo N - TP2	38

Tabela 12. São fornecidos os parâmetros correlacionados à Cevada. “TP [time point]” = ponto no tempo; “DW” = peso seco; “FW” = peso fresco; “Baixo N” = Baixo nitrogênio.

Tabela 13

Parâmetros correlacionados à Cevada (vetores) sob condições normais e de baixo N (no estágio reprodutivo)

ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com
1	Perímetro do Grão [mm]
2	Área do Grão [mm]
3	Comprimento do Grão [mm]
4	Largura do Grão [mm]
5	DW dos Grãos / DW dos Brotos
6	Grãos por lote [número]
7	Peso dos grãos por planta [g.]
8	Peso dos grãos por lote [g.]
9	Altura da Planta [cm]
10	DW das Raízes [g.]
11	Número de filias [número]
12	FW das Espigas (Colheita) [g.]
13	Nº de espigas [número]
14	Perfilhamento (Colheita) [número]
15	DW Vegetal (Colheita) [g.]
16	Porcentagem de perfilhos reprodutivos [porcentagem]
17	Proporção broto/raiz

Tabela 13. São fornecidos os parâmetros correlacionados à Cevada sob condições normais e de baixo N (no estágio reprodutivo). “TP” = ponto no tempo; “DW” = peso seco; “FW” = peso fresco; “Baixo N” = Baixo nitrogênio; “Teor relativo de água [porcentagem], Proporção Seca/Normal – manutenção do fenótipo sob seca em comparação com as condições normais.

Tabela 14

Parâmetros correlacionados à Cevada (vetores) sob condições de seca (no estágio vegetal)

ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com
1	Nível de clorofila no estágio vegetal [SPAD] Seca
2	DW do broto na colheita [g.]
3	DW do broto na colheita por planta [g.] Seca
4	DW do broto por planta na colheita [g.] Seca
5	Grãos por planta [número] Seca
6	Produção de grãos por planta [g.] Seca
7	Índice de colheita
8	Data de florescimento [dias] Seca
9	RGR por altura da planta Seca
10	Taxa de crescimento relativo do Número de Perfilhos
11	Altura da planta por lote na colheita [cm] Seca
12	RBiH/BiH
13	Teor de água relativo vegetal [porcentagem] Seca
14	DW da raiz por planta no estágio vegetal [g.] Seca
15	FW da raiz por planta no estágio vegetal [g.] Seca
16	Comprimento da raiz por planta vegetal [cm] Seca
17	RGR por níveis de clorofila Seca
18	Comprimento da espiga [cm] Seca
19	Espigas por planta [número] Seca
20	Produção de espigas por planta [g.] Seca
21	Largura da espiga [mm] Seca
22	Perfilhos por planta na colheita [número] Seca
23	Raízes laterais por planta vegetal [número] Seca

Tabela 14. São fornecidos os parâmetros correlacionados à cevada sob condições de seca (no estágio vegetal). “RBiH/BiH” = proporção raiz-broto.

Resultados experimentais:

[00431] 15 acessos diferentes de Cevada foram cultivados e caracterizados com relação à diferentes parâmetros, conforme descrito acima.

As Tabelas 12-14 descrevem os parâmetros correlacionados à Cevada. A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP e os valores estão resumidos nas Tabelas 15- 24 abaixo. A análise de correlação subsequente entre os vários conjuntos de transcriptoma e os parâmetros médios foi conduzida. A seguir, os resultados foram integrados à base de dados.

Tabela 15

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de Cevada sob condições de baixo N (no estágio vegetal)

ID de Cor./ Linha	3	6	7	8	9	15	16	19	20	22
Linha-1	8,0	102,9	5,3	5,0	0,0	41,0	16,3	0,4	24,7	24,0
Linha-2	8,0	107,8	5,2	6,0	0,0	82,0	18,8	0,2	21,7	23,3
Linha-3	7,5	111,6	5,1	4,3	0,0	61,4	17,3	0,1	22,0	26,5
Linha-4	8,5	142,4	5,3	6,0	0,0	59,4	26,0	0,4	21,7	23,9
Linha-5	10,0	152,4	5,2	6,3	0,0	65,8	22,5	0,9	22,2	26,6
Linha-6	11,5	149,3	5,3	6,0	0,0	47,8	18,2	0,5	23,0	23,2
Linha-7	8,6	124,1	5,3	6,7	0,0	53,8	19,7	0,4	30,5	25,4
Linha-8	6,3	95,0	5,1	4,7	0,0	56,4	19,8	0,3	22,8	24,2
Linha-9	7,5	124,1	5,2	5,7	0,0	81,8	19,2	0,3	23,8	25,0
Linha-10	10,0	135,2	5,1	7,3	0,0	44,6	19,2	0,6	24,5	26,1

Tabela 15. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições de baixo N. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 16

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos adicionais de Cevada sob condições de baixo N (no estágio vegetal)

ID de Cor./ Linha	24	25	26	31	32	33	35	36	37	38
Linha-1	230,2	9,8	46,4	15,2	8,0	13,7	39,4	12,2	16,2	0,4
Linha-2	164,6	7,3	19,8	19,6	8,1	13,4	46,3	9,0	14,6	0,4
Linha-3	88,3	3,3	10,8	16,3	9,4	9,2	51,5	11,6	16,0	0,3
Linha-4	133,6	5,1	22,6	19,3	4,9	11,6	57,1	25,0	20,8	0,6
Linha-5	106,0	6,0	30,3	90,2	9,6	11,3	67,8	7,8	12,5	0,8
Linha-6	222,6	9,7	54,1	16,4	7,2	15,1	64,2	14,5	18,8	0,5
Linha-7	219,2	7,4	37,0	20,4	7,1	12,2	52,4	15,0	21,2	0,5
Linha-8	143,5	5,8	42,0	18,8	8,5	11,0	46,2	7,0	11,0	0,4
Linha-9	201,8	7,8	35,4	18,8	10,0	12,2	68,0	5,4	6,8	0,5
Linha-10	125,0	6,3	38,3	16,6	9,4	10,6	57,9	8,4	14,0	0,6

Tabela 16. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições de baixo N. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 17

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de Cevada sob condições normais (no estágio vegetal)

ID de Cor./ Linha	1	2	4	5	10	11	12	13	14	14
Linha-1	7,0	294,0	502,0	5,8	24,2	1090,0	41,5	2,0	64,7	64,7
Linha-2	8,7	199,0	348,0	5,5	18,2	510,0	32,0	2,0	84,0	84,0
Linha-3	8,3	273,0	499,0	5,8	22,7	242,0	36,0	1,0	67,4	67,4
Linha-4	9,7	276,0	594,0	6,0	25,5	582,0	71,4	2,3	82,0	82,0
Linha-5	10,7	313,0	535,0	4,6	23,2	621,0	34,2	2,3	72,0	72,0
Linha-6	9,7	309,0	551,0	5,3	28,3	1070,0	45,6	3,3	56,6	56,6
Linha-7	9,7	259,0	479,0	5,8	22,2	903,0	49,8	2,3	65,8	65,8
Linha-8	8,7	291,0	399,0	5,4	19,0	950,0	28,0	1,3	62,8	62,8
Linha-9	10,0	299,0	384,0	5,8	17,3	984,0	19,3	1,3	91,6	91,6
Linha-10	9,7	296,0	470,0	6,0	22,0	768,0	38,0	1,7	66,2	66,2

Tabela 17. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições normais. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 18

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos adicionais de Cevada sob condições normais (no estágio vegetal)

ID de Cor./ Linha	17	18	21	23	27	28	29	30	34
Linha-1	0,27	21,30	39,10	46,40	2,17	16,50	9,54	69,40	46,70
Linha-2	0,27	15,00	41,40	19,80	1,90	19,20	9,05	39,40	41,60
Linha-3	0,25	21,80	35,20	10,80	1,25	18,30	8,25	34,90	40,00
Linha-4	0,35	20,30	33,70	22,60	3,00	20,40	6,55	50,30	48,80
Linha-5	0,62	27,20	34,20	30,30	15,60	17,20	10,50	60,80	34,60
Linha-6	0,27	16,00	42,80	54,10	3,02	19,10	8,83	79,10	48,60
Linha-7	0,35	24,00	37,00	37,00	2,58	20,30	7,38	62,70	49,20
Linha-8	0,32	13,50	36,90	42,00	1,75	21,70	10,40	60,00	29,00
Linha-9	0,23	21,50	35,00	35,40	2,18	16,50	10,20	55,90	27,50
Linha-10	0,27	15,20	36,80	38,30	1,82	16,10	10,30	59,70	38,80

Tabela 18. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições normais. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 19

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de Cevada sob condições de baixo N (no estágio reprodutivo)

ID de Cor./ Linha	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Linha-1	2,24	0,25	0,89	0,35	0,40	683,40	6,65	33,24	76,40
Linha-2	2,24	0,24	0,87	0,35	0,16	510,50	3,96	19,81	84,00
Linha-3	2,18	0,24	0,86	0,35	1,01	1093,50	9,27	46,37	64,67
Linha-4	2,05	0,23	0,80	0,37	0,79	767,60	7,65	38,25	66,20
Linha-5	2,08	0,24	0,83	0,37	0,41	621,00	6,06	30,30	72,00
Linha-6	2,03	0,25	0,78	0,41	0,99	1069,00	10,83	54,13	56,60
Linha-7	2,25	0,24	0,90	0,35	0,67	987,75	7,94	39,69	68,00
Linha-8	1,88	0,22	0,72	0,39	0,61	903,20	7,40	36,98	65,80
Linha-9	2,09	0,23	0,82	0,36	0,28	581,80	4,52	22,58	82,00
Linha-10	2,03	0,22	0,79	0,36	1,04	904,40	8,41	39,68	62,80
Linha-11	2,02	0,24	0,80	0,37	0,12	242,40	2,00	10,84	67,40
Linha-12	1,98	0,21	0,80	0,34	0,86	928,40	8,05	40,26	76,20
Linha-13	1,69	0,18	0,65	0,35	0,58	984,20	7,08	35,37	91,60
Linha-14	1,98	0,19	0,82	0,29	0,05	157,67	0,75	3,73	44,00
Linha-15	1,89	0,17	0,77	0,29	0,08	263,25	1,14	5,68	52,75

Tabela 19. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições de baixo N (no estágio reprodutivo). As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 20

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos adicionais de Cevada sob condições de baixo N (no estágio reprodutivo)

ID de Cor./ Linha	10	11	12	13	14	15	16	17
Linha-1	118,30	6,00	69,84	38,60	44,25	89,20	82,30	1,48
Linha-2	150,68	6,00	39,86	32,00	41,60	99,65	77,75	0,64
Linha-3	86,28	6,00	69,40	41,50	46,67	45,79	86,69	0,84
Linha-4	85,19	6,00	59,72	38,00	38,80	49,39	94,23	0,82
Linha-5	120,31	6,00	60,83	34,20	34,60	74,32	89,74	1,15
Linha-6	90,70	2,80	79,12	45,60	48,60	55,11	93,73	0,69
Linha-7	40,58	6,00	63,50	30,00	32,40	47,29	89,49	1,26
Linha-8	90,51	2,00	62,74	49,80	55,20	60,32	90,28	0,72
Linha-9	92,59	2,00	50,30	71,40	50,60	88,01	91,21	1,17
Linha-10	63,95	5,20	59,95	28,00	29,00	38,89	92,50	0,71
Linha-11	286,63	6,00	34,92	36,00	40,00	97,71	91,73	0,38
Linha-12	95,79	6,00	60,08	27,60	28,50	48,33	85,31	0,51
Linha-13	34,04	6,00	55,88	23,60	27,50	62,52		2,16
Linha-14	121,27	4,67	16,93	54,67	26,00	57,97		0,67

Linha-15	206,75	4,00	21,70	48,00		72,78		0,40
----------	--------	------	-------	-------	--	-------	--	------

Tabela 20. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições de baixo N (no estágio reprodutivo). As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 21

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de Cevada sob condições normais (no estágio reprodutivo)

ID de Cor./ Linha	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Linha-1	2,29	0,25	0,90	0,35	0,39	153,20	1,34	6,68	75,20
Linha-2	2,33	0,25	0,92	0,35	0,42	164,60	1,46	7,31	82,00
Linha-3	2,28	0,26	0,93	0,35	1,25	230,20	1,95	9,76	41,00
Linha-4	2,08	0,24	0,82	0,36	0,69	125,00	1,26	6,29	44,60
Linha-5	2,13	0,25	0,86	0,37	0,43	100,00	1,13	5,67	65,80
Linha-6	1,96	0,23	0,76	0,38	0,87	222,60	1,95	9,74	47,80
Linha-7	2,09	0,23	0,83	0,35	0,77	159,40	1,28	6,40	60,60
Linha-8	1,88	0,21	0,74	0,36	0,53	219,20	1,47	7,35	53,80
Linha-9	2,19	0,24	0,86	0,35	0,34	133,60	0,98	5,06	59,40
Linha-10	1,88	0,20	0,73	0,35	0,87	134,40	1,16	5,43	56,40
Linha-11	2,03	0,22	0,81	0,35	0,15	88,25	0,92	4,62	61,40
Linha-12	2,11	0,23	0,85	0,35	0,58	174,25	1,34	6,67	65,60
Linha-13	1,77	0,19	0,68	0,36	0,76	201,80	1,57	7,83	81,80
Linha-14	2,00	0,19	0,81	0,30	0,05	86,67	0,29	1,44	69,00
Linha-15	1,90	0,17	0,79	0,28	0,07	61,60	0,22	1,12	57,40

Tabela 21. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições normais (no estágio reprodutivo). As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 22

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos adicionais de Cevada sob condições normais (no estágio reprodutivo)

ID de Cor./ Linha	10	11	12	13	14	15	16	17
Linha-1	39,91	6,00	11,40	10,80	16,00	17,42	68,69	0,69
Linha-2	26,24	6,00	13,44	9,00	14,60	17,76	61,85	1,08
Linha-3	17,31	6,00	13,74	12,20	16,20	8,25	76,94	0,77
Linha-4	32,91	6,00	10,62	8,40	14,00	7,28	59,63	0,38
Linha-5	33,87	6,00	11,34	7,80	12,50	13,25	65,63	0,83
Linha-6	83,84	2,00	15,06	14,50	18,80	11,32	79,84	0,42
Linha-7	29,65	6,00	11,64	8,40	11,60	8,95	73,85	0,29
Linha-8	37,21	2,00	12,18	15,00	21,20	14,18	71,01	0,57
Linha-9	44,38	2,00	11,64	25,00	23,50	15,68	95,83	0,60
Linha-10	14,46	5,20	8,76	7,00	11,00	6,42	64,87	0,55
Linha-11	41,54	6,00	9,15	11,60	16,00	55,92	68,75	2,88
Linha-12	23,75	6,00	12,42	7,60	10,75	11,54	74,24	1,36
Linha-13	20,87	6,00	12,18	5,40	6,75	10,88	81,40	0,89
Linha-14	49,69	2,00	5,68	16,40	35,00	58,92	37,14	2,49
Linha-15	54,02	2,00	5,04	12,00		17,05		0,40

Tabela 22. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições normais (no estágio reprodutivo). As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 23

Parâmetros adicionais medidos de IDs de correlação em acessos de Cevada sob condições de Seca

ID de Cor./ Linha	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Linha-1	41,33	6,15	0,22	1,90	170,00	5,55	0,47	75,00	0,27	0,07	46,00
Linha-2	33,57	5,05	0,21	1,52	267,50	9,80	0,66	71,00	0,86	0,10	52,80
Linha-3	36,57	3,20		1,17	111,00	3,55	0,53	65,00	0,73	0,06	35,00
Linha-4	40,50	3,28		1,95	205,33	7,20	0,69		0,88	0,07	38,00
Linha-5	45,07	4,76		1,90	153,60	5,28	0,53	66,75	0,40	0,16	45,20
Linha-6	39,73	3,55	0,17	1,22	252,50	7,75	0,69	90,00	0,94	0,06	48,00
Linha-7	38,33	4,52		1,75	288,40	9,92	0,69	90,00	0,70	0,10	37,67
Linha-8	36,17	3,38		1,58	274,50	10,25	0,75		0,71	0,05	41,20
Linha-9	42,13	5,67	0,25	1,88	348,50	8,50	0,60	90,00	0,77	0,10	40,80
Linha-10	31,77	3,31		1,73	358,00	14,03	0,81		0,80	0,06	49,86
Linha-11	33,47	2,65		1,00	521,39	17,52	0,87		0,92	0,06	43,00
Linha-12	42,37	5,12	0,13	0,90	71,50	2,05	0,29	90,00	0,39	0,18	47,40
Linha-13	42,27	6,86	0,19	0,90	160,13	5,38	0,44	81,60	0,88	0,15	64,80
Linha-14	36,77	3,11	0,22	1,43	376,67	11,00	0,78	90,00	-0,13	0,02	52,60
Linha-15	40,63	3,74		0,83	105,00	2,56	0,41		0,20	0,44	32,00

Tabela 23. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Cevada (linha) sob condições de cultivo de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 24

Parâmetros adicionais medidos de IDs de correlação em acessos adicionais de Cevada sob condições de Seca

ID de Cor./ Linha	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	
Linha-1	0,01	80,60	77,52	2,07	21,67	0,09	16,70	4,20	17,72	8,64	11,68	11,68	8,33
Linha-2	0,01	53,40	60,19	1,48	20,33	-0,12	16,85	4,36	24,24	9,07	9,04	9,04	8,67
Linha-3	0,01	55,87	27,13	1,12	22,00	0,00	13,27	7,60	18,20	7,83	10,92	10,92	7,33
Linha-4	0,01		18,62	1,87	24,00	0,01	13,55	8,44	18,00	7,32	10,16	10,16	7,67
Linha-5	0,03	43,22	117,42	1,67	20,67	0,04	14,19	4,92	19,50	8,74	10,32	10,32	6,67
Linha-6	0,02	69,78	70,72	1,68	18,33	-0,07	15,64	3,43	15,00	7,62	8,78	8,78	6,67
Linha-7	0,01	45,49	37,34	1,62	21,00	0,01	15,66	6,90	23,40	6,98	13,00	13,00	7,67
Linha-8	0,01	76,51	25,56	0,85	20,33	0,00	17,49	5,80	28,16	8,05	7,44	7,44	6,67
Linha-9	0,01	87,41	66,18	1,45	21,67	-0,06	16,00	8,55	21,96	6,06	13,92	13,92	6,00
Linha-10	0,01		22,13	1,38	19,67	0,04	18,31	9,67	33,03	6,73	11,00	11,00	8,67
Linha-11	0,02		41,12	0,82	16,67	0,05	17,42	5,42	34,80	9,55	6,78	6,78	7,67
Linha-12	0,02	58,32	116,95	0,58	17,00	0,00	14,23	3,05	11,73	7,84	8,45	8,45	6,33
Linha-13	0,01	80,58	84,10	0,63	15,17	-0,07	14,81	4,07	18,78	7,81	9,15	9,15	7,00
Linha-14	0,01	73,09	37,46	1,07	27,00	0,03	16,54	3,72	21,00	8,35	5,12	5,12	7,00
Linha-15	0,03		98,86	0,70	15,00	-0,06	12,72	3,21	9,88	5,47	16,13	16,13	6,67

Tabela 24. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em

acessos de Cevada (linha) sob condições de cultivo de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 25

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais e de baixo nitrogênio (no estágio vegetal) em acessos de cevada

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU749	0,76	1,75E-02	1	15	LNU750	0,73	2,45E-02	2	27
LNU750	0,77	1,54E-02	2	17	LNU750	0,87	2,60E-03	3	35
LNU751	0,89	1,30E-03	1	15	LNU751	0,98	2,69E-06	2	27
LNU751	0,93	2,74E-04	2	17	LNU751	0,76	1,73E-02	3	15
LNU752	0,72	2,74E-02	1	15	LNU752	0,92	5,34E-04	2	27
LNU752	0,86	2,91E-03	2	17	LNU753	0,84	4,60E-03	3	31
LNU753	0,74	2,15E-02	3	19	LNU754	0,85	3,73E-03	1	19
LNU754	0,78	1,29E-02	1	38	LNU754	0,84	5,09E-03	2	21
LNU754	0,71	3,26E-02	3	31	LNU754	0,86	3,31E-03	3	19
LNU754	0,80	8,98E-03	3	3	LNU754	0,86	3,10E-03	3	38
LNU756	0,94	4,00E-04	4	18	LNU756	0,72	4,47E-02	4	27
LNU756	0,74	3,76E-02	4	17	LNU756	0,70	2,33E-02	5	35
LNU756	0,87	9,76E-04	5	8	LNU756	0,70	2,33E-02	5	38
LNU756	0,74	1,40E-02	5	6	LNU756	0,78	1,34E-02	3	31
LNU756	0,72	2,94E-02	3	38	LNU757	0,70	5,28E-02	6	28
LNU757	0,77	9,44E-03	5	6	LNU757	0,88	1,66E-03	3	20
LNU758	0,79	2,06E-02	4	14	LNU758	0,86	1,27E-03	5	20
LNU758	0,77	1,60E-02	3	24	LNU759	0,80	8,91E-03	3	3
LNU759	0,72	2,87E-02	3	8	LNU760	0,73	3,85E-02	4	18
LNU760	0,74	2,15E-02	3	19	LNU760	0,79	1,07E-02	3	3
LNU760	0,85	4,06E-03	3	22	LNU760	0,73	2,57E-02	3	38
LNU760	0,70	3,50E-02	3	6	LNU761	0,73	4,00E-02	6	10
LNU761	0,81	1,47E-02	6	27	LNU761	0,90	2,64E-03	6	13
LNU761	0,74	2,34E-02	1	15	LNU761	0,83	1,07E-02	4	14
LNU761	0,83	6,15E-03	2	27	LNU761	0,76	1,68E-02	2	17
LNU761	0,86	3,06E-03	3	31	LNU761	0,73	2,49E-02	3	19
LNU762	0,71	4,71E-02	6	27	LNU762	0,84	9,31E-03	6	13
LNU762	0,84	4,92E-03	1	7	LNU762	0,76	1,68E-02	1	37
LNU763	0,81	1,58E-02	6	5	LNU763	0,73	2,70E-02	2	18
LNU763	0,74	2,30E-02	2	27	LNU763	0,74	2,25E-02	2	17
LNU764	0,73	3,83E-02	4	18	LNU764	0,77	9,51E-03	5	26
LNU764	0,77	8,83E-03	5	7	LNU764	0,75	1,26E-02	5	25
LNU764	0,74	1,50E-02	5	33	LNU764	0,76	1,85E-02	3	7
LNU764	0,76	1,68E-02	3	36	LNU764	0,80	9,88E-03	3	16
LNU766	0,71	4,88E-02	6	27	LNU766	0,77	2,65E-02	6	13
LNU766	0,71	3,21E-02	1	8	LNU766	0,87	2,11E-03	1	20
LNU766	0,73	4,02E-02	4	14	LNU766	0,78	7,63E-03	5	19
LNU766	0,83	2,85E-03	5	3	LNU766	0,77	9,25E-03	5	8
LNU766	0,83	6,19E-03	2	21	LNU766	0,71	3,08E-02	3	15
LNU767	0,76	1,02E-02	5	31	LNU767	0,77	1,54E-02	3	31
LNU768	0,84	8,81E-03	6	13	LNU768	0,77	1,43E-02	1	35
LNU768	0,72	2,93E-02	1	6	LNU768	0,74	3,42E-02	4	10
LNU768	0,85	3,32E-03	3	31	LNU769	0,74	2,19E-02	1	24
LNU769	0,77	9,46E-03	5	20	LNU769	0,72	2,94E-02	2	11

LNU770	0,79	6,40E-03	5	19	LNU770	0,77	9,80E-03	5	35
LNU770	0,94	4,58E-05	5	38	LNU770	0,81	4,44E-03	5	6
LNU770	0,73	2,54E-02	3	19	LNU770	0,78	1,29E-02	3	3
LNU770	0,83	6,19E-03	3	38	LNU770	0,72	2,94E-02	3	6
LNU771	0,74	3,66E-02	4	10	LNU771	0,90	2,59E-03	4	18
LNU771	0,76	1,64E-02	2	29	LNU772	0,72	4,44E-02	6	5
LNU772	0,73	4,12E-02	4	34	LNU772	0,70	5,24E-02	4	18
LNU772	0,77	1,60E-02	2	18	LNU773	0,78	2,35E-02	6	12
LNU773	0,75	3,21E-02	6	27	LNU773	0,72	3,00E-02	1	20
LNU773	0,88	7,99E-04	5	8	LNU773	0,82	7,06E-03	3	31
LNU773	0,93	3,04E-04	3	19	LNU773	0,84	4,98E-03	3	3
LNU773	0,94	2,08E-04	3	38	LNU773	0,82	6,35E-03	3	6
LNU774	0,92	1,27E-03	6	5	LNU774	0,83	5,80E-03	1	31
LNU774	0,73	2,53E-02	1	19	LNU774	0,75	1,97E-02	1	38
LNU774	0,73	3,92E-02	4	1	LNU774	0,80	1,80E-02	4	27
LNU774	0,80	1,70E-02	4	17	LNU774	0,84	4,74E-03	2	18
LNU774	0,85	3,61E-03	2	27	LNU774	0,86	2,84E-03	2	17
LNU774	0,93	3,07E-04	3	31	LNU774	0,84	5,09E-03	3	19
LNU774	0,74	2,28E-02	3	35	LNU774	0,89	1,46E-03	3	38
LNU774	0,77	1,45E-02	3	6	LNU775	0,72	4,43E-02	6	21
LNU775	0,73	4,07E-02	6	27	LNU775	0,76	2,95E-02	6	13
LNU775	0,70	3,53E-02	1	24	LNU775	0,73	3,80E-02	4	2
LNU775	0,78	1,28E-02	3	31	LNU775	0,71	3,36E-02	3	38
LNU776	0,82	1,33E-02	4	28	LNU776	0,89	2,89E-03	4	13
LNU776	0,80	9,89E-03	3	31	LNU776	0,73	2,67E-02	3	19
LNU776	0,79	1,15E-02	3	35	LNU776	0,83	5,87E-03	3	38
LNU776	0,88	1,76E-03	3	6	LNU776	0,79	1,14E-02	3	16
LNU777	0,94	4,33E-04	6	17	LNU777	0,87	2,53E-03	1	19
LNU777	0,96	4,74E-05	1	38	LNU777	0,79	1,16E-02	1	6
LNU777	0,83	5,49E-03	3	31	LNU777	0,86	3,12E-03	3	19
LNU777	0,80	9,73E-03	3	38	LNU778	0,79	1,94E-02	6	13
LNU778	0,87	4,98E-03	6	14	LNU778	0,73	1,74E-02	5	25
LNU778	0,70	2,30E-02	5	33	LNU778	0,82	7,02E-03	2	2
LNU778	0,74	2,19E-02	3	3	LNU778	0,79	1,12E-02	3	38
LNU778	0,82	7,05E-03	3	6	LNU779	0,77	1,61E-02	3	19
LNU779	0,91	7,64E-04	3	3	LNU779	0,74	2,40E-02	3	8
LNU779	0,82	7,27E-03	3	38	LNU779	0,73	2,55E-02	3	6
LNU780	0,74	3,59E-02	4	1	LNU780	0,73	1,56E-02	5	8
LNU780	0,77	8,82E-03	5	38	LNU780	0,76	1,80E-02	2	27
LNU780	0,75	2,06E-02	2	17	LNU780	0,91	6,27E-04	3	31
LNU780	0,86	2,62E-03	3	19	LNU780	0,82	7,00E-03	3	38
LNU781	0,73	4,00E-02	6	17	LNU781	0,74	2,31E-02	1	31
LNU781	0,70	2,29E-02	5	19	LNU781	0,83	3,24E-03	5	38
LNU781	0,88	1,93E-03	2	27	LNU781	0,89	1,49E-03	2	17
LNU781	0,73	2,64E-02	3	15	LNU782	0,79	2,01E-02	4	34
LNU782	0,72	4,27E-02	4	21	LNU782	0,71	5,05E-02	4	13
LNU783	0,79	1,92E-02	6	13	LNU783	0,73	2,48E-02	3	7
LNU783	0,74	2,19E-02	3	36	LNU784	0,76	2,89E-02	6	5
LNU784	0,96	5,76E-05	2	27	LNU784	0,92	4,48E-04	2	17
LNU784	0,78	1,26E-02	3	35	LNU785	0,73	3,88E-02	6	34
LNU785	0,82	1,24E-02	6	12	LNU785	0,85	7,06E-03	6	10
LNU785	0,73	4,02E-02	6	4	LNU785	0,78	2,36E-02	6	27
LNU785	0,80	1,77E-02	6	13	LNU785	0,81	8,50E-03	1	20
LNU785	0,70	2,42E-02	5	7	LNU785	0,76	1,15E-02	5	24
LNU785	0,80	5,77E-03	5	25	LNU785	0,81	4,47E-03	5	33
LNU785	0,94	1,75E-04	2	27	LNU785	0,90	8,48E-04	2	17

Tabela 25. São fornecidas as correlações (R) entre a produção dos níveis de expressão que melhoram os genes e seus homólogos em vários tecidos [Conjuntos de Expressão (Exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de vigor, produção, biomassa e/ou taxa de crescimento (Vetor de correlação (Cor.))] sob

condições normais e de baixo nitrogênio em acessos de cevada. P = valor-p.

Tabela 26

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais e de baixo nitrogênio (no estágio reprodutivo) em acessos de cevada.

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU749	0,701	2,39E-02	3	4	LNU749	0,744	1,36E-02	3	10
LNU749	0,715	2,00E-02	3	12	LNU749	0,730	1,66E-02	6	15
LNU749	0,801	5,32E-03	6	10	LNU749	0,713	2,05E-02	5	14

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU749	0,736	1,52E-02	4	9	LNU750	0,707	2,22E-02	1	9
LNU751	0,854	1,67E-03	3	13	LNU753	0,713	2,06E-02	2	6
LNU753	0,781	7,69E-03	2	7	LNU753	0,814	4,12E-03	2	8
LNU753	0,752	1,22E-02	2	12	LNU753	0,793	6,18E-03	3	17
LNU754	0,707	2,23E-02	5	2	LNU754	0,708	2,21E-02	5	1
LNU754	0,734	1,56E-02	5	3	LNU756	0,759	1,10E-02	4	17
LNU757	0,886	6,40E-04	2	14	LNU757	0,837	2,52E-03	2	13
LNU757	0,761	1,05E-02	6	10	LNU757	0,747	1,29E-02	1	13
LNU758	0,765	9,99E-03	6	15	LNU758	0,746	1,32E-02	1	9
LNU759	0,720	1,88E-02	2	5	LNU759	0,739	1,45E-02	2	7
LNU759	0,715	2,01E-02	2	8	LNU760	0,732	1,61E-02	2	13
LNU761	0,784	7,28E-03	3	17	LNU761	0,759	1,08E-02	6	6
LNU761	0,720	1,89E-02	6	5	LNU761	0,737	1,49E-02	6	7
LNU761	0,731	1,62E-02	6	8	LNU761	0,745	1,33E-02	5	17
LNU762	0,745	1,34E-02	5	13	LNU763	0,721	1,87E-02	2	13
LNU763	0,838	2,46E-03	6	15	LNU763	0,797	5,78E-03	5	14
LNU763	0,719	1,91E-02	4	15	LNU764	0,729	1,68E-02	3	13
LNU764	0,719	1,91E-02	3	16	LNU764	0,746	1,32E-02	5	4
LNU764	0,709	2,17E-02	5	10	LNU764	0,762	1,03E-02	1	9
LNU766	0,766	9,84E-03	2	9	LNU766	0,718	1,94E-02	3	9
LNU766	0,763	1,03E-02	1	17	LNU766	0,782	7,49E-03	1	9
LNU767	0,822	3,53E-03	5	17	LNU768	0,728	1,70E-02	5	14
LNU769	0,705	2,28E-02	2	1	LNU769	0,713	2,07E-02	2	3
LNU769	0,819	3,79E-03	3	4	LNU769	0,820	3,67E-03	3	10
LNU769	0,723	1,81E-02	1	16	LNU770	0,732	1,62E-02	2	13
LNU770	0,848	1,93E-03	3	13	LNU770	0,772	8,95E-03	3	16
LNU771	0,714	2,04E-02	6	11	LNU771	0,724	1,80E-02	5	4
LNU771	0,855	1,61E-03	1	5	LNU772	0,718	1,93E-02	3	2
LNU772	0,789	6,71E-03	6	15	LNU773	0,801	5,36E-03	3	14
LNU773	0,797	5,81E-03	3	13	LNU773	0,860	1,43E-03	5	4
LNU773	0,836	2,56E-03	1	4	LNU774	0,765	9,96E-03	3	4
LNU774	0,710	3,21E-02	6	16	LNU774	0,848	1,94E-03	1	4
LNU774	0,722	1,84E-02	1	10	LNU775	0,842	2,23E-03	5	16
LNU775	0,753	1,19E-02	4	5	LNU776	0,804	5,07E-03	2	4
LNU776	0,786	7,03E-03	2	14	LNU776	0,717	1,97E-02	2	13
LNU776	0,708	2,21E-02	5	17	LNU777	0,834	2,67E-03	2	13
LNU777	0,769	9,38E-03	4	4	LNU778	0,709	2,16E-02	3	7
LNU778	0,805	4,95E-03	3	10	LNU778	0,714	2,04E-02	3	8
LNU778	0,712	2,10E-02	3	12	LNU778	0,750	1,24E-02	6	2
LNU778	0,759	1,09E-02	4	2	LNU778	0,803	5,15E-03	4	1

LNU778	0,803	5,20E-03	4	3	LNU779	0,856	1,58E-03	3	14
LNU779	0,873	9,80E-04	3	13	LNU779	0,772	8,88E-03	5	10
LNU781	0,715	2,01E-02	3	15	LNU782	0,733	1,58E-02	3	13
LNU782	0,776	8,33E-03	5	4	LNU782	0,730	1,66E-02	4	17
LNU782	0,784	7,30E-03	4	9	LNU782	0,806	4,87E-03	1	4
LNU782	0,858	1,48E-03	1	10	LNU783	0,734	1,57E-02	2	6
LNU783	0,829	3,01E-03	2	7	LNU783	0,848	1,93E-03	2	8
LNU783	0,800	5,45E-03	2	12	LNU783	0,758	1,11E-02	3	4
LNU783	0,734	1,57E-02	3	16	LNU783	0,724	1,79E-02	5	15
LNU783	0,885	6,72E-04	1	16	LNU784	0,801	5,32E-03	3	14
LNU784	0,763	1,03E-02	3	13	LNU784	0,846	2,03E-03	5	10
LNU784	0,744	1,37E-02	4	15	LNU784	0,713	2,07E-02	4	10
LNU784	0,779	7,88E-03	1	4	LNU784	0,832	2,86E-03	1	10
LNU785	0,740	1,43E-02	5	14					

Tabela 26. São fornecidas as correlações (R) entre a produção dos níveis de expressão que melhoram os genes e seus homólogos em vários tecidos [Conjuntos de Expressão (Exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de vigor, produção, biomassa e/ou taxa de crescimento (Vetor de correlação (Cor.))] sob condições normais e de baixo nitrogênio em acessos de cevada. P = valor-p.

Tabela 27

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições de seca em acessos de cevada.

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.
LNU749	0,859	2,82E-02	1	18	LNU749	0,780	6,74E-02	1	11
LNU749	0,818	4,66E-02	1	20	LNU749	0,798	1,76E-02	3	10
LNU749	0,759	2,90E-02	3	16	LNU749	0,727	4,12E-02	3	11
LNU749	0,735	3,79E-02	5	22	LNU749	0,858	6,99E-03	5	4
LNU749	0,763	2,77E-02	5	15	LNU749	0,739	2,30E-02	4	19
LNU749	0,844	1,69E-02	4	13	LNU749	0,730	2,56E-02	4	12
LNU749	0,717	2,96E-02	4	14	LNU750	0,855	2,99E-02	1	12
LNU750	0,820	4,59E-02	1	2	LNU750	0,872	2,37E-02	1	14
LNU750	0,912	4,21E-03	3	13	LNU750	0,816	1,35E-02	3	14
LNU750	0,787	2,05E-02	3	1	LNU750	0,700	7,97E-02	2	6
LNU751	0,754	8,34E-02	1	2	LNU751	0,762	7,82E-02	1	14
LNU751	0,743	9,09E-02	1	1	LNU751	0,778	2,29E-02	3	10
LNU751	0,887	3,28E-03	3	11	LNU751	0,737	5,88E-02	2	1
LNU751	0,700	3,56E-02	4	12	LNU753	0,734	3,82E-02	3	21
LNU753	0,843	1,73E-02	2	21	LNU753	0,819	2,41E-02	2	12
LNU753	0,777	2,33E-02	5	10	LNU753	0,840	9,13E-03	5	11
LNU753	0,749	3,24E-02	5	2	LNU754	0,743	9,03E-02	1	21
LNU754	0,711	4,80E-02	3	12	LNU754	0,849	1,57E-02	6	13
LNU754	0,747	2,08E-02	6	2	LNU754	0,706	3,36E-02	6	14
LNU754	0,970	6,62E-05	5	14	LNU756	0,784	6,48E-02	1	19
LNU756	0,797	5,77E-02	1	23	LNU756	0,945	3,89E-04	3	19
LNU756	0,767	2,64E-02	3	22	LNU756	0,830	5,66E-03	6	16
LNU756	0,825	2,23E-02	2	5	LNU756	0,835	1,93E-02	2	6
LNU756	0,744	5,51E-02	2	20	LNU756	0,883	3,69E-03	5	19
LNU756	0,886	1,45E-03	4	19	LNU756	0,818	7,03E-03	4	22
LNU756	0,758	1,79E-02	4	4	LNU757	0,713	1,12E-01	1	10
LNU757	0,857	2,94E-02	1	23	LNU757	0,712	1,13E-01	1	6
LNU757	0,798	5,73E-02	1	17	LNU757	0,759	7,99E-02	1	20
LNU757	0,754	5,01E-02	2	11	LNU757	0,882	3,71E-03	5	19
LNU758	0,842	8,67E-03	3	12	LNU758	0,777	3,98E-02	2	16
LNU758	0,768	1,56E-02	4	14	LNU759	0,708	1,15E-01	1	16
LNU759	0,855	6,85E-03	3	21	LNU761	0,712	1,13E-01	1	18
LNU761	0,804	1,62E-02	3	11	LNU761	0,765	2,71E-02	5	17
LNU762	0,774	7,09E-02	1	7	LNU762	0,933	6,54E-03	1	18
LNU762	0,755	8,26E-02	1	5	LNU762	0,922	8,91E-03	1	6
LNU762	0,914	1,08E-02	1	11	LNU762	0,977	7,65E-04	1	20
LNU762	0,934	6,70E-04	3	7	LNU762	0,865	5,58E-03	3	5
LNU762	0,840	9,05E-03	3	6	LNU762	0,752	3,14E-02	5	4
LNU762	0,731	3,94E-02	5	15	LNU764	0,811	1,46E-02	3	22
LNU764	0,838	9,40E-03	3	4	LNU764	0,700	5,30E-02	3	15
LNU764	0,812	7,89E-03	6	5	LNU764	0,772	1,47E-02	6	6
LNU764	0,798	3,13E-02	6	8	LNU764	0,824	2,26E-02	2	10
LNU764	0,794	3,31E-02	2	22	LNU764	0,871	1,08E-02	2	2
LNU764	0,904	5,15E-03	2	1	LNU764	0,724	1,04E-01	5	13
LNU764	0,858	6,46E-03	5	11	LNU764	0,869	1,11E-02	4	13
LNU764	0,725	2,72E-02	4	14	LNU764	0,852	1,50E-02	4	8
LNU766	0,845	3,41E-02	1	21	LNU766	0,797	1,79E-02	3	22
LNU766	0,838	9,35E-03	3	7	LNU766	0,731	3,95E-02	3	16
LNU766	0,787	2,03E-02	3	18	LNU766	0,897	2,51E-03	3	5
LNU766	0,939	5,37E-04	3	6	LNU766	0,714	4,66E-02	3	4
LNU766	0,832	1,04E-02	3	20	LNU766	0,833	5,27E-03	4	19
LNU766	0,864	2,69E-03	4	22	LNU766	0,867	2,49E-03	4	4

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU767	0,782	6,60E-02	1	23	LNU767	0,754	8,34E-02	1	11
LNU767	0,764	7,73E-02	1	20	LNU767	0,920	1,20E-03	3	17
LNU767	0,737	2,34E-02	6	1	LNU767	0,740	5,72E-02	2	23
LNU767	0,876	9,67E-03	2	11	LNU768	0,769	7,37E-02	1	12
LNU768	0,774	2,43E-02	3	7	LNU768	0,894	6,70E-03	2	16
LNU768	0,766	4,48E-02	2	1	LNU768	0,787	1,19E-02	4	14
LNU770	0,854	3,03E-02	1	23	LNU770	0,849	7,68E-03	3	19
LNU770	0,861	6,00E-03	3	22	LNU770	0,730	6,26E-02	6	8
LNU770	0,728	6,37E-02	2	7	LNU770	0,709	7,46E-02	2	5
LNU770	0,769	4,31E-02	2	6	LNU770	0,817	2,49E-02	2	9
LNU770	0,708	7,53E-02	2	20	LNU770	0,752	1,95E-02	4	19
LNU771	0,735	9,61E-02	1	10	LNU771	0,860	1,30E-02	3	13
LNU771	0,806	1,58E-02	3	2	LNU771	0,852	7,21E-03	3	14
LNU771	0,779	2,26E-02	3	1	LNU771	0,829	2,12E-02	3	8
LNU771	0,725	2,70E-02	6	20	LNU771	0,830	2,08E-02	2	21
LNU771	0,766	4,46E-02	2	5	LNU771	0,749	5,28E-02	2	6
LNU771	0,858	1,34E-02	2	11	LNU771	0,822	2,32E-02	2	12
LNU771	0,958	2,60E-03	5	13	LNU771	0,838	9,44E-03	5	14
LNU771	0,921	1,18E-03	5	1	LNU771	0,710	3,22E-02	4	7
LNU771	0,701	3,55E-02	4	5	LNU771	0,742	2,20E-02	4	6
LNU771	0,745	2,13E-02	4	17	LNU771	0,753	1,91E-02	4	20
LNU772	0,738	9,40E-02	1	18	LNU772	0,749	3,25E-02	3	2
LNU772	0,708	3,29E-02	6	22	LNU772	0,848	3,90E-03	6	4
LNU772	0,754	3,05E-02	5	10	LNU772	0,811	1,47E-02	5	2
LNU772	0,790	1,14E-02	4	2	LNU773	0,772	2,49E-02	3	22
LNU773	0,802	1,66E-02	3	18	LNU773	0,720	6,80E-02	3	8
LNU773	0,899	5,87E-03	6	8	LNU773	0,796	3,24E-02	2	16
LNU774	0,713	1,12E-01	1	22	LNU774	0,705	1,18E-01	1	2
LNU774	0,739	2,28E-02	6	12	LNU774	0,791	1,95E-02	5	17
LNU775	0,747	3,30E-02	3	21	LNU775	0,800	1,70E-02	3	11
LNU775	0,729	4,03E-02	3	14	LNU775	0,725	6,51E-02	6	8
LNU775	0,822	2,33E-02	2	16	LNU775	0,718	4,50E-02	5	9
LNU775	0,731	3,92E-02	5	12	LNU775	0,802	9,27E-03	4	21
LNU776	0,811	5,04E-02	1	1	LNU776	0,808	1,52E-02	3	10
LNU776	0,777	2,33E-02	3	2	LNU776	0,778	3,94E-02	2	2
LNU776	0,734	6,04E-02	2	14	LNU776	0,786	3,61E-02	2	1
LNU776	0,904	8,21E-04	4	10	LNU776	0,741	2,25E-02	4	2
LNU777	0,947	3,54E-04	3	10	LNU777	0,892	2,88E-03	3	2
LNU778	0,712	4,75E-02	3	23	LNU778	0,709	3,24E-02	6	7
LNU778	0,789	1,16E-02	6	5	LNU778	0,805	8,79E-03	6	6
LNU778	0,784	3,71E-02	2	21	LNU778	0,975	9,07E-04	5	8
LNU778	0,703	3,45E-02	4	19	LNU778	0,748	2,04E-02	4	22
LNU780	0,778	6,87E-02	1	23	LNU780	0,785	3,65E-02	6	8
LNU781	0,807	5,20E-02	1	18	LNU781	0,917	1,00E-02	1	5
LNU781	0,837	3,79E-02	1	6	LNU781	0,880	2,06E-02	1	11
LNU781	0,765	7,63E-02	1	20	LNU781	0,910	1,68E-03	3	22
LNU782	0,818	4,67E-02	1	15	LNU782	0,889	3,18E-03	3	11
LNU782	0,715	3,04E-02	6	7	LNU782	0,886	7,89E-03	2	12
LNU782	0,908	4,65E-03	2	14	LNU782	0,721	4,37E-02	5	9
LNU782	0,856	3,21E-03	4	11	LNU782	0,747	2,06E-02	4	14
LNU783	0,762	2,81E-02	3	2	LNU783	0,735	2,40E-02	6	10
LNU783	0,820	2,39E-02	2	21	LNU784	0,782	6,61E-02	1	18
LNU784	0,897	1,54E-02	1	5	LNU784	0,790	6,13E-02	1	6
LNU784	0,746	8,83E-02	1	11	LNU784	0,724	1,04E-01	1	20
LNU784	0,701	5,29E-02	3	22	LNU784	0,776	4,02E-02	3	8
LNU784	0,748	2,04E-02	6	5	LNU784	0,885	8,15E-03	6	8
LNU784	0,710	3,20E-02	4	17	LNU785	0,726	1,03E-01	1	23
LNU785	0,706	1,17E-01	1	18	LNU785	0,779	6,77E-02	1	6
LNU785	0,845	3,43E-02	1	11	LNU785	0,846	3,39E-02	1	20
LNU785	0,708	4,96E-02	3	20	LNU785	0,708	7,53E-02	2	23

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU785	0,738	5,81E-02	2	17	LNU785	0,769	4,31E-02	4	13
LNU785	0,813	7,74E-03	4	1	LNU834	0,826	4,28E-02	1	10
LNU834	0,866	2,56E-02	1	22	LNU834	0,767	7,48E-02	1	2
LNU834	0,765	7,64E-02	1	14	LNU834	0,824	6,35E-03	6	11
LNU834	0,782	3,78E-02	2	21	LNU834	0,810	2,71E-02	2	5
LNU834	0,792	3,36E-02	2	6	LNU834	0,838	1,87E-02	2	12
LNU834	0,708	7,50E-02	2	20	LNU839	0,826	4,28E-02	1	10
LNU839	0,866	2,56E-02	1	22	LNU839	0,767	7,48E-02	1	2
LNU839	0,765	7,64E-02	1	14	LNU839	0,824	6,35E-03	6	11
LNU839	0,782	3,78E-02	2	21	LNU839	0,810	2,71E-02	2	5
LNU839	0,792	3,36E-02	2	6	LNU839	0,838	1,87E-02	2	12
LNU839	0,708	7,50E-02	2	20					

Tabela 27. São fornecidas as correlações (R) entre a produção dos níveis de expressão que melhoram os genes e seus homólogos em vários tecidos [Conjuntos de Expressão (Exp.)] e o desempenho fenotípico

[componentes de vigor, produção, biomassa e/ou taxa de crescimento (Vetor de correlação (Cor.))] sob condições normais e de baixo nitrogênio em acessos de cevada. P = valor-p.

EXEMPLO 5

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE SORGO E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE COM PARÂMETROS RELACIONADOS À PRODUÇÃO, NUE E ABST MEDIDOS EM CAMPOS UTILIZANDO MICROARRANJOS DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE SORGO 44K

[00432] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade entre o fenótipo de planta e o nível de expressão de gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de sorgo, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto) com/Scripts/PDS (ponto) asp?IPage=50879]. O oligonucleotídeo do arranjo representa cerca de 44.000 genes e transcrições de sorgo. A fim de definir as correlações entre os níveis of expressão de RNA e os parâmetros relacionados ao vigor ou componentes de produção, ABST e NUE, várias características de planta de 17 diferentes híbridos de sorgo foram analisadas. Dentre elas, 10 híbridos englobando a variação observada foram selecionados para análise de expressão de RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação de Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

[00433] Correlação de variedades de Sorgo em ecotipos cultivados sob condições de cultivo regular, condições graves de seca e condições de baixo nitrogênio.

Procedimentos Experimentais:

[00434] 17 variedades de Sorgo foram cultivadas em 3 lotes repetitivos, em campo. Resumidamente, o protocolo de cultivo foi o seguinte:

1. Condições de cultivo regular: as plantas de sorgo foram cultivadas no campo utilizando fertilização comercial e protocolos de irrigação (370 litros por m², fertilização de 14 unidades de 21% de ureia por

período de cultivo inteiro).

[00435] 2. Condições de Seca: sementes de sorgo foram semeadas no solo e cultivadas em condição normal até cerca de 35 dias a partir da semeadura, por volta do estágio V8 (oito folhas verdes são totalmente expandidas, inicialização não iniciada ainda). Nesse ponto, a irrigação foi interrompida, e estresse de seca severa foi desenvolvido.

[00436] 3. Condições de fertilização de baixo nitrogênio: as plantas de sorgo foram fertilizadas com 50% menos quantidade de nitrogênio no campo do que a quantidade de nitrogênio aplicada no tratamento de cultivo regular. Todos os fertilizantes foram aplicados antes da floração.

[00437] Tecidos de Sorgo analisados – Todos os 10 híbridos de sorgo selecionados foram amostrados para cada tratamento. Os tecidos [folha, meristema da flor e flor] das plantas cultivados em condições normais, grave estresse de seca e condições de baixo nitrogênio foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido na Tabela 28 abaixo.

Tabela 28

Conjuntos de expressão de transcriptoma de sorgo em experimentos de campo

Conjunto de Expressão	ID de Conjunto
Campo de sorgo / folha bandeira / Seca	1
Campo de sorgo / folha bandeira / Baixo N	2
Campo de sorgo / folha bandeira / Normal	3
Campo de sorgo / meristema da flor / Seca	4
Campo de sorgo / meristema da flor / Baixo N	5
Campo de sorgo / meristema da flor / Normal	6
Campo de sorgo / flor / Seca	7
Campo de sorgo / flor / Baixo N	8
Campo de sorgo / flor / Normal	9

Tabela 28: São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de sorgo. Folha bandeira = a folha abaixo da flor; Meristema de flor = meristema apical após iniciação da panícula; Flor = a flor no dia da antese.

[00438] Os parâmetros a seguir foram coletados utilizando um sistema de imagem digital:

Área Média do Grão (cm²) - No final do período de cultivo, os grãos foram

separados da 'Cabeça' da Planta. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área do grão foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00439] Comprimento Médio do Grão (cm) - No final do período de cultivo, os grãos foram separados da 'Cabeça' da Planta. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma dos comprimentos dos grãos (eixo mais longo) foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00440] Área Média da Cabeça (cm²) - No final do período de cultivo, 5 'Cabeças' foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área da 'cabeça' foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de 'Cabeças'.
Comprimento Médio da Cabeça (cm) - No final do período de cultivo, 5 'Cabeças' foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. O comprimento da 'Cabeça' (eixo mais longo) foi medido a partir daquelas imagens e foi dividido pelo número de 'Cabeças'.

[00441] Um sistema de processamento de imagem foi utilizado, consistindo de um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 GHz) e um programa de domínio público - ImageJ 1.37, software de processamento de imagem com base em Java, desenvolvido no Instituto Nacional de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponível na internet em [rsbweb \(ponto\) nih \(ponto\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/). As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888x2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG (Joint Photographic Experts Group standard | padrão do Grupo Conjunto de Especialistas em Fotografia) de baixa compressão. Em seguida, os dados de saída de processamento de imagem para área de semente e comprimento de semente

foram salvos para arquivos de texto e analisados utilizando o software JMP de análise estatística (Instituto SAS).

[00442] Os parâmetros adicionais foram coletados ou por amostragem de 5 plantas por lote ou pela medição do parâmetro através de todas as plantas dentro do lote.

[00443] Peso Total da Semente por Cabeça (g.) - No final do experimento ('Cabeças' da planta), as cabeças dos lotes dentro dos blocos A-C foram coletadas. 5 cabeças foram separadamente debulhadas e os grãos foram pesados, todas as cabeças adicionais foram debulhadas juntas e também pesadas. O peso médio do grão por cabeça foi calculado dividindo o peso total do grão pelo número total de cabeças por lote (com base no lote). No caso das 5 cabeças, o peso total dos grãos de 5 cabeças foi dividido por 5.

[00444] FW da Cabeça por grama da Planta - No final do experimento (quando as cabeças foram colhidas), o total de cabeças e 5 cabeças selecionadas por lotes dentro dos blocos A-C foram coletadas separadamente. As cabeças (total e 5) foram pesadas (g.) separadamente e o peso fresco médio por planta foi calculado para o total de cabeças (FW da Cabeça /g. da Planta com base no lote) e para 5 cabeças (FW da Cabeça /g. da Planta com base em 5 plantas).

[00445] Altura da Planta – As plantas foram caracterizadas com relação à altura durante o período de cultivo em 5 pontos no tempo. Em cada medição, as plantas foram medidas com relação à sua altura utilizando uma fita de medição. A altura foi medida a partir do nível do solo até o topo da folha mais longa.

[00446] Número de folhas da planta - As plantas foram caracterizadas com relação ao número de folhas durante o período de cultivo em 5 pontos no tempo. Em cada medição, as plantas foram medidas com relação ao seu número de folhas contando todas as folhas de 03 plantas selecionadas por lote.

[00447] Taxa de Crescimento Relativo – foi calculada utilizando as Fórmulas III (acima) e VIII (acima).

[00448] SPAD – O teor de clorofila foi determinado utilizando um medidor de clorofila Minolta SPAD 502 e a medição foi realizada 64 dias após a semeadura. As leituras do medidor SPAD foram feitas em folha nova totalmente desenvolvida. Três medições por folha foram feitas por lote.

[00449] Peso seco vegetal e Cabeças - No final do experimento (quando a inflorescências estava seca), toda a inflorescência e material vegetal dos lotes dentro dos blocos A-C foram coletados. O peso da biomassa e cabeças de cada lote foi separado, medido e dividido pelo número de cabeças.

[00450] Peso seco = peso total da porção vegetal acima do solo (excluindo as raízes) após secagem a 70°C em forno por 48 horas.

[00451] Índice de Colheita (HI) (Sorgo) – O índice de colheita foi calculado utilizando a Fórmulas XVI acima.

[00452] FW das Cabeças / (FW das Cabeças + FW das Plantas) - O peso fresco total das cabeças e suas respectivas biomassas de planta foram medidos no dia da colheita. O peso das cabeças foi dividido pela soma dos pesos das cabeças e plantas.

Resultados Experimentais:

[00453] 17 diferentes híbridos de sorgo foram cultivados e caracterizados com relação a diferentes parâmetros (Tabela 29). A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP (Tabelas 30- 35) e uma análise de correlação subsequente foi conduzida (Tabela 36). Os resultados foram, então, integrados à base de dados.

Tabela 29

Parâmetros correlacionados ao Sorgo (vetores)

ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com
1	Área Média do Grão (cm ²), Seca
2	Área Média do Grão (cm ²), Baixo N
3	Área Média do Grão (cm ²), Normal

4	FW das Cabeças / Planta g., (com base em lote), Seca
5	FW das Cabeças / Planta g., (com base em lote), Baixo N
6	FW das Cabeças / Planta g., (com base em lote), Normal
7	FW das Cabeças / Planta g., (com base em 5 plantas), Baixo N
8	FW das Cabeças / Planta g., (com base em 5 plantas), Normal
9	FW das Cabeças / (FW das Cabeças + FW das Plantas)(todos os lotes), Seca
10	FW das Cabeças / (FW das Cabeças + FW das Plantas)(todos os lotes), Baixo N
11	FW das Cabeças / (FW das Cabeças + FW das Plantas)(todos os lotes), Normal
12	FW/ Planta g., (com base em lote), Seca
13	FW/ Planta g., (com base em lote), Baixo N
14	FW/ Planta g., (com base em lote), Normal
15	Altura Final da Planta (cm), Seca
16	Altura Final da Planta (cm), Baixo N
17	Altura Final da Planta (cm), Normal
18	Área Média da Cabeça (cm ²), Seca
19	Área Média da Cabeça (cm ²), Baixo N
20	Área Média da Cabeça (cm ²), Normal
21	Comprimento Médio da Cabeça (cm), Seca
22	Comprimento Médio da Cabeça (cm), Baixo N
23	Comprimento Médio da Cabeça (cm), Normal
24	Perímetro Médio da Cabeça (cm), Seca
25	Perímetro Médio da Cabeça (cm), Baixo N
26	Perímetro Médio da Cabeça (cm), Normal
27	Altura Média da Cabeça (cm), Seca
28	Altura Média da Cabeça (cm), Baixo N
29	Altura Média da Cabeça (cm), Normal
30	Folha SPAD 64 DPS (Dias Após Semeadura), Seca
31	Folha SPAD 64 DPS (Dias Após Semeadura), Baixo N
32	Folha SPAD 64 DPS (Dias Após Semeadura), Normal
33	Área Média do Grão de Taxa Inferior, Baixo N
34	Área Média do Grão de Taxa Inferior, Normal
35	Comprimento Médio do Grão de Taxa Inferior, Baixo N
36	Comprimento Médio do Grão de Taxa Inferior, Normal
37	Perímetro Médio do Grão de Taxa Inferior, Baixo N
38	Perímetro Médio do Grão de Taxa Inferior, Normal
39	Largura Média do Grão de Taxa Inferior, Baixo N
40	Largura Média do Grão de Taxa Inferior, Normal
41	Peso total do grão /Cabeça (com base em lote) g., Baixo N
42	Peso total do grão /Cabeça g., (com base em 5 cabeças), Baixo N
43	Peso total do grão /Cabeça g., (com base em 5 cabeças), Normal
44	Peso total do grão /Cabeça g., (com base em lote), Normal
45	Peso total do grão /Cabeça g., (com base em lote), Seca
46	Área Média do Grão de Taxa Superior, Seca
47	Área Média do Grão de Taxa Superior, Baixo N
48	Área Média do Grão de Taxa Superior, Normal
49	[Produção de grãos + Biomassa da planta /SPAD 64 DPS], Normal
50	[Produção de grãos + Biomassa da planta /SPAD 64 DPS], Baixo N
51	[Produção de grãos /SPAD 64 DPS], Baixo N
52	[Produção de grãos /SPAD 64 DPS], Normal
53	[Biomassa da planta (FW)/SPAD 64 DPS], Seca
54	[Biomassa da planta (FW)/SPAD 64 DPS], Baixo N
55	[Biomassa da planta (FW)/SPAD 64 DPS], Normal

Tabela 29. São fornecidos os parâmetros correlacionados ao Sorgo (vetores). “g.” = gramas; “SPAD” = níveis de clorofila; “FW” = Peso fresco da Planta; “DW” = Peso seco da Planta; “normal” = condições de cultivo padrão; “DPS” = dias após a semeadura; “Baixo N” = Baixo Nitrogênio. Cabeça - FW /Planta g. (com base em 5 plantas) = o peso fresco das cabeças colhidas foi dividido pelo número de cabeças que foram fenotipadas; “Baixo N” = condições de baixo nitrogênio; “Área Média do Grão de Taxa Inferior” = área do grão da fração inferior dos grãos.

Tabela 30

Parâmetros medidos em acessos de Sorgo sob condições normais

ID de Semente / ID de Cor.	3	6	8	11	14	17	20	23	26	29
Linha-1	0,11	175,15	406,50	0,51	162,56	95,25	120,14	25,58	61,22	5,97
Linha-2	0,11	223,49	518,00	0,51	212,59	79,20	167,60	26,84	67,90	7,92
Linha-3	0,13	56,40	148,00	0,12	334,83	197,85	85,14	21,02	56,26	4,87
Linha-4	0,13	111,62	423,00	0,26	313,46	234,20	157,26	26,84	65,38	7,43
Linha-5	0,14	67,34	92,00	0,12	462,28	189,40	104,00	23,14	67,46	5,59
Linha-6	0,14	66,90	101,33	0,18	318,26	194,67	102,48	21,82	67,46	5,88
Linha-7	0,11	126,18	423,50	0,46	151,14	117,25	168,54	31,33	74,35	6,78
Linha-8	0,11	107,74	386,50	0,43	137,60	92,80	109,32	23,18	56,16	5,99
Linha-9	0,10	123,86	409,50	0,43	167,98	112,65	135,13	25,70	61,64	6,62
Linha-10	0,12	102,75	328,95	0,44	128,97	97,50	169,03	28,82	71,41	7,42
Linha-11	0,12	82,33	391,00	0,46	97,62	98,00	156,10	28,13	68,57	6,99
Linha-12	0,11	77,59	435,75	0,45	99,32	100,00	112,14	22,97	56,44	6,19
Linha-13	0,12	91,17	429,50	0,45	112,24	105,60	154,74	28,09	67,79	7,02
Linha-14	0,11	150,45	441,00	0,51	157,42	151,15	171,70	30,00	71,55	7,18
Linha-15	0,11	109,10	415,75	0,46	130,55	117,10	168,51	30,54	78,94	7,00
Linha-16	0,11	107,58	429,50	0,44	135,66	124,45	162,51	27,17	67,03	7,39

Tabela 30: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições normais. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 31

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Sorgo sob condições normais

ID de Semente / ID de Cor.	32	34	36	38	40	43	44	48	49	52	55
Linha-1	43,01	0,83	0,91	0,91	0,91	47,40	31,12	1,22	4,50	3,78	0,72
Linha-2		0,74	0,88	0,87	0,83	46,30	26,35	1,30	8,17	7,74	0,43
Linha-3	43,26	0,78	0,92	0,91	0,85	28,37	18,72	1,13	7,87	7,01	0,86
Linha-4	44,74	0,80	0,91	0,95	0,87	70,40	38,38	1,14	10,68	10,10	0,58
Linha-5	45,76	0,70	0,89	0,90	0,79	32,15	26,67	1,16	8,34	7,65	0,69
Linha-6	41,61	0,70	0,88	0,92	0,80	49,23	28,85	1,15	4,40	3,34	1,05
Linha-7	45,21	0,83	0,91	0,91	0,90	63,45	47,67	1,19	3,74	3,05	0,69
Linha-8	45,14	0,81	0,90	0,91	0,89	44,45	31,00	1,24	4,83	3,90	0,93
Linha-9	43,03	0,84	0,92	0,92	0,92	56,65	39,99	1,25	3,67	2,83	0,84
Linha-10	45,59	0,79	0,92	0,93	0,85	60,00	38,36	1,24	2,89	2,18	0,72
Linha-11	44,83	0,77	0,89	0,91	0,86	45,45	32,10	1,32	2,91	2,19	0,72
Linha-12	45,33	0,80	0,91	0,92	0,89	58,19	32,69	1,22	3,12	2,41	0,71
Linha-13	46,54	0,81	0,91	0,90	0,90	70,60	32,79	1,18	4,75	3,58	1,17
Linha-14	43,99	0,82	0,91	0,91	0,91	70,10	51,53	1,18	3,69	2,90	0,79
Linha-15	45,09	0,81	0,90	0,91	0,91	53,95	35,71	1,22	3,85	3,01	0,85
Linha-16	45,14	0,82	0,90	0,91	0,90	59,87	38,31	1,25	5,84	4,85	0,98

Tabela 31: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições normais. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

VINICIUS

Tabela 32

Parâmetros medidos em acessos de Sorgo sob condições de baixo nitrogênio

ID de Semente / ID de Cor.	2	5	7	10	13	16	19	22	25	28	31
Linha-1	0,11	214,78	388,00	0,51	204,78	104,00	96,24	23,22	56,32	5,26	38,33
Linha-2	0,11	205,05	428,67	0,51	199,64	80,93	214,72	25,58	79,20	10,41	38,98
Linha-3	0,14	73,49	297,67	0,17	340,51	204,73	98,59	20,93	53,25	5,93	42,33
Linha-4	0,12	122,96	280,00	0,39	240,60	125,40	182,83	28,43	76,21	8,25	40,90
Linha-5	0,14	153,07	208,33	0,21	537,78	225,40	119,64	24,32	67,27	6,19	43,15
Linha-6	0,13	93,23	303,67	0,19	359,40	208,07	110,19	22,64	59,49	6,12	39,85
Linha-7	0,12	134,11	436,00	0,48	149,20	121,40	172,36	32,11	79,28	6,81	42,68
Linha-8	0,12	77,44	376,33	0,38	129,06	100,27	84,81	20,38	51,52	5,25	43,31
Linha-9	0,12	129,63	474,67	0,42	178,71	121,13	156,25	26,69	69,89	7,52	39,01
Linha-10	0,13	99,83	437,67	0,44	124,27	94,53	136,71	26,31	66,18	6,59	42,71
Linha-11	0,13	76,95	383,00	0,43	101,33	110,00	137,70	25,43	67,37	6,85	40,08
Linha-12	0,12	84,25	375,00	0,39	132,12	115,07	96,54	23,11	57,90	5,32	43,98
Linha-13	0,12	92,24	425,00	0,44	117,90	104,73	158,19	27,87	70,61	7,25	45,44
Linha-14	0,12	138,83	434,00	0,44	176,99	173,67	163,95	28,88	73,76	7,19	44,75
Linha-15	0,11	113,32	408,67	0,44	143,67	115,60	138,39	27,64	66,87	6,28	42,58
Linha-16	0,12	95,50	378,50	0,43	126,98	138,80	135,46	25,52	65,40	6,57	43,81

Tabela 32: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 33

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Sorgo sob condições de cultivo baixo nitrogênio

ID de Semente / ID de Cor.	33	35	37	39	41	42	47	50	51	54
Linha-1	0,82	0,91	0,90	0,90	25,95	50,27	1,19	6,02	0,68	5,34
Linha-2	0,77	0,90	0,88	0,85	30,57	50,93	1,31	5,91	0,78	5,12
Linha-3	0,81	0,92	0,92	0,89	19,37	36,13	1,11	8,50	0,46	8,05
Linha-4	0,79	0,90	0,90	0,88	35,62	73,10	1,22	6,75	0,87	5,88
Linha-5	0,78	0,91	0,92	0,86	25,18	37,87	1,19	13,05	0,58	12,46
Linha-6	0,80	0,93	0,92	0,87	22,18	36,40	1,18	9,58	0,56	9,02
Linha-7	0,83	0,92	0,92	0,91	49,96	71,67	1,16	4,67	1,17	3,50
Linha-8	0,79	0,89	0,89	0,89	27,48	35,00	1,23	3,61	0,63	2,98
Linha-9	0,81	0,90	0,90	0,90	51,12	76,73	1,17	5,89	1,31	4,58
Linha-10	0,77	0,91	0,91	0,86	36,84	57,58	1,22	3,77	0,86	2,91
Linha-11	0,74	0,89	0,90	0,84	29,45	42,93	1,24	3,26	0,74	2,53
Linha-12	0,80	0,90	0,90	0,90	26,70	36,47	1,19	3,61	0,61	3,00
Linha-13	0,79	0,89	0,90	0,89	29,43	68,60	1,23	3,24	0,65	2,60
Linha-14	0,82	0,91	0,91	0,91	51,12	71,80	1,16	5,10	1,14	3,96
Linha-15	0,80	0,89	0,89	0,90	37,04	49,27	1,34	4,25	0,87	3,38
Linha-16	0,81	0,89	0,90	0,90	39,85	43,87	1,21	3,81	0,91	2,90
Linha-17	0,81	0,90	0,90	0,90	41,78	52,07	1,21	4,76	0,89	3,86

Tabela 33: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 34

Parâmetros medidos em acessos de Sorgo sob condições de seca

ID de Semente / ID de Cor.	1	4	9	12	15	18	21	24	27	30
Linha-1	0,10	154,90	0,42	207,99	89,40	83,14	21,63	52,78	4,83	40,58
Linha-2	0,12	122,02	0,47	138,02	75,73	107,79	21,94	64,49	6,31	40,88

Linha-3	0,11	130,51	0,42	255,41	92,10	88,68	21,57	56,59	5,16	45,01
Linha-4	0,09	241,11	0,37	402,22	94,30	135,91	22,01	64,37	7,78	42,30
Linha-5	0,09	69,03	0,23	233,55	150,80	90,77	20,99	53,21	5,28	45,24
Linha-6	0,11	186,41	0,31	391,75	110,73	123,95	28,60	71,66	5,49	40,56
Linha-7		62,11	0,41	89,31	99,20	86,06	21,35	55,61	5,04	44,80
Linha-8		39,02	0,44	50,61	84,00	85,20	20,81	52,96	5,07	45,07
Linha-9		58,94	0,40	87,02	99,00	113,10	24,69	69,83	5,77	40,65
Linha-10		76,37	0,44	120,43	92,20	100,79	24,28	65,15	5,37	45,43
Linha-11		33,47	0,47	37,21	81,93	80,41	21,95	55,27	4,66	42,58
Linha-12		42,20	0,47	48,18	98,80	126,89	24,98	69,06	6,35	44,18
Linha-13		41,53	0,48	44,20	86,47	86,41	19,49	53,32	5,58	44,60
Linha-14		131,67	0,35	231,60	99,60	92,29	20,42	56,29	5,76	42,41
Linha-15		60,84	0,35	116,01	83,00	77,89	16,81	49,12	5,86	43,25
Linha-16		44,33	0,23	123,09	83,53	76,93	18,88	51,88	5,10	40,30
Linha-17		185,44	0,33	342,50	92,30					40,75

Tabela 34: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 35

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Sorgo sob condições de seca

ID de Semente / ID de Correlação	45	46	53
Linha-1	22,114	1,305	5,126
Linha-2	16,770	1,190	3,376
Linha-3	9,189	1,285	5,674
Linha-4	104,444	1,459	9,509
Linha-5	3,235	1,206	5,163
Linha-6	21,997	1,214	9,658
Linha-7	9,975		1,993
Linha-8	18,579		1,123
Linha-9	29,271		2,141
Linha-10	10,453		2,651
Linha-11	14,765		0,874
Linha-12	12,861		1,091
Linha-13	18,237		0,991
Linha-14	11,602		5,461
Linha-15	18,647		2,682
Linha-16	16,356		3,054
Linha-17			8,405

Tabela 35: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 36

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições de estresse abiótico ou normal em acessos de sorgo

Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU856		0,849	3,76E-03	1	18	LNU856		0,827	5,96E-03	1	27
LNU856		0,830	5,57E-03	1	24	LNU857		0,748	2,04E-02	9	55
LNU858		0,841	2,31E-03	6	36	LNU858		0,781	7,71E-03	6	34
LNU858		0,741	1,41E-02	2	41	LNU858		0,721	1,85E-02	2	51
LNU858		0,788	6,74E-03	2	16	LNU858		0,736	1,53E-02	3	11
LNU858		0,826	3,23E-03	3	6	LNU858		0,711	2,10E-02	3	8
LNU859		0,717	1,97E-02	6	55	LNU859		0,829	3,04E-03	9	17
LNU859		0,713	2,07E-02	9	40	LNU859		0,736	1,52E-02	9	23
LNU859		0,819	3,78E-03	9	44	LNU859		0,785	7,10E-03	9	43
LNU859		0,706	2,26E-02	9	34	LNU859		0,764	1,00E-02	2	41
LNU859		0,782	7,47E-03	2	16	LNU859		0,717	1,97E-02	8	42
LNU860		0,789	6,70E-03	6	17	LNU860		0,706	2,24E-02	6	44
LNU860		0,773	8,80E-03	2	41	LNU860		0,711	2,11E-02	2	22
LNU860		0,891	5,43E-04	2	42	LNU860		0,757	1,13E-02	2	51
LNU860		0,760	1,07E-02	2	37	LNU860		0,877	8,51E-04	4	53
LNU860		0,854	1,65E-03	4	4	LNU860		0,878	8,41E-04	4	12
LNU860		0,728	1,69E-02	5	41	LNU860		0,845	2,10E-03	5	16
LNU860		0,713	3,09E-02	7	18	LNU860		0,723	1,81E-02	1	53
LNU860		0,726	1,74E-02	1	12	LNU861		0,835	2,63E-03	6	17

Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU861		0,707	2,22E-02	6	44	LNU861		0,794	6,15E-03	2	16
LNU861		0,792	6,35E-03	4	53	LNU861		0,802	5,22E-03	4	4
LNU861		0,790	6,53E-03	4	12	LNU861		0,871	2,26E-03	3	52
LNU861		0,874	2,05E-03	3	49	LNU861		0,892	5,26E-04	1	53
LNU861		0,890	5,56E-04	1	4	LNU861		0,879	8,08E-04	1	12
LNU862		0,716	1,98E-02	6	40	LNU862		0,767	9,63E-03	4	53
LNU862		0,767	9,58E-03	4	12	LNU862		0,726	2,69E-02	3	55
LNU862		0,797	5,81E-03	3	43	LNU862		0,753	1,20E-02	1	15
LNU863		0,857	3,15E-03	9	55	LNU863		0,758	1,11E-02	2	16
LNU863		0,878	8,46E-04	5	31	LNU863		0,776	8,30E-03	7	53
LNU863		0,751	1,22E-02	7	4	LNU863		0,770	9,20E-03	7	12
LNU864		0,816	3,97E-03	2	16	LNU864		0,700	2,42E-02	3	29
LNU864		0,729	1,67E-02	3	14	LNU864		0,736	1,53E-02	7	4
LNU864		0,708	2,20E-02	7	12	LNU865		0,719	1,90E-02	6	44
LNU865		0,740	1,43E-02	9	11	LNU865		0,754	1,17E-02	2	10
LNU865		0,742	1,40E-02	5	13	LNU865		0,774	8,53E-03	3	8
LNU866		0,752	1,22E-02	2	41	LNU866		0,844	2,13E-03	2	16
LNU866		0,848	3,91E-03	3	52	LNU866		0,746	1,32E-02	3	11
LNU866		0,868	1,13E-03	3	6	LNU866		0,805	8,85E-03	3	49
LNU866		0,734	1,56E-02	1	4	LNU867		0,719	1,92E-02	6	3
LNU867		0,704	2,31E-02	3	6	LNU868		0,916	2,00E-04	6	48
LNU868		0,804	5,04E-03	2	16	LNU868		0,821	3,59E-03	3	17
LNU868		0,819	3,75E-03	3	44	LNU869		0,719	1,90E-02	2	2
LNU869		0,790	6,49E-03	5	2	LNU870		0,906	3,04E-04	4	53
LNU870		0,829	3,00E-03	4	4	LNU870		0,912	2,33E-04	4	12
LNU870		0,723	1,82E-02	1	53	LNU870		0,733	1,58E-02	1	12
LNU871		0,752	1,22E-02	6	17	LNU871		0,720	1,89E-02	4	53
LNU871		0,709	2,16E-02	4	4	LNU871		0,735	1,53E-02	4	12
LNU871		0,747	1,30E-02	7	9	LNU871		0,717	2,98E-02	1	21
LNU872		0,714	2,05E-02	4	53	LNU872		0,710	2,13E-02	4	12
LNU872		0,735	1,55E-02	5	41	LNU872		0,743	2,19E-02	7	18
LNU873		0,732	1,61E-02	9	44	LNU873		0,848	1,95E-03	8	35
LNU873		0,768	1,56E-02	3	55	LNU874		0,715	2,02E-02	2	22
LNU874		0,855	1,60E-03	2	42	LNU874		0,727	1,72E-02	4	53
LNU874		0,710	2,15E-02	4	4	LNU874		0,736	1,53E-02	4	12
LNU874		0,724	1,79E-02	5	54	LNU874		0,777	8,13E-03	5	13
LNU875		0,839	2,41E-03	6	3	LNU876		0,793	6,15E-03	6	17
LNU876		0,705	3,38E-02	4	27	LNU876		0,867	1,17E-03	4	53
LNU876		0,809	4,56E-03	4	4	LNU876		0,866	1,21E-03	4	12
LNU876		0,780	7,72E-03	5	5	LNU876		0,731	1,62E-02	5	7
LNU876		0,830	2,95E-03	5	50	LNU876		0,776	8,26E-03	5	54
LNU876		0,842	2,24E-03	5	13	LNU876		0,793	1,07E-02	3	52
LNU876		0,784	1,24E-02	3	49	LNU876		0,894	4,83E-04	3	8
LNU878		0,718	1,94E-02	6	11	LNU878		0,725	1,76E-02	6	49
LNU878		0,778	8,03E-03	2	16	LNU879		0,756	1,15E-02	6	11
LNU879		0,707	2,21E-02	6	6	LNU879		0,704	2,32E-02	6	14
LNU879		0,771	9,10E-03	2	28	LNU879		0,913	2,22E-04	4	53
LNU879		0,820	3,70E-03	4	4	LNU879		0,916	1,99E-04	4	12
LNU879		0,717	1,97E-02	5	5	LNU879		0,773	8,76E-03	5	50
LNU879		0,734	1,56E-02	5	54	LNU879		0,849	1,89E-03	5	13
LNU880		0,718	1,93E-02	2	47	LNU881		0,789	6,64E-03	2	41
LNU881		0,730	1,66E-02	2	51	LNU881		0,755	1,17E-02	2	37
LNU881		0,931	8,91E-05	2	16	LNU882		0,785	1,22E-02	3	52
LNU882		0,794	1,07E-02	3	49	LNU882		0,724	2,75E-02	1	45
LNU883		0,799	5,57E-03	2	47	LNU883		0,743	2,19E-02	3	52
LNU883		0,887	6,25E-04	3	6	LNU883		0,786	7,03E-03	3	14
LNU883		0,742	2,22E-02	3	49	LNU883		0,720	1,89E-02	3	8
LNU883		0,719	1,91E-02	1	9	LNU883		0,747	2,07E-02	1	18
LNU883		0,784	1,23E-02	1	24	LNU883		0,744	2,17E-02	1	21
LNU884		0,874	9,44E-04	2	41	LNU884		0,745	1,35E-02	2	22
LNU884		0,767	9,63E-03	2	35	LNU884		0,872	1,02E-03	2	51

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU884	0,743	1,38E-02	2	37	LNU884	0,779	1,33E-02	4	45
LNU884	0,809	4,58E-03	3	6	LNU885	0,845	2,08E-03	6	17
LNU885	0,879	8,12E-04	6	44	LNU885	0,712	2,10E-02	2	47
LNU885	0,891	5,48E-04	4	53	LNU885	0,788	6,83E-03	4	4
LNU885	0,897	4,40E-04	4	12	LNU885	0,721	1,87E-02	5	41
LNU885	0,711	2,13E-02	5	13	LNU885	0,724	1,78E-02	5	51
LNU885	0,843	2,18E-03	7	30	LNU885	0,705	2,28E-02	1	53
LNU885	0,716	1,99E-02	1	12	LNU886	0,862	1,35E-03	6	3
LNU887	0,710	3,23E-02	9	52	LNU887	0,714	3,07E-02	9	49
LNU887	0,725	1,76E-02	2	47	LNU888	0,858	1,50E-03	6	48
LNU888	0,742	1,41E-02	2	41	LNU888	0,732	1,62E-02	2	35
LNU888	0,811	4,39E-03	2	51	LNU888	0,716	1,99E-02	2	37
LNU888	0,706	2,26E-02	8	41	LNU888	0,741	1,42E-02	8	51
LNU888	0,787	6,95E-03	8	37	LNU888	0,855	1,64E-03	7	30
LNU889	0,971	3,19E-06	6	52	LNU889	0,851	1,80E-03	6	6
LNU889	0,884	6,87E-04	6	14	LNU889	0,948	3,02E-05	6	49
LNU889	0,763	1,02E-02	6	8	LNU890	0,796	5,88E-03	8	2
LNU890	0,779	7,92E-03	5	2	LNU892	0,717	1,96E-02	9	8
LNU892	0,915	5,43E-04	4	18	LNU892	0,892	1,23E-03	4	27
LNU892	0,864	2,70E-03	4	24	LNU892	0,733	1,59E-02	8	28
LNU892	0,734	2,43E-02	7	27	LNU893	0,818	3,85E-03	3	43
LNU894	0,850	1,84E-03	6	52	LNU894	0,815	4,08E-03	6	49
LNU894	0,802	5,22E-03	6	8	LNU894	0,840	4,64E-03	9	52
LNU894	0,855	1,61E-03	9	14	LNU894	0,808	8,35E-03	9	49
LNU894	0,871	1,04E-03	2	16	LNU894	0,711	3,16E-02	3	52
LNU894	0,862	1,33E-03	3	6	LNU894	0,829	3,05E-03	3	14
LNU894	0,733	1,59E-02	3	8	LNU894	0,718	2,93E-02	1	21
LNU895	0,716	1,97E-02	6	20	LNU895	0,720	1,88E-02	5	7
LNU895	0,716	1,97E-02	5	19	LNU895	0,868	1,13E-03	5	41
LNU895	0,792	6,32E-03	5	22	LNU895	0,797	5,75E-03	5	25
LNU895	0,817	3,91E-03	5	51	LNU895	0,748	1,28E-02	3	29
LNU895	0,727	1,72E-02	3	14	LNU897	0,746	1,32E-02	3	17
LNU897	0,790	6,56E-03	3	44	LNU899	0,701	2,39E-02	6	3
LNU899	0,717	1,96E-02	2	16	LNU900	0,894	4,83E-04	6	17
LNU900	0,713	2,05E-02	6	44	LNU900	0,710	2,14E-02	6	43
LNU900	0,765	9,88E-03	4	53	LNU900	0,772	8,88E-03	4	12
LNU900	0,883	7,13E-04	5	16	LNU901	0,920	1,62E-04	4	53
LNU901	0,869	1,10E-03	4	4	LNU901	0,916	1,93E-04	4	12
LNU901	0,770	9,12E-03	5	5	LNU901	0,767	9,70E-03	5	50
LNU901	0,768	9,54E-03	5	54	LNU901	0,807	4,75E-03	5	13
LNU902	0,886	6,47E-04	6	17	LNU902	0,856	1,59E-03	6	44
LNU903	0,714	2,04E-02	6	3	LNU903	0,785	7,13E-03	2	7
LNU903	0,738	1,48E-02	2	19	LNU903	0,829	3,05E-03	2	22
LNU903	0,786	7,04E-03	2	42	LNU903	0,840	2,36E-03	2	25
LNU904	0,738	1,48E-02	6	52	LNU904	0,731	1,64E-02	6	14
LNU904	0,751	1,24E-02	6	49	LNU904	0,765	9,94E-03	4	53
LNU904	0,718	1,94E-02	4	4	LNU904	0,767	9,63E-03	4	12
LNU904	0,732	1,61E-02	5	10	LNU905	0,710	2,14E-02	2	47
LNU905	0,872	2,17E-03	4	45	LNU905	0,800	5,42E-03	4	53
LNU905	0,854	1,65E-03	4	4	LNU905	0,785	7,10E-03	4	12
LNU905	0,714	2,04E-02	8	5	LNU905	0,725	1,76E-02	5	54
LNU905	0,761	1,06E-02	5	13	LNU905	0,822	6,54E-03	7	45
LNU905	0,720	2,86E-02	1	45	LNU906	0,749	1,26E-02	6	17
LNU906	0,778	8,04E-03	6	40	LNU906	0,832	2,85E-03	6	44
LNU906	0,805	4,95E-03	6	34	LNU906	0,745	1,35E-02	2	41
LNU906	0,855	1,63E-03	2	16	LNU906	0,939	5,71E-05	4	53
LNU906	0,868	1,12E-03	4	4	LNU906	0,943	4,37E-05	4	12
LNU907	0,700	2,42E-02	6	29	LNU907	0,829	3,00E-03	6	52
LNU907	0,825	3,28E-03	6	49	LNU907	0,790	6,50E-03	6	8
LNU907	0,791	6,44E-03	8	33	LNU907	0,706	2,26E-02	8	39
LNU907	0,836	2,59E-03	8	35	LNU907	0,746	1,32E-02	8	37

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU908	0,701	2,41E-02	2	5	LNU908	0,725	1,77E-02	1	4
LNU909	0,805	4,99E-03	2	41	LNU909	0,745	1,34E-02	2	51
LNU909	0,920	1,66E-04	2	16	LNU909	0,789	1,14E-02	4	45
LNU909	0,822	3,51E-03	3	11	LNU909	0,771	9,03E-03	3	6
LNU910	0,761	1,05E-02	6	17	LNU910	0,743	1,37E-02	6	44
LNU910	0,743	1,38E-02	5	41	LNU910	0,732	1,62E-02	5	51
LNU910	0,767	9,66E-03	5	16	LNU910	0,761	1,71E-02	3	52
LNU910	0,781	1,30E-02	3	49	LNU910	0,763	1,02E-02	1	53
LNU910	0,761	1,05E-02	1	4	LNU910	0,768	9,45E-03	1	12
LNU911	0,716	1,99E-02	6	11	LNU911	0,774	8,56E-03	8	10
LNU911	0,708	2,18E-02	5	41	LNU911	0,712	2,09E-02	5	51
LNU911	0,733	1,59E-02	3	6	LNU911	0,760	1,08E-02	7	30
LNU912	0,773	8,74E-03	9	17	LNU912	0,706	2,25E-02	9	44
LNU912	0,710	2,15E-02	9	43	LNU912	0,712	2,08E-02	2	47
LNU912	0,702	3,48E-02	4	18	LNU912	0,717	1,96E-02	7	15
LNU912	0,902	3,58E-04	1	30	LNU913	0,713	2,06E-02	2	31
LNU913	0,705	2,29E-02	2	22	LNU913	0,726	1,75E-02	2	37
LNU913	0,760	1,08E-02	3	17	LNU913	0,746	1,33E-02	3	40
LNU913	0,821	3,63E-03	3	44	LNU913	0,803	5,19E-03	3	36
LNU913	0,777	8,20E-03	3	34	LNU914	0,713	2,07E-02	6	40
LNU914	0,759	1,09E-02	6	34	LNU914	0,716	1,98E-02	9	8
LNU914	0,707	2,22E-02	5	51	LNU916	0,753	1,92E-02	1	21
LNU917	0,750	1,25E-02	6	17	LNU917	0,728	1,70E-02	6	44
LNU917	0,900	3,94E-04	4	53	LNU917	0,794	6,13E-03	4	4
LNU917	0,904	3,29E-04	4	12	LNU917	0,959	4,46E-05	3	52
LNU917	0,830	2,97E-03	3	6	LNU917	0,925	3,50E-04	3	49
LNU917	0,804	5,09E-03	3	8	LNU917	0,728	2,62E-02	1	18
LNU918	0,837	2,54E-03	9	17	LNU918	0,757	1,13E-02	8	16
LNU918	0,748	1,29E-02	3	44	LNU919	0,791	6,48E-03	9	17
LNU919	0,756	1,14E-02	9	40	LNU919	0,758	1,11E-02	9	44
LNU919	0,758	1,10E-02	9	43	LNU919	0,709	2,16E-02	9	34
LNU919	0,896	4,55E-04	2	41	LNU919	0,733	1,59E-02	2	22
LNU919	0,736	1,52E-02	2	42	LNU919	0,836	2,56E-03	2	51
LNU919	0,780	7,74E-03	2	37	LNU919	0,769	9,37E-03	2	16
LNU919	0,870	1,05E-03	8	35	LNU919	0,708	2,19E-02	3	17
LNU920	0,728	1,71E-02	6	14	LNU920	0,727	1,72E-02	6	49
LNU920	0,790	1,12E-02	4	45	LNU921	0,701	2,40E-02	6	17
LNU921	0,876	8,95E-04	4	53	LNU921	0,804	5,05E-03	4	4
LNU921	0,867	1,16E-03	4	12	LNU922	0,819	3,73E-03	6	3
LNU922	0,740	1,44E-02	2	37	LNU922	0,796	5,83E-03	2	16
LNU922	0,779	7,87E-03	5	2	LNU922	0,701	2,39E-02	3	20
LNU922	0,820	6,77E-03	1	18	LNU922	0,864	2,66E-03	1	24
LNU922	0,886	1,47E-03	1	21	LNU923	0,785	7,10E-03	6	48
LNU923	0,734	1,56E-02	5	2	LNU923	0,897	4,27E-04	3	17
LNU923	0,714	2,03E-02	3	44	LNU924	0,824	3,39E-03	9	17
LNU924	0,746	1,32E-02	9	23	LNU924	0,734	1,56E-02	9	44
LNU924	0,803	5,20E-03	4	53	LNU924	0,820	3,66E-03	4	4
LNU924	0,808	4,66E-03	4	12	LNU924	0,702	2,36E-02	8	33
LNU924	0,723	1,81E-02	8	35	LNU925	0,715	2,00E-02	6	11
LNU925	0,737	1,49E-02	6	6	LNU925	0,701	2,38E-02	6	14
LNU925	0,782	7,53E-03	2	5	LNU925	0,716	1,98E-02	2	50
LNU925	0,737	1,51E-02	2	54	LNU925	0,765	9,87E-03	2	41
LNU925	0,710	2,14E-02	2	10	LNU925	0,785	7,18E-03	2	28
LNU925	0,717	1,95E-02	2	13	LNU925	0,752	1,22E-02	2	51
LNU925	0,761	1,05E-02	2	37	LNU925	0,734	1,56E-02	4	53
LNU925	0,751	1,22E-02	4	12	LNU925	0,824	3,40E-03	8	41
LNU925	0,787	6,84E-03	8	51	LNU925	0,770	9,16E-03	8	37
LNU925	0,814	4,16E-03	8	16	LNU925	0,825	6,15E-03	3	52
LNU925	0,711	2,13E-02	3	6	LNU925	0,762	1,71E-02	3	49
LNU925	0,817	3,91E-03	3	8	LNU926	0,823	3,43E-03	6	17
LNU926	0,706	2,26E-02	6	43	LNU926	0,778	8,05E-03	8	2

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU926	0,715	2,02E-02	7	30	LNU928	0,840	4,57E-03	4	45
LNU928	0,733	2,47E-02	3	52	LNU928	0,793	1,08E-02	3	49
LNU928	0,712	3,13E-02	7	45	LNU928	0,855	1,60E-03	1	15
LNU930	0,754	1,18E-02	9	11	LNU930	0,748	1,28E-02	2	41
LNU930	0,714	2,03E-02	2	35	LNU930	0,757	1,13E-02	2	42
LNU930	0,748	1,29E-02	2	51	LNU930	0,733	1,60E-02	2	37
LNU930	0,702	2,35E-02	2	16	LNU930	0,774	1,45E-02	3	52
LNU930	0,767	1,59E-02	3	49	LNU931	0,834	2,72E-03	6	3
LNU931	0,797	5,77E-03	8	41	LNU931	0,795	5,99E-03	8	35
LNU931	0,836	2,60E-03	8	42	LNU931	0,836	2,60E-03	8	51
LNU931	0,859	1,44E-03	8	37	LNU931	0,709	2,16E-02	5	2
LNU932	0,829	5,69E-03	3	55	LNU932	0,703	3,47E-02	7	18
LNU932	0,799	9,81E-03	7	27	LNU932	0,729	2,58E-02	7	24
LNU933	0,771	9,00E-03	5	2	LNU933	0,778	8,03E-03	1	30
LNU934	0,834	2,71E-03	6	48	LNU934	0,868	1,13E-03	9	43
LNU934	0,711	2,10E-02	2	41	LNU934	0,755	1,16E-02	2	51
LNU934	0,757	1,12E-02	2	37	LNU934	0,716	1,98E-02	3	17
LNU934	0,897	4,31E-04	3	44	LNU935	0,739	1,46E-02	6	17
LNU935	0,781	7,62E-03	9	17	LNU935	0,765	1,62E-02	3	55
LNU935	0,927	3,22E-04	1	18	LNU935	0,815	7,47E-03	1	27
LNU935	0,871	2,21E-03	1	24	LNU935	0,735	2,42E-02	1	21
LNU936	0,739	1,46E-02	6	36	LNU936	0,735	1,55E-02	6	34
LNU936	0,786	7,01E-03	2	42	LNU936	0,734	1,56E-02	8	16
LNU938	0,743	1,39E-02	9	17	LNU938	0,847	2,00E-03	9	44
LNU938	0,836	2,57E-03	4	30	LNU939	0,830	2,95E-03	4	53
LNU939	0,777	8,25E-03	4	4	LNU939	0,830	2,98E-03	4	12
LNU939	0,821	3,56E-03	5	5	LNU939	0,821	3,60E-03	5	50
LNU939	0,869	1,11E-03	5	54	LNU939	0,900	3,91E-04	5	13
LNU939	0,954	6,53E-05	7	18	LNU939	0,894	1,15E-03	7	27
LNU939	0,904	8,15E-04	7	24	LNU940	0,784	7,31E-03	6	6
LNU940	0,762	1,04E-02	6	40	LNU940	0,748	1,29E-02	6	14
LNU940	0,730	1,64E-02	6	34	LNU940	0,718	2,95E-02	9	52
LNU940	0,841	2,28E-03	9	6	LNU940	0,715	2,02E-02	9	14
LNU940	0,713	2,05E-02	5	5	LNU940	0,721	1,86E-02	5	54
LNU940	0,767	9,62E-03	5	13	LNU941	0,893	5,02E-04	2	41
LNU941	0,753	1,20E-02	2	22	LNU941	0,741	1,42E-02	2	35
LNU941	0,721	1,87E-02	2	42	LNU941	0,891	5,44E-04	2	51
LNU941	0,824	3,37E-03	2	37	LNU941	0,857	1,52E-03	3	6
LNU942	0,716	1,99E-02	9	17	LNU942	0,786	6,97E-03	2	41
LNU942	0,737	1,50E-02	2	22	LNU942	0,740	1,43E-02	2	51
LNU942	0,839	2,43E-03	4	53	LNU942	0,829	3,01E-03	4	4
LNU942	0,846	2,01E-03	4	12	LNU942	0,895	4,67E-04	8	31
LNU942	0,885	1,52E-03	3	52	LNU942	0,884	1,56E-03	3	49
LNU942	0,771	9,09E-03	1	53	LNU942	0,792	6,32E-03	1	4
LNU942	0,761	1,06E-02	1	12	LNU943	0,720	1,88E-02	6	17
LNU943	0,766	9,80E-03	5	19	LNU943	0,773	8,75E-03	5	28
LNU943	0,701	2,38E-02	5	13	LNU944	0,803	5,12E-03	6	26
LNU944	0,861	1,38E-03	6	20	LNU944	0,805	4,92E-03	6	23
LNU944	0,718	1,95E-02	6	44	LNU944	0,804	5,03E-03	2	28
LNU944	0,750	1,25E-02	8	47	LNU944	0,795	1,05E-02	3	52
LNU944	0,747	2,08E-02	3	49	LNU944	0,752	1,22E-02	3	8
LNU945	0,703	2,34E-02	6	14	LNU945	0,813	4,27E-03	2	47
LNU945	0,805	4,92E-03	8	35	LNU946	0,791	6,43E-03	6	17
LNU946	0,795	5,99E-03	6	44	LNU946	0,898	4,26E-04	5	16
LNU946	0,745	1,34E-02	3	23	LNU946	0,867	2,49E-03	7	18
LNU946	0,899	9,92E-04	7	27	LNU946	0,796	1,02E-02	7	24
LNU947	0,736	1,52E-02	9	40	LNU947	0,741	1,41E-02	9	34
LNU947	0,717	1,96E-02	1	53	LNU947	0,847	1,98E-03	1	4
LNU947	0,705	2,29E-02	1	12	LNU948	0,780	7,76E-03	6	48
LNU948	0,710	2,15E-02	6	3	LNU948	0,705	2,27E-02	1	30
LNU949	0,751	1,23E-02	6	52	LNU949	0,800	5,48E-03	6	11

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU949	0,834	2,72E-03	6	6	LNU949	0,736	1,52E-02	6	14
LNU949	0,758	1,11E-02	6	49	LNU949	0,730	1,66E-02	2	47
LNU949	0,764	1,01E-02	4	53	LNU949	0,843	2,17E-03	4	4
LNU949	0,756	1,14E-02	4	12	LNU949	0,795	6,00E-03	5	5
LNU949	0,805	4,96E-03	5	50	LNU949	0,780	7,77E-03	5	54
LNU949	0,799	5,56E-03	5	13	LNU949	0,758	1,11E-02	3	8
LNU950	0,739	1,47E-02	6	3	LNU951	0,744	1,37E-02	2	13
LNU952	0,838	4,78E-03	3	52	LNU952	0,870	1,07E-03	3	6
LNU952	0,776	1,39E-02	3	49	LNU952	0,796	5,90E-03	3	8
LNU952	0,785	1,21E-02	1	45	LNU952	0,786	7,02E-03	1	53
LNU952	0,728	1,70E-02	1	4	LNU952	0,774	8,66E-03	1	12
LNU953	0,774	1,44E-02	3	52	LNU953	0,771	1,51E-02	3	49
LNU953	0,726	1,74E-02	3	8	LNU954	0,814	4,13E-03	6	52
LNU954	0,715	2,02E-02	6	14	LNU954	0,793	6,19E-03	6	49
LNU954	0,726	2,69E-02	4	45	LNU954	0,860	1,42E-03	8	5
LNU954	0,861	1,36E-03	8	50	LNU954	0,851	1,79E-03	8	54
LNU954	0,739	1,46E-02	8	10	LNU954	0,871	1,04E-03	8	35
LNU954	0,782	7,52E-03	8	13	LNU954	0,802	5,29E-03	5	5
LNU954	0,774	8,55E-03	5	54	LNU954	0,762	1,04E-02	5	10
LNU954	0,750	2,00E-02	7	18	LNU954	0,730	2,57E-02	7	24
LNU955	0,732	1,61E-02	9	17	LNU955	0,805	8,86E-03	4	18
LNU955	0,812	7,90E-03	4	27	LNU955	0,728	2,63E-02	4	24
LNU955	0,824	3,40E-03	8	33	LNU955	0,851	1,80E-03	8	39
LNU955	0,705	2,27E-02	5	2	LNU955	0,710	2,15E-02	1	30
LNU956	0,786	1,21E-02	4	45	LNU956	0,787	1,19E-02	1	45
LNU957	0,749	1,27E-02	6	29	LNU957	0,743	1,37E-02	6	20
LNU957	0,782	1,27E-02	3	55	LNU958	0,801	5,37E-03	9	17
LNU958	0,773	8,77E-03	4	30	LNU958	0,800	5,47E-03	8	33
LNU958	0,799	5,53E-03	8	39	LNU958	0,759	1,09E-02	8	16
LNU958	0,720	1,88E-02	5	41	LNU958	0,886	6,41E-04	5	16
LNU959	0,827	3,13E-03	2	41	LNU959	0,747	1,29E-02	2	22
LNU959	0,757	1,13E-02	2	51	LNU959	0,778	8,02E-03	2	16
LNU959	0,727	1,72E-02	4	9	LNU959	0,928	3,02E-04	3	52
LNU959	0,871	1,03E-03	3	6	LNU959	0,701	2,39E-02	3	14
LNU959	0,893	1,17E-03	3	49	LNU959	0,771	8,97E-03	3	8
LNU960	0,865	1,23E-03	6	17	LNU960	0,886	6,43E-04	6	44
LNU960	0,771	9,08E-03	9	26	LNU960	0,807	4,82E-03	9	23
LNU960	0,722	1,83E-02	9	44	LNU960	0,754	1,17E-02	2	42
LNU960	0,759	1,10E-02	2	37	LNU960	0,932	8,55E-05	4	53
LNU960	0,870	1,05E-03	4	4	LNU960	0,932	8,83E-05	4	12
LNU960	0,738	1,49E-02	5	13	LNU960	0,703	2,34E-02	5	51
LNU961	0,738	1,47E-02	6	20	LNU961	0,803	5,15E-03	9	17
LNU961	0,836	2,56E-03	9	44	LNU961	0,735	1,54E-02	9	43
LNU961	0,745	1,35E-02	8	33	LNU961	0,824	3,40E-03	8	35
LNU961	0,781	7,62E-03	3	8	LNU961	0,874	2,06E-03	7	18
LNU961	0,954	6,50E-05	7	27	LNU961	0,789	1,14E-02	7	24
LNU962	0,808	4,66E-03	2	16	LNU962	0,725	1,76E-02	5	28
LNU962	0,897	1,06E-03	3	52	LNU962	0,848	1,93E-03	3	6
LNU962	0,892	1,22E-03	3	49	LNU962	0,706	3,36E-02	1	45
LNU964	0,706	2,24E-02	2	33	LNU964	0,778	8,03E-03	2	41
LNU964	0,756	1,14E-02	2	35	LNU964	0,820	3,71E-03	2	51
LNU964	0,820	3,71E-03	2	37	LNU964	0,778	8,06E-03	3	44
LNU964	0,713	2,06E-02	1	53	LNU964	0,712	2,08E-02	1	12
LNU965	0,828	3,08E-03	6	48	LNU965	0,745	1,35E-02	6	3
LNU965	0,779	7,92E-03	2	33	LNU965	0,885	6,71E-04	2	41
LNU965	0,767	9,59E-03	2	39	LNU965	0,829	3,04E-03	2	51
LNU965	0,861	1,39E-03	2	37	LNU965	0,875	9,24E-04	2	16
LNU966	0,709	2,17E-02	6	52	LNU966	0,708	2,20E-02	6	3
LNU966	0,748	1,29E-02	3	6	LNU966	0,716	3,00E-02	7	45
LNU967	0,800	5,48E-03	6	17	LNU967	0,766	9,82E-03	4	53
LNU967	0,707	2,22E-02	4	4	LNU967	0,768	9,41E-03	4	12
Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU968	0,771	9,02E-03	6	48	LNU968	0,719	1,90E-02	2	33
LNU968	0,919	1,71E-04	2	41	LNU968	0,904	3,35E-04	2	51
LNU968	0,781	7,72E-03	2	37	LNU968	0,734	1,56E-02	2	16
LNU968	0,788	6,83E-03	3	17	LNU968	0,826	3,22E-03	3	43
LNU969	0,805	4,95E-03	2	42					

Tabela 36. São fornecidas as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [Folha bandeira, meristema da flor, caule e flor; Conjuntos de Expressão (Exp.)] e o desempenho fenotípico em vários componentes de vigor, produção, biomassa e/ou taxa de crescimento [Vetor de correlação (Cor.)] sob condições normais e de estresse em acessos de sorgo. P = valor-p.

EXEMPLO 6

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE SORGO E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE COM PARÂMETROS RELACIONADOS À BIOMASSA, NUE E ABST MEDIDOS EM CONDIÇÕES SEMI-HIDROPÔNICAS UTILIZANDO MICROARRANJOS DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE SORGO 44K.

[00454] Parâmetros relacionados ao vigor do Sorgo sob condições de baixo nitrogênio, 100 mM NaCl, baixa temperatura ($10 \pm 2^\circ\text{C}$) e condições normais de cultivo - Dez híbridos de Sorgo foram cultivados em 3 lotes repetitivos, cada um contendo 17 plantas, em uma estufa de rede em condições semi-hidropônicas. Em suma, o protocolo de cultivo deu-se conforme segue: as sementes de Sorgo foram semeadas em tabuleiros cheios com uma mistura de vermiculite e turfa na proporção de 1:1. Após a germinação, os tabuleiros foram transferidos para a solução de alta salinidade (100 mM NaCl, além da solução Completa de Hogland) em baixa temperatura ($10 \pm 2^\circ\text{C}$, na presença da solução Completa de Hogland), solução de baixo nitrogênio (a quantia de nitrogênio total foi reduzida em 90% a partir da solução Completa de Hogland (ou seja, a uma concentração final de 10% a partir da solução Completa de Hogland, quantia final de 1,2 mM N) ou em solução de cultivo Normal [solução Completa de Hogland contendo 16 mM N, a $28 \pm 2^\circ\text{C}$]. As plantas foram cultivadas a $28 \pm 2^\circ\text{C}$.

[00455] A solução Completa de Hogland consiste de: KNO_3 - 0,808 gramas/litro, MgSO_4 - 0,12 gramas/litro, KH_2PO_4 - 0,172 gramas/litro e 0,01% (volume/volume) dos microelementos de “Super coratina” (Ferro-EDDHA [etilenodiamina-N,N'-bis(ácido 2-hidroxifenilacético)] - 40,5 gramas/litro; Mn - 20,2 gramas/litro; Zn 10,1 gramas/litro; Co 1,5 gramas/litro, e Mo 1,1 gramas/litro), o pH da solução deverá ser 6,5-6,8].

[00456] Tecidos de Sorgo analisados - Todos os 10 híbridos de Sorgo selecionados foram amostrados para cada tratamento. Três tecidos [folhas, meristemas e raízes] cultivados em 100 mM NaCl, em baixa temperatura (10

$\pm 2^{\circ}\text{C}$), baixo nitrogênio (1,2 mM N) ou sob condições Normais foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido na Tabela 37 abaixo.

Tabela 37

Conjuntos de expressão de transcriptoma de Sorgo sob condições semi-hidropônicas

ID de Conjunto	Conjunto de Expressão
1	Raízes de sorgo sob condições de frio
2	Raízes de sorgo sob condições normais
3	Raízes de sorgo sob condições de baixo N
4	Raízes de sorgo sob condições de 100 mM NaCl
5	Meristemas de sorgo sob condições de frio
6	Meristemas de sorgo sob condições normais
7	Meristemas de sorgo sob condições de baixo N
8	Meristemas de sorgo sob condições de 100 mM NaCl

Tabela 37: São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma do Sorgo. Condições de frio = $10 \pm 2^{\circ}\text{C}$; NaCl = 100 mM NaCl; baixo nitrogênio = 1,2 mM de Nitrogênio; condições Normais = 16 mM de Nitrogênio.

Resultados Experimentais:

[00457] 10 diferentes híbridos de Sorgo foram cultivados e caracterizados com relação aos seguintes parâmetros: “Número de folhas” = número de folhas por planta (média de cinco plantas), “Altura da Planta” = altura da planta [cm] (média de cinco plantas), “Raiz DW/Planta” - peso seco da raiz por planta (média de cinco plantas); “Broto DW/Planta” - peso seco do broto por planta (média de cinco plantas) (Tabela 38); A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP e os valores foram resumidos na Tabelas 39-45 abaixo. Uma análise de correlação subsequente foi conduzida (Tabela 46). Os resultados foram, então, integrados à base de dados.

Tabela 38

Parâmetros correlacionados ao Sorgo (vetores)

ID de Correlação	Parâmetros relacionados com
1	DW da Raiz/Planta - 100 mM NaCl [g.]
2	DW da Raiz/Planta - Frio [g.]
3	DW da Raiz/Planta - Baixo Nitrogênio [g.]
4	DW da Raiz/Planta - Normal [g.]
5	DW do Broto/Planta - Baixo Nitrogênio [g.]

6	DW do Broto/Planta - 100 mM NaCl [g.]
7	DW do Broto/Planta - Frio [g.]
8	DW do Broto/Planta - Normal [g.]
9	Folha TP1 - 100 mM NaCl [número]
10	Folha TP1 - Frio [número]
11	Folha TP1 - Baixo Nitrogênio [número]
12	Folha TP1 - Normal [número]
13	Folha TP2 - 100 mM NaCl [número]
14	Folha TP2 - Frio [número] [número]
15	Folha TP2 - Baixo Nitrogênio [número]
16	Folha TP2 - Normal [número]
17	Folha TP3 - 100 mM NaCl [número]
18	Folha TP3 - Frio [número]
19	Folha TP3 - Baixo Nitrogênio [número]
20	Folha TP3 - Normal [número]
21	Baixo N - NUE por biomassa total [g.]
22	Baixo N - Broto/Raiz
23	Baixo N - NUE das raízes
24	Baixo N - NUE dos brotos
ID de Correlação	Parâmetros relacionados com
25	Baixo N - % de biomassa da raiz comparado ao normal
26	Baixo N - % de biomassa do broto comparado ao normal
27	Baixo N - % de redução de biomassa total comparado ao normal
28	Nível N/ Folha [Baixo Nitrogênio]
29	Nível N/ Folha [100 mM NaCl]
30	Nível N/ Folha [Frio]
31	Nível N/ Folha [Normal]
32	Normal - Broto/Raiz
33	Norma - NUE das raízes
34	Normal - NUE dos brotos
35	Normal- NUE por biomassa total
36	Altura da Planta TP1 - 100 mM NaCl [cm]
37	Altura da Planta TP1 - Frio [cm]
38	Altura da Planta TP1 - Baixo Nitrogênio [cm]
39	Altura da Planta TP1 - Normal [cm]
40	Altura da Planta TP2 - Frio [cm]
41	Altura da Planta TP2 - Baixo Nitrogênio [cm]
42	Altura da Planta TP2 - Normal [cm]
43	Altura da Planta TP2 - 100 mM NaCl [cm]
44	Altura da Planta TP3 - 100 mM NaCl [cm]
45	Altura da Planta TP3 - Baixo Nitrogênio [cm]
46	Número de folhas RGR - Normal
47	Biomassa da Raiz [DW- g.]/SPAD [100 mM NaCl]
48	Biomassa da Raiz [DW- g.]/SPAD [Frio]
49	Biomassa da Raiz [DW- g.]/SPAD [Baixo Nitrogênio]
50	Biomassa da Raiz [DW- g.]/SPAD [Normal]
51	SPAD - Frio
52	SPAD - Baixo Nitrogênio
53	SPAD - Normal
54	SPAD 100 - mM NaCl
55	Biomassa do Broto [DW- g.]/SPAD [100 mM NaCl]
56	Biomassa do Broto [DW- g.]/SPAD [Frio]
57	Biomassa do Broto [DW- g.]/SPAD [Baixo Nitrogênio]
58	Biomassa do Broto [DW- g.]/SPAD [Normal]
59	Biomassa Total - Raiz+Broto [DW- g.]/SPAD [100 mM NaCl]
60	Biomassa Total - Raiz+Broto [DW- g.]/SPAD [Frio]
61	Biomassa Total - Raiz+Broto [DW- g.]/SPAD [Baixo Nitrogênio]
62	Biomassa Total - Raiz+Broto [DW- g.]/SPAD [Normal]

Tabela 38: São fornecidos os parâmetros correlacionados ao Sorgo. Condições de frio = 10 ± 2°C; NaCl =

100 mM NaCl; baixo nitrogênio = 1,2 mM de Nitrogênio; Condições normais = 16 mM de Nitrogênio; * TP1-2-3 referem-se aos períodos de tempos 1, 2 e 3.

Tabela 39

Acessos de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de cultivo de baixo nitrogênio

ID de Cor./ ID de linha	3	5	11	15	19	38	41	45	52	1
Linha-1	0,04	0,08	3,00	4,00	3,90	6,73	13,30	22,23	26,88	0,05
Linha-2	0,11	0,19	3,13	4,58	4,27	9,77	20,63	31,07	28,02	0,10
Linha-3	0,20	0,33	3,87	4,97	4,70	12,70	23,70	34,67	29,64	0,12
Linha-4	0,10	0,16	3,53	4,73	4,23	8,67	18,03	30,03	31,52	0,07
Linha-5	0,08	0,16	3,20	4,60	4,30	9,77	19,33	30,83	29,61	0,08
ID de Cor./ ID de linha	3	5	11	15	19	38	41	45	52	1
Linha-6	0,09	0,16	3,13	4,70	4,57	9,23	19,20	29,87	26,82	0,08
Linha-7	0,13	0,26	3,13	4,97	4,63	10,27	21,87	30,87	28,48	0,14
Linha-8	0,09	0,20	3,30	4,87	4,67	10,10	22,13	32,40	28,21	0,10
Linha-9	0,09	0,13	3,07	4,67	3,97	7,93	18,20	29,37	30,48	0,17
Linha-10	0,09	0,18	3,07	4,57	4,10	8,23	21,00	30,70	27,63	0,14

Tabela 39: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 40

Acessos adicionais de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de cultivo de baixo nitrogênio

ID de Cor./ ID de linha	21	22	23	24	25	26	27	28	49	57	61
Linha-1	27,528	1,875	9,647	17,881	84,528	81,573	82,585	6,892	0,002	0,003	0,005
Linha-2	64,124	1,707	23,538	40,586	80,954	79,164	79,812	6,568	0,004	0,007	0,011
Linha-3	115,231	1,731	43,877	71,354	117,004	104,754	109,104	6,307	0,007	0,011	0,018
Linha-4	58,017	1,568	22,580	35,436	100,519	103,497	102,317	7,446	0,003	0,005	0,008
Linha-5	52,219	2,096	16,886	35,333	72,538	83,707	79,737	6,886	0,003	0,005	0,008
Linha-6	35,103	1,815	12,440	22,663	71,777	83,215	78,767	5,873	0,003	0,006	0,009
Linha-7	84,575	2,062	28,194	56,381	93,472	107,689	102,492	6,146	0,005	0,009	0,014
Linha-8	63,728	2,097	20,528	43,200	76,051	81,386	79,588	6,046	0,003	0,007	0,010
Linha-9	47,029	1,504	18,756	28,273	86,820	70,300	76,073	7,683	0,003	0,004	0,007
Linha-10	59,998	1,999	20,086	39,912	80,511	75,859	77,355	6,740	0,003	0,007	0,010

Tabela 40: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 41

Acessos de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de salinidade (100 mM NaC

ID de Cor./ ID de linha	1	6	9	13	17	36
Linha-1	0,050	0,094	3,000	4,000	4,000	7,900
Linha-2	0,104	0,186	3,133	4,367	4,133	9,500
Linha-3	0,124	0,202	3,400	4,867	4,567	10,933
Linha-4	0,069	0,137	3,067	4,600	4,433	7,933
Linha-5	0,076	0,130	3,333	4,500	4,067	9,700
Linha-6	0,075	0,133	3,067	4,533	4,333	8,533
Linha-7	0,135	0,154	3,067	4,500	4,133	8,900
Linha-8	0,095	0,189	3,267	4,767	4,500	10,367
Linha-9	0,165	0,099	3,000	4,320	3,780	7,000
Linha-10	0,139	0,124	3,067	4,200	4,200	7,833

Tabela 41: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de cultivo a 100 mM NaCl. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 42

Acessos adicionais de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de salinidade (100 mM NaCl)

ID de Cor./ ID de linha	29	47	55	59	43	44	54
Linha-1	8,183	0,002	0,003	0,004	14,200	21,800	32,733
Linha-2	8,503	0,003	0,005	0,008	16,267	23,167	35,144
Linha-3	6,124	0,004	0,007	0,012	20,367	30,367	27,967
Linha-4	6,977	0,002	0,004	0,007	13,333	22,833	30,933
Linha-5	8,492	0,002	0,004	0,006	15,900	23,700	34,533
Linha-6	6,921	0,003	0,004	0,007	16,533	23,300	29,989
Linha-7	7,763	0,004	0,005	0,009	15,467	22,467	32,089
Linha-8	7,079	0,003	0,006	0,009	18,933	26,833	31,856
Linha-9	8,601	0,005	0,003	0,008	13,680	20,280	32,513
Linha-10	8,172	0,004	0,004	0,008	15,767	23,567	34,322

Tabela 42: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de cultivo a 100 mM NaCl. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 43

Acessos de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de frio

ID de Cor./ ID de linha	2	7	10	14	18	37	40	51	30	48	56	60
Linha-1	0,068	0,078	3,000	3,900	4,733	6,500	11,167	28,622	6,047	0,002	0,003	0,005
Linha-2	0,108	0,154	3,000	4,133	5,333	8,767	15,867	30,311	5,683	0,004	0,005	0,009
Linha-3	0,163	0,189	3,500	4,633	5,433	10,400	18,433	27,044	4,978	0,006	0,007	0,013
Linha-4	0,093	0,112	3,167	4,167	5,500	6,800	12,200	32,278	5,869	0,003	0,003	0,006
Linha-5	0,084	0,130	3,400	4,267	5,333	9,033	16,033	28,278	5,302	0,003	0,005	0,008
Linha-6	0,114	0,165	3,200	4,233	5,067	9,000	14,633	29,889	5,899	0,004	0,006	0,009
Linha-7	0,137	0,152	3,133	4,200	4,500	7,967	14,600	32,467	7,215	0,004	0,005	0,009
Linha-8	0,127	0,150	3,067	4,300	5,400	9,167	17,267	28,633	5,302	0,004	0,005	0,010
Linha-9	0,108	0,112	3,067	4,167	5,367	6,500	13,433	31,711	5,909	0,003	0,004	0,007
Linha-10	0,139	0,141	3,000	4,000	5,182	7,227	13,909	29,557	5,704	0,005	0,005	0,009

Tabela 43: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de cultivo frias. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 44

Acessos de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de cultivo regular

ID de Cor./ ID de linha	4	8	12	16	20	39	42	46	53
Linha-1	0,053	0,101	3,000	4,167	5,333	7,467	14,967	0,155	26,700
Linha-2	0,134	0,236	3,067	4,500	5,867	9,300	18,233	0,186	29,333
Linha-3	0,173	0,313	3,800	4,800	6,200	12,867	22,100	0,159	29,856
Linha-4	0,103	0,158	3,200	4,600	5,800	8,567	17,600	0,173	29,089
Linha-5	0,107	0,194	3,233	4,533	5,800	8,933	18,067	0,171	24,978
Linha-6	0,120	0,188	3,233	4,967	5,733	8,533	18,533	0,168	24,622
Linha-7	0,139	0,241	3,133	4,600	5,733	10,667	22,833	0,174	30,789
Linha-8	0,124	0,244	3,433	4,933	6,000	10,267	22,033	0,171	25,500
Linha-9	0,099	0,185	3,000	4,500	5,600	7,867	20,033	0,174	32,889
Linha-10	0,115	0,242	3,000	4,567	6,067	8,767	21,800	0,204	33,544

Tabela 44: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de cultivo regular. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 45

Acessos adicionais de Sorgo, parâmetros medidos sob condições de cultivo regular

ID de Cor./ ID de linha	31	32	33	34	35	50	58	62
Linha-1	5,006	1,984	0,861	1,653	2,514	0,002	0,004	0,006
Linha-2	5,000	1,936	2,193	3,866	6,059	0,005	0,008	0,013
ID de Cor./ ID de linha	31	32	33	34	35	50	58	62
Linha-3	4,815	1,897	2,828	5,137	7,964	0,006	0,010	0,016
Linha-4	5,015	1,586	1,694	2,582	4,276	0,004	0,005	0,009
Linha-5	4,307	1,813	1,755	3,183	4,939	0,004	0,008	0,012
Linha-6	4,295	1,579	1,960	3,081	5,041	0,005	0,008	0,012
Linha-7	5,370	1,759	2,275	3,948	6,223	0,005	0,008	0,012
Linha-8	4,250	1,988	2,036	4,003	6,038	0,005	0,010	0,014
Linha-9	5,873	1,895	1,086	2,022	3,108	0,003	0,006	0,009
Linha-10	5,529	2,198	1,881	3,968	5,849	0,003	0,007	0,011

Tabela 44: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Sorgo (ID de linha) sob condições de cultivo regular. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 46

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em raízes e o desempenho fenotípico sob condições de estresse abiótico ou normal em acessos de sorgo

Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.	Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.
LNU856	0,862	1,26E-02	3	49	LNU856	0,860	1,31E-02	3	3		
LNU856	0,933	2,14E-03	3	5	LNU856	0,812	2,67E-02	3	45		
LNU856	0,851	1,52E-02	3	23	LNU856	0,896	6,34E-03	3	61		
LNU856	0,928	2,59E-03	3	24	LNU856	0,921	3,24E-03	3	21		
LNU856	0,877	9,56E-03	3	57	LNU856	0,855	1,42E-02	3	41		
LNU856	0,801	9,50E-03	2	20	LNU856	0,840	2,37E-03	1	18		
LNU857	0,716	7,05E-02	3	22	LNU857	0,812	7,87E-03	6	49		
LNU857	0,777	1,37E-02	6	3	LNU857	0,778	1,36E-02	6	5		
LNU857	0,777	1,37E-02	6	23	LNU857	0,811	7,92E-03	6	61		
LNU857	0,778	1,36E-02	6	24	LNU857	0,787	1,19E-02	6	21		
LNU857	0,727	2,65E-02	6	38	LNU857	0,795	1,04E-02	6	57		
LNU857	0,703	3,47E-02	2	34	LNU857	0,757	1,82E-02	5	7		
LNU857	0,744	2,15E-02	5	48	LNU857	0,701	3,52E-02	5	10		
LNU857	0,858	3,08E-03	5	56	LNU857	0,827	5,94E-03	5	60		
LNU857	0,847	3,99E-03	5	37	LNU857	0,871	2,26E-03	5	40		
LNU857	0,854	3,42E-03	5	14	LNU859	0,899	3,96E-04	1	48		
LNU859	0,850	1,84E-03	1	2	LNU859	0,712	2,10E-02	1	56		
LNU859	0,829	3,04E-03	1	60	LNU860	0,848	1,59E-02	3	28		
LNU860	0,721	2,82E-02	6	45	LNU861	0,756	1,85E-02	6	45		
LNU861	0,768	1,57E-02	6	41	LNU861	0,700	3,57E-02	8	4		
LNU861	0,776	1,40E-02	8	42	LNU862	0,705	7,70E-02	3	26		
LNU862	0,804	8,99E-03	5	30	LNU863	0,792	1,09E-02	6	49		
LNU863	0,790	1,13E-02	6	3	LNU863	0,734	2,43E-02	6	5		
LNU863	0,790	1,13E-02	6	23	LNU863	0,756	1,84E-02	6	61		
LNU863	0,734	2,43E-02	6	24	LNU863	0,764	1,65E-02	6	21		
LNU863	0,720	2,88E-02	6	57	LNU863	0,738	2,32E-02	7	1		
LNU863	0,818	7,05E-03	7	59	LNU863	0,838	4,83E-03	7	47		
LNU863	0,766	1,60E-02	2	8	LNU863	0,781	1,29E-02	2	42		
LNU863	0,709	3,26E-02	8	20	LNU863	0,838	4,76E-03	8	42		
LNU864	0,801	3,04E-02	3	28	LNU864	0,897	1,05E-03	5	30		
LNU866	0,719	6,86E-02	3	5	LNU866	0,720	6,82E-02	3	45		
LNU866	0,721	6,77E-02	3	24	LNU866	0,705	7,71E-02	3	57		
LNU866	0,817	2,48E-02	3	41	LNU870	0,840	1,80E-02	3	5		
LNU870	0,861	1,28E-02	3	45	LNU870	0,766	4,45E-02	3	61		
LNU870	0,790	3,46E-02	3	38	LNU870	0,829	2,11E-02	3	57		
LNU870	0,879	9,10E-03	3	41	LNU870	0,705	3,39E-02	6	52		
LNU871	0,701	3,55E-02	5	10	LNU872	0,739	5,75E-02	3	52		

Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.	Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.
LNU872		0,793	1,09E-02	6	49	LNU872		0,780	1,32E-02	6	3
LNU872		0,800	9,62E-03	6	5	LNU872		0,739	2,29E-02	6	11
LNU872		0,780	1,32E-02	6	23	LNU872		0,802	9,38E-03	6	61
LNU872		0,800	9,62E-03	6	24	LNU872		0,802	9,33E-03	6	21
LNU872		0,841	4,52E-03	6	38	LNU872		0,791	1,11E-02	6	57
LNU876		0,809	2,75E-02	3	5	LNU876		0,792	3,39E-02	3	45
LNU876		0,703	7,82E-02	3	61	LNU876		0,705	7,70E-02	3	22
LNU876		0,877	9,56E-03	3	38	LNU876		0,713	7,21E-02	3	19
LNU876		0,723	6,66E-02	3	57	LNU876		0,801	9,52E-03	6	49
LNU876		0,830	5,65E-03	6	3	LNU876		0,790	1,12E-02	6	5
LNU876		0,782	1,28E-02	6	45	LNU876		0,798	9,87E-03	6	11
LNU876		0,830	5,65E-03	6	23	LNU876		0,774	1,43E-02	6	61
LNU876		0,790	1,12E-02	6	24	LNU876		0,797	1,01E-02	6	21
LNU876		0,773	1,45E-02	6	38	LNU876		0,760	1,74E-02	6	57
LNU876		0,754	1,90E-02	6	41	LNU876		0,740	2,25E-02	2	46
LNU876		0,713	3,12E-02	2	12	LNU876		0,827	5,95E-03	2	20
LNU876		0,807	8,53E-03	5	14	LNU876		0,720	1,89E-02	1	14
LNU878		0,901	5,64E-03	3	27	LNU878		0,825	2,22E-02	3	25
LNU878		0,779	3,88E-02	3	11	LNU878		0,793	3,33E-02	3	26
LNU878		0,755	1,16E-02	1	30	LNU879		0,877	9,44E-03	3	27
LNU879		0,724	6,60E-02	3	25	LNU879		0,904	5,24E-03	3	11
LNU879		0,749	5,28E-02	3	28	LNU879		0,897	6,12E-03	3	26
LNU879		0,724	2,73E-02	7	54	LNU879		0,811	7,99E-03	2	46
LNU879		0,888	1,37E-03	2	32	LNU879		0,711	3,17E-02	5	7
LNU879		0,821	6,73E-03	5	56	LNU879		0,761	1,71E-02	5	60
LNU879		0,832	5,38E-03	5	37	LNU879		0,785	1,23E-02	5	40
LNU879		0,820	6,79E-03	5	14	LNU879		0,741	1,43E-02	1	30
LNU881		0,731	6,19E-02	3	38	LNU883		0,744	5,51E-02	3	49
LNU883		0,750	5,21E-02	3	3	LNU883		0,901	5,61E-03	3	5
LNU883		0,794	3,30E-02	3	45	LNU883		0,708	7,50E-02	3	11
LNU883		0,828	2,14E-02	3	61	LNU883		0,781	3,82E-02	3	24
LNU883		0,747	5,34E-02	3	21	LNU883		0,701	7,93E-02	3	38
LNU883		0,753	5,08E-02	3	19	LNU883		0,839	1,83E-02	3	57
LNU883		0,768	4,35E-02	3	41	LNU883		0,700	3,57E-02	5	30
LNU884		0,745	5,48E-02	3	23	LNU884		0,725	6,54E-02	3	24
LNU884		0,750	5,23E-02	3	21	LNU884		0,704	7,77E-02	3	41
LNU884		0,714	3,09E-02	8	50	LNU884		0,713	3,12E-02	8	12
LNU884		0,729	1,67E-02	1	7	LNU884		0,748	1,28E-02	1	56
LNU884		0,787	6,95E-03	1	37	LNU885		0,851	1,51E-02	3	52
LNU885		0,709	7,44E-02	3	28	LNU885		0,736	2,37E-02	2	39
LNU885		0,821	6,72E-03	5	18	LNU888		0,835	1,93E-02	3	27
LNU888		0,844	1,70E-02	3	25	LNU888		0,762	4,66E-02	3	11
LNU889		0,794	1,06E-02	5	10	LNU889		0,740	2,27E-02	5	56
LNU889		0,710	3,22E-02	5	60	LNU889		0,713	3,11E-02	5	37
LNU889		0,847	3,95E-03	5	14	LNU892		0,799	3,12E-02	3	3
LNU892		0,796	3,23E-02	3	11	LNU895		0,803	2,96E-02	3	49
LNU895		0,857	1,37E-02	3	3	LNU895		0,845	1,66E-02	3	15
LNU895		0,718	6,92E-02	3	5	LNU895		0,868	1,14E-02	3	45
LNU895		0,877	9,60E-03	3	23	LNU895		0,700	7,99E-02	3	61
LNU895		0,765	4,53E-02	3	24	LNU895		0,826	2,22E-02	3	21
LNU895		0,717	6,97E-02	3	38	LNU895		0,779	3,91E-02	3	41
LNU895		0,723	2,77E-02	6	45	LNU895		0,707	3,31E-02	6	52
LNU895		0,710	3,21E-02	2	53	LNU895		0,825	6,24E-03	8	31
LNU895		0,787	1,18E-02	8	53	LNU895		0,765	9,90E-03	1	18
LNU896		0,773	4,15E-02	3	27	LNU896		0,806	2,87E-02	3	25
LNU896		0,703	2,33E-02	1	30	LNU897		0,715	3,05E-02	7	1
LNU897		0,710	3,21E-02	8	46	LNU897		0,751	1,97E-02	8	53
LNU898		0,717	7,00E-02	3	45	LNU898		0,918	3,53E-03	3	38
LNU898		0,705	3,41E-02	6	38	LNU898		0,771	9,01E-03	1	7
LNU898		0,779	7,96E-03	1	56	LNU898		0,723	1,82E-02	1	60

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU898	0,834	2,68E-03	1	37	LNU898	0,825	3,31E-03	1	40
LNU901	0,808	8,46E-03	8	50	LNU901	0,726	2,68E-02	8	35
LNU901	0,831	5,48E-03	8	39	LNU901	0,786	1,20E-02	8	4
LNU901	0,735	2,42E-02	8	62	LNU901	0,796	1,03E-02	8	33
LNU902	0,761	1,73E-02	6	5	LNU902	0,738	2,33E-02	6	61
LNU902	0,761	1,73E-02	6	24	LNU902	0,738	2,32E-02	6	21
LNU902	0,753	1,91E-02	6	57	LNU902	0,714	3,06E-02	6	41
LNU902	0,887	1,44E-03	7	1	LNU902	0,923	3,91E-04	7	47
LNU902	0,767	1,59E-02	5	18	LNU903	0,701	7,93E-02	3	28
LNU903	0,768	1,57E-02	6	52	LNU903	0,863	1,29E-03	1	18
LNU904	0,777	3,97E-02	3	22	LNU904	0,716	3,01E-02	7	43
LNU905	0,807	2,82E-02	3	22	LNU905	0,708	3,27E-02	2	32
LNU906	0,767	4,41E-02	3	49	LNU906	0,729	6,29E-02	3	5
LNU906	0,810	2,73E-02	3	45	LNU906	0,777	3,97E-02	3	61
LNU906	0,778	3,95E-02	3	38	LNU906	0,750	5,22E-02	3	57
LNU906	0,816	2,53E-02	3	41	LNU907	0,758	1,79E-02	8	20
LNU910	0,825	6,17E-03	6	49	LNU910	0,846	4,09E-03	6	3
LNU910	0,828	5,87E-03	6	25	LNU910	0,725	2,71E-02	6	5
LNU910	0,846	4,09E-03	6	23	LNU910	0,745	2,12E-02	6	61
LNU910	0,725	2,71E-02	6	24	LNU910	0,780	1,32E-02	6	21
LNU911	0,880	8,99E-03	3	27	LNU911	0,745	5,47E-02	3	11
LNU911	0,849	1,56E-02	3	26					
LNU913	0,720	2,88E-02	7	55	LNU913	0,762	1,71E-02	7	43
LNU913	0,709	3,25E-02	5	51	LNU914	0,778	3,95E-02	3	5
LNU914	0,709	7,45E-02	3	45	LNU914	0,807	2,83E-02	3	61
LNU914	0,794	3,30E-02	3	19	LNU914	0,840	1,81E-02	3	57
LNU914	0,774	4,12E-02	3	41	LNU914	0,787	1,19E-02	6	45
LNU914	0,808	8,36E-03	6	52	LNU914	0,726	2,67E-02	6	41
LNU915	0,841	1,77E-02	3	49	LNU915	0,887	7,78E-03	3	3
LNU915	0,837	1,87E-02	3	15	LNU915	0,710	7,36E-02	3	45
LNU915	0,702	7,90E-02	3	61	LNU915	0,701	3,53E-02	5	48
LNU915	0,759	1,76E-02	5	2	LNU917	0,840	4,56E-03	2	46
LNU917	0,737	2,36E-02	2	32	LNU917	0,888	1,38E-03	8	32
LNU918	0,824	2,27E-02	3	25	LNU918	0,859	3,03E-03	2	46
LNU918	0,714	3,06E-02	2	53	LNU918	0,748	2,04E-02	8	32
LNU919	0,907	4,82E-03	3	25	LNU920	0,743	2,18E-02	5	51
LNU922	0,717	2,98E-02	6	22	LNU922	0,803	5,12E-03	1	48
LNU922	0,749	1,26E-02	1	2	LNU922	0,769	9,35E-03	1	60
LNU924	0,759	1,78E-02	8	16	LNU926	0,705	7,68E-02	3	49
LNU926	0,713	3,12E-02	7	1	LNU926	0,792	1,10E-02	7	59
LNU926	0,726	2,67E-02	7	47	LNU926	0,802	9,37E-03	5	18
LNU929	0,811	2,68E-02	3	23	LNU929	0,726	6,46E-02	3	24
LNU929	0,773	4,16E-02	3	21	LNU929	0,834	5,24E-03	2	46
LNU930	0,734	6,01E-02	3	52	LNU930	0,757	4,87E-02	3	22
LNU931	0,729	2,59E-02	2	50	LNU931	0,769	1,54E-02	2	12
LNU931	0,759	1,77E-02	2	58	LNU931	0,759	1,78E-02	2	62
LNU932	0,749	2,01E-02	6	22	LNU933	0,881	8,82E-03	3	49
LNU933	0,887	7,74E-03	3	3	LNU933	0,742	5,60E-02	3	15
LNU933	0,803	2,97E-02	3	23	LNU933	0,713	7,22E-02	3	61
LNU933	0,798	9,90E-03	8	12	LNU933	0,713	3,12E-02	8	58
LNU934	0,817	2,48E-02	3	27	LNU934	0,818	2,45E-02	3	25
LNU934	0,803	2,98E-02	3	11	LNU934	0,703	7,80E-02	3	52
LNU934	0,861	2,90E-03	5	51	LNU934	0,771	1,50E-02	5	30
LNU935	0,736	2,38E-02	6	41	LNU935	0,700	3,57E-02	8	8
LNU935	0,758	1,78E-02	8	39	LNU935	0,746	2,10E-02	8	4
LNU935	0,856	3,25E-03	8	42	LNU940	0,851	1,51E-02	3	11
LNU940	0,904	5,20E-03	3	52	LNU941	0,785	3,66E-02	3	25
LNU942	0,916	3,72E-03	3	49	LNU942	0,915	3,90E-03	3	3
LNU942	0,786	3,61E-02	3	23	LNU942	0,759	4,80E-02	3	61
LNU942	0,784	1,25E-02	7	44	LNU942	0,764	1,66E-02	7	55

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU942	0,871	2,24E-03	7	9	LNU942	0,793	1,08E-02	7	13
LNU942	0,792	1,09E-02	7	36	LNU942	0,744	2,15E-02	7	59
LNU942	0,811	8,01E-03	7	43	LNU942	0,767	1,59E-02	7	6
LNU942	0,744	2,16E-02	8	4	LNU943	0,713	3,11E-02	6	49
LNU943	0,750	1,99E-02	6	3	LNU943	0,790	1,12E-02	6	25
LNU943	0,750	1,99E-02	6	23	LNU944	0,715	7,09E-02	3	49
LNU944	0,739	5,78E-02	3	3	LNU944	0,928	2,57E-03	3	15
LNU944	0,807	2,81E-02	3	45	LNU944	0,735	6,01E-02	3	41
LNU944	0,710	3,21E-02	7	6	LNU944	0,826	6,07E-03	2	12
LNU944	0,721	2,83E-02	2	35	LNU944	0,715	3,05E-02	2	34
LNU944	0,742	2,21E-02	2	8	LNU944	0,714	3,07E-02	2	20
LNU944	0,826	6,06E-03	2	39	LNU944	0,748	2,04E-02	2	4
LNU944	0,739	2,30E-02	2	58	LNU944	0,734	2,44E-02	2	62
LNU944	0,711	3,17E-02	2	33	LNU945	0,830	2,08E-02	3	22
LNU945	0,746	2,10E-02	6	22	LNU952	0,789	1,15E-02	7	29
LNU952	0,814	7,65E-03	7	54	LNU952	0,708	3,28E-02	8	32
LNU953	0,805	2,91E-02	3	27	LNU953	0,776	4,04E-02	3	11
LNU953	0,906	4,97E-03	3	26	LNU953	0,729	2,58E-02	2	35
LNU953	0,734	2,43E-02	2	39	LNU953	0,701	3,53E-02	2	4
LNU953	0,769	1,55E-02	2	33	LNU953	0,741	1,43E-02	1	37
LNU954	0,707	3,31E-02	5	10	LNU955	0,718	2,95E-02	7	44
LNU955	0,725	2,70E-02	8	33	LNU956	0,720	6,80E-02	3	22
LNU956	0,713	3,11E-02	6	22	LNU958	0,797	3,17E-02	3	22
LNU958	0,826	6,10E-03	6	15	LNU958	0,724	2,75E-02	6	5
LNU958	0,798	9,93E-03	6	45	LNU958	0,704	3,43E-02	6	52
LNU958	0,724	2,75E-02	6	24	LNU958	0,711	3,18E-02	6	57
LNU958	0,809	8,24E-03	6	41	LNU958	0,846	4,08E-03	2	32
LNU958	0,766	1,61E-02	5	37	LNU958	0,789	1,14E-02	8	16
LNU958	0,792	1,09E-02	8	42	LNU959	0,799	3,12E-02	3	19
LNU959	0,723	2,78E-02	8	50	LNU959	0,749	2,03E-02	8	33
LNU960	0,742	5,60E-02	3	11	LNU962	0,739	5,80E-02	3	25
LNU964	0,837	1,88E-02	3	49	LNU964	0,852	1,49E-02	3	3
LNU964	0,727	6,44E-02	3	15	LNU964	0,884	8,34E-03	3	5
LNU964	0,760	4,75E-02	3	45	LNU964	0,834	1,97E-02	3	11
LNU964	0,778	3,93E-02	3	23	LNU964	0,756	4,91E-02	3	52
LNU964	0,841	1,76E-02	3	61	LNU964	0,813	2,63E-02	3	24
LNU964	0,819	2,41E-02	3	21	LNU964	0,780	3,84E-02	3	38
LNU964	0,808	2,77E-02	3	57	LNU964	0,716	7,03E-02	3	41
LNU964	0,700	3,57E-02	6	45	LNU964	0,705	3,40E-02	6	38
LNU965	0,798	3,15E-02	3	27	LNU965	0,848	1,59E-02	3	26
LNU966	0,743	5,59E-02	3	61	LNU966	0,757	4,86E-02	3	57
LNU967	0,874	1,01E-02	3	49	LNU967	0,890	7,28E-03	3	3
LNU967	0,779	3,88E-02	3	23	LNU967	0,702	7,88E-02	3	61
LNU967	0,787	1,18E-02	6	41	LNU968	0,732	6,15E-02	3	27
LNU969	0,717	2,98E-02	7	9					

Tabela 46. São fornecidas as correlações (R) entre a produção dos níveis de expressão que melhoram os genes e seus homólogos em vários tecidos [Conjuntos de Expressão (Exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de vigor, produção, biomassa e/ou taxa de crescimento (Vetor de correlação (Cor.))] sob condições de estresse abiótico (salinidade) ou condições normais em acessos de sorgo. Cor. – vetor de correlação, conforme descrito acima (Tabela 38). P = valor-p.

EXEMPLO 7

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE MILHO E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE COM PARÂMETROS RELACIONADOS À PRODUÇÃO E NUE UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE MILHO DE 60K

[00458] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade entre o fenótipo da planta e o nível de expressão do gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de milho, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto)]

com/Scripts/PDS (ponto) asp?IPage=50879]. O arranjo do oligonucleotídeo representa cerca de 60.000 genes e transcrições de milho.

Correlação dos híbridos de Milho em ecotipos cultivados sob condições de cultivo regular

Procedimentos Experimentais:

[00459] 12 híbridos de Milho foram cultivados em 3 lotes repetitivos, em campo. As sementes de Milho foram plantadas e as plantas foram cultivadas em campo, utilizando fertilização comercial e protocolos de irrigação (485 metros cúbicos de água por dunam, 30 unidades de uran, 21% de fertilização por período de cultivo completo). A fim de definir as correlações entre os níveis de expressão do RNA e os parâmetros relacionados ao vigor ou componentes de estresse e produção, os 12 diferentes híbridos de milho foram analisados. Entre eles, 10 híbridos, englobando a variação observada, foram selecionados para análise de expressão do RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

[00460] Tecidos de Milho Analisados– Todos os 10 híbridos de milho foram amostrados com relação a 3 pontos de tempo (TP2 = V6-V8, TP5 = R1-R2, TP6=R3-R4). Quatro tipos de tecidos de planta [Espiga, folha bandeira indicada na Tabela 47 como “folha”, parte distal do grão, e entrenó] cultivados sob condições normais foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido na Tabela 47 abaixo.

Tabela 47

Conjuntos de expressão de transcriptoma de Milho

Conjunto de Expressão	ID de Conjunto
Campo de milho/Normal/Espiga TP5	1
Campo de milho/Normal/Espiga TP6	2
Campo de milho/Normal/Grão Distal	3

Campo de milho/Normal/Entrenó TP2	4
Campo de milho/Normal/Entrenó TP5	5
Campo de milho/Normal/Entrenó TP6	6
Campo de milho/Normal/Folha TP2	7
Campo de milho/Normal/Folha TP5	8

Tabela 47: São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de milho. Folha = a folha abaixo da espiga principal Meristema da flor = meristema apical após a iniciação da folha-macho; Espiga = a flor-fêmea no dia de antese. Grão Distal = milho desenvolvendo grãos a partir da área externa do sabugo, Grão Basal - milho desenvolvendo grãos a partir da área basal do sabugo; Entrenós = Entrenós localizados acima e abaixo da espiga principal na planta. TP= ponto de tempo.

[00461] Os parâmetros a seguir foram coletados utilizando um sistema de imagem digital:

Área do Grão (cm²) - No final do período de crescimento, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área de grão foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00462] Comprimento do Grão e Largura do Grão (cm) - No final do período de crescimento, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma do comprimento /ou largura dos grãos (eixo mais longo) foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00463] Área da Espiga (cm²) - No final do período de crescimento, 5 espigas foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área da espiga foi medida a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de Espigas.

[00464] Comprimento e Largura da Espiga (cm) - No final do período de crescimento, 5 espigas foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. O comprimento e largura da espiga (eixo mais longo) foram medidos a partir daquelas imagens e foi dividida pelo número de Espigas.

[00465] Um sistema de análise de imagem foi utilizado, consistindo de um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 Ghz) e um programa de

domínio público - ImageJ 1.37, programa de processamento de imagem com base em Java, desenvolvido no Instituto Nacional de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponível na internet em [rsbweb \(ponto\) nih \(ponto\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/). As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888x2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG (padrão do Grupo Conjunto de Especialistas em Fotografia) de baixa compressão. Em seguida, dados de saída de processamento de imagem para área da semente e comprimento da semente foram salvos para arquivos de textos e analisados utilizando o software de análise estatística JMP (instituto SAS).

[00466] Parâmetros adicionais foram coletados por amostragem de 6 plantas por lote ou por medição do parâmetro em todas as plantas dentro do lote.

[00467] Peso Normalizado do Grão por planta (gr.) - No final do experimento, todas as espigas dos lotes dentro dos blocos de A a C foram colhidas. Seis espigas foram separadas e os grãos foram pesados, todas as espigas adicionais foram debulhadas juntas e pesadas da mesma forma. O peso médio de grãos por espiga foi calculado dividindo-se o peso total dos grãos pelo número total de espigas por lote (com base no lote). No caso de 6 espigas, o peso total dos grãos de 6 espigas foi dividido por 6.

[00468] FW da Espiga (g.) - No final do experimento (quando as espigas foram colhidas), o total e 6 espigas selecionadas por lote dentro dos blocos de A a C foram colhidos separadamente. As plantas com o total e 6 foram pesadas (g.) separadamente e a média de espigas por planta foi calculada para o total [FW da Espiga (peso fresco) por lote] e para 6 (FW da Espiga por planta).

[00469] Peso da planta e altura da espiga - As plantas foram caracterizadas com relação à altura no momento da colheita. Em cada medida, 6 plantas foram medidas com relação à altura utilizando uma fita métrica. A altura foi medida a partir do nível do solo até o topo da planta abaixo da borla.

A altura das espigas foi medida do nível do chão até o local onde estava localizada a espiga principal.

[00470] Número de folhas por planta - As plantas foram caracterizadas com relação ao número de folhas durante o período de cultivo em 5 pontos de tempo. Em cada medição, as plantas foram medidas com relação ao seu número de folhas, contando todas as folhas de 3 plantas selecionadas por lote.

[00471] Taxa de Crescimento Relativo - foi calculada utilizando as Fórmulas II a XIII (descritas acima).

[00472] SPAD - O teor de clorofila foi determinado utilizando um medidor de clorofila do tipo Minolta SPAD 502 e a medição foi realizada 64 dias após a semeadura. Leituras do medidor SPAD foram feitas em folha jovem completamente desenvolvida. Três medidas por folha foram tomadas por espiga. Os dados foram coletados depois de 46 e 54 dias após a semeadura (DPS|days after sowing).

[00473] Peso seco por planta - No final do experimento (quando a inflorescência estava seca), todo o material vegetal dos lotes dentro dos blocos de A a C foi colhido.

[00474] Peso seco - peso total da parte vegetal acima do solo (excluindo raízes) após a secagem a 70°C em forno por 48 horas.

[00475] Índice de Colheita (HI) (Milho) - O índice de colheita foi calculado utilizando a Fórmula XVII descrita acima.

[00476] Porcentagem de Espigas Preenchidas [%] - foi calculada como a porcentagem da área da Espiga com grãos fora da espiga total.

[00477] Diâmetro do Sabugo [cm] - O diâmetro do sabugo sem os grãos foi medido utilizando uma régua.

[00478] Número de fileiras do núcleo por espiga - O número de fileiras em cada espiga foi contado.

Resultados Experimentais:

[00479] 12 diferentes híbridos de milho foram cultivados e

caracterizados com relação a diferentes parâmetros. Os parâmetros correlacionados são descritos na Tabela 48 abaixo. A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP (Tabelas 49- 50) e uma análise de correlação subsequente foi realizada. Os resultados foram, então, integrados à base de dados.

Tabela 48

Parâmetros correlacionados ao Milho (vetores)

Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Diâmetro do Sabugo [mm]	1
DW por Planta com base em 6 [g.]	2
Área da Espiga [cm ²]	3
FW da Espiga por Planta com base em 6 [g.]	4
Altura da Espiga [cm]	5
Comprimento da Espiga [cm]	6
Largura da Espiga [cm]	7
FW das Espigas por Planta com base no total [g.]	8
Preenchido por Espiga Integral	9
Área do Grão [cm ²]	10
Comprimento do Grão [cm]	11
Largura do Grão [cm]	12
Taxa de Crescimento do Número de Folhas	13
Número de fileiras do núcleo por espiga	14
Número de folhas por planta	15
Peso do Grão Normalizado por Planta com base no total [g.]	16
Peso do Grão Normalizado por Planta com base em 6 [g.]	17
Porcentagem da Espiga Preenchida	18
Altura da Planta por Lote [cm]	19
SPAD 46DPS TP2	20
SPAD 54DPS TP5	21

Tabela 48. SPAD 46DPS e SPAD 54DPS: Níveis de clorofila depois de 46 e 54 dias após a semeadura (DPS). “FW” = peso fresco; “DW” = peso seco.

Tabela 49

Parâmetros medidos em acessos de Milho sob condições normais

ID de Cor./ID de linha	21	20	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Linha-1	54,28	51,67	28,96	657,50	85,06	245,83	135,17	19,69	5,58	278,19	0,92	0,75	1,17
Linha-2	57,18	56,41	25,08	491,67	85,84	208,33	122,33	19,06	5,15	217,50	0,92	0,71	1,09
Linha-3	56,01	53,55	28,05	641,11	90,51	262,22	131,97	20,52	5,67	288,28	0,93	0,76	1,18
Linha-4	59,68	55,21	25,73	580,56	95,95	263,89	114,00	21,34	5,53	247,88	0,92	0,77	1,21
Linha-5	54,77	55,30	28,72	655,56	91,62	272,22	135,28	20,92	5,73	280,11	0,91	0,81	1,23
Linha-6	59,14	59,35	25,78	569,44	72,41	177,78	94,28	18,23	5,23	175,84	0,95	0,71	1,12
Linha-7	57,99	58,48	26,43	511,11	74,03	188,89	120,94	19,02	5,22	192,47	0,87	0,71	1,14
Linha-8	60,36	55,88	25,19	544,44	76,53	197,22	107,72	18,57	5,33	204,70	0,94	0,75	1,13
Linha-9	54,77	52,98											
Linha-10	51,39	53,86	26,67	574,17	55,20	141,11	60,44	16,69	4,12	142,72	0,80	0,50	0,92
Linha-11	61,14	59,75		522,22	95,36	261,11	112,50	21,70	5,58	264,24	0,96	0,76	1,18

Linha-12	53,34	49,99											
----------	-------	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Tabela 49. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de milho (ID da linha), sob condições de cultivo regular. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 50

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Milho sob condições normais de cultivo

ID de Cor./ID de linha	12	13	14	15	16	17	18	19
Linha-1	0,81	0,28	16,17	12,00	153,90	140,68	80,62	278,08
Linha-2	0,81	0,22	14,67	11,11	135,88	139,54	86,76	260,50
Linha-3	0,80	0,28	16,20	11,69	152,50	153,67	82,14	275,13
Linha-4	0,80	0,27	15,89	11,78	159,16	176,98	92,71	238,50
Linha-5	0,82	0,31	16,17	11,94	140,46	156,61	80,38	286,94
Linha-6	0,80	0,24	15,17	12,33	117,14	119,67	82,76	224,83
Linha-7	0,79	0,24	16,00	12,44	123,24	119,69	73,25	264,44
Linha-8	0,84	0,27	14,83	12,22	131,27	133,51	81,06	251,61
Linha-9								
Linha-10	0,68	0,19	14,27	9,28	40,84	54,32	81,06	163,78
Linha-11	0,81	0,30	15,39	12,56	170,66	173,23	91,60	278,44
Linha-12								

Tabela 50. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de milho (ID da linha), sob condições de cultivo regular. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 51

Correlação entre o nível de expressão dos genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais em variedades de milho

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU811	0,752	3,14E-02	8	13	LNU811	0,724	4,23E-02	8	11
LNU811	0,748	3,30E-02	8	10	LNU813	0,737	3,68E-02	5	12
LNU813	0,766	4,48E-02	4	15	LNU813	0,738	5,84E-02	4	19
LNU813	0,854	1,44E-02	4	5	LNU813	0,827	2,16E-02	4	8
LNU813	0,701	7,96E-02	4	4	LNU813	0,746	3,37E-02	8	11
LNU813	0,750	3,19E-02	8	6	LNU813	0,873	9,59E-04	6	20
LNU813	0,843	3,53E-02	2	15	LNU814	0,726	4,16E-02	5	11
LNU814	0,790	1,97E-02	5	6	LNU814	0,753	8,40E-02	4	1

Nome Gene do	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Corj. de Cor.	Nome Gene do	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Corj. de Cor.
LNU814	0,900	5,74E-03	4	14	LNU814	0,748	5,34E-02	4	6
LNU814	0,867	1,15E-02	4	8	LNU814	0,825	2,22E-02	4	4
LNU814	0,770	7,34E-02	7	1	LNU814	0,746	5,40E-02	7	14
LNU814	0,824	2,28E-02	7	13	LNU814	0,815	2,54E-02	7	6
LNU814	0,844	1,70E-02	7	8	LNU814	0,813	2,62E-02	7	4
LNU814	0,892	6,99E-03	1	14	LNU814	0,735	5,99E-02	1	8
LNU814	0,756	4,94E-02	1	4	LNU814	0,789	6,62E-03	6	6
LNU814	0,782	7,51E-03	6	8	LNU814	0,770	9,12E-03	6	4
LNU814	0,749	8,63E-02	2	3	LNU814	0,722	1,05E-01	2	16
LNU814	0,859	2,84E-02	2	6	LNU814	0,964	1,90E-03	2	9
LNU814	0,884	1,94E-02	2	18	LNU814	0,829	4,12E-02	2	17
LNU815	0,803	5,42E-02	2	9	LNU815	0,715	1,10E-01	2	18
LNU816	0,851	1,52E-02	4	19	LNU816	0,825	2,24E-02	4	5
LNU816	0,799	5,66E-02	1	1	LNU816	0,778	6,87E-02	2	12
LNU818	0,795	3,26E-02	4	12	LNU818	0,726	6,45E-02	1	14
LNU818	0,791	3,42E-02	1	15	LNU818	0,727	6,40E-02	1	11
LNU818	0,788	3,54E-02	1	9	LNU818	0,733	6,10E-02	1	10
LNU818	0,761	4,68E-02	1	7	LNU818	0,792	3,36E-02	1	12
LNU818	0,735	3,76E-02	8	13	LNU818	0,827	1,14E-02	8	11
LNU818	0,732	3,88E-02	8	10	LNU818	0,735	2,40E-02	3	15
LNU819	0,801	3,02E-02	4	18	LNU819	0,726	6,45E-02	1	3
LNU819	0,787	3,58E-02	1	6	LNU819	0,951	9,89E-04	1	18
LNU820	0,735	9,57E-02	2	12	LNU821	0,840	9,08E-03	5	3
LNU821	0,759	2,90E-02	5	16	LNU821	0,821	1,24E-02	5	11
LNU821	0,920	1,22E-03	5	6	LNU821	0,810	1,48E-02	5	4
LNU821	0,864	5,63E-03	5	17	LNU821	0,908	4,74E-03	1	14
LNU821	0,702	7,86E-02	1	13	LNU821	0,729	6,31E-02	1	6
LNU821	0,796	3,23E-02	1	8	LNU821	0,812	2,65E-02	1	4
LNU821	0,756	8,20E-02	2	9	LNU821	0,752	8,49E-02	2	18
LNU822	0,753	8,42E-02	4	1	LNU822	0,839	1,84E-02	4	2
LNU822	0,828	1,10E-02	8	1	LNU822	0,730	3,99E-02	8	14
LNU822	0,961	1,45E-04	8	13	LNU822	0,809	1,50E-02	8	11
LNU822	0,808	1,53E-02	8	10	LNU822	0,948	3,34E-04	8	2
LNU822	0,898	2,48E-03	8	7	LNU822	0,707	5,00E-02	8	8
LNU823	0,875	9,86E-03	7	3	LNU823	0,790	3,44E-02	7	16
LNU823	0,905	5,13E-03	7	6	LNU823	0,950	1,02E-03	7	18
LNU823	0,715	7,07E-02	7	19	LNU823	0,774	4,10E-02	7	8
LNU823	0,838	1,86E-02	7	4	LNU823	0,806	2,85E-02	7	17
LNU823	0,818	1,31E-02	8	12	LNU823	0,770	7,33E-02	2	9
LNU824	0,702	5,24E-02	5	2	LNU824	0,835	9,85E-03	5	12
LNU824	0,704	7,74E-02	1	5	LNU824	0,780	2,25E-02	3	1
LNU824	0,705	3,39E-02	3	5	LNU824	0,849	3,25E-02	2	12
LNU825	0,802	5,48E-02	2	12	LNU829	0,931	7,75E-04	8	1
LNU829	0,781	2,22E-02	8	13	LNU829	0,876	4,34E-03	8	19
LNU829	0,813	1,42E-02	8	2	LNU829	0,787	2,05E-02	8	5
LNU829	0,781	2,21E-02	8	7	LNU829	0,756	3,00E-02	8	8
LNU830	0,751	8,50E-02	2	9	LNU830	0,772	7,20E-02	2	18
LNU831	0,714	4,67E-02	8	2	LNU831	0,704	5,13E-02	8	7
LNU831	0,743	1,39E-02	6	8	LNU832	0,712	7,28E-02	7	3
LNU832	0,764	4,57E-02	7	16	LNU832	0,761	4,68E-02	7	11
LNU832	0,835	1,93E-02	7	10	LNU832	0,774	4,12E-02	7	19
LNU832	0,897	6,13E-03	7	5	LNU832	0,788	3,54E-02	7	7
LNU832	0,865	1,20E-02	7	12	LNU832	0,745	5,44E-02	7	17
LNU832	0,788	3,54E-02	1	15	LNU832	0,760	4,76E-02	1	13
LNU832	0,758	4,85E-02	1	9	LNU832	0,714	7,14E-02	1	10
LNU832	0,756	4,91E-02	1	7	LNU832	0,749	3,25E-02	8	12
LNU832	0,707	2,22E-02	6	10	LNU832	0,828	3,07E-03	6	12
LNU832	0,857	3,15E-03	3	15	LNU832	0,714	3,08E-02	3	10
LNU832	0,729	2,59E-02	3	12	LNU832	0,780	6,70E-02	2	12
LNU833	0,810	5,08E-02	7	1	LNU833	0,805	1,60E-02	8	1

Nome Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU833	0,701	5,27E-02	8	14	LNU833	0,780	2,25E-02	8	2
LNU833	0,746	8,84E-02	2	14	LNU834	0,718	6,89E-02	4	3
LNU834	0,754	5,05E-02	4	6	LNU834	0,717	6,99E-02	4	10
LNU834	0,717	6,96E-02	4	19	LNU834	0,867	1,15E-02	4	5
LNU834	0,704	7,77E-02	4	7	LNU834	0,733	6,11E-02	4	8
LNU834	0,724	6,56E-02	4	12	LNU834	0,707	7,58E-02	4	4
LNU834	0,843	1,72E-02	7	15	LNU834	0,855	1,42E-02	7	21
LNU834	0,883	8,46E-03	7	9	LNU834	0,828	2,14E-02	7	12
LNU834	0,717	6,97E-02	1	15	LNU834	0,747	5,38E-02	1	9
LNU834	0,778	3,93E-02	1	10	LNU834	0,857	1,36E-02	1	12
LNU834	0,972	5,30E-05	8	13	LNU834	0,876	4,37E-03	8	11
LNU834	0,958	1,78E-04	8	10	LNU834	0,776	2,35E-02	8	2
LNU834	0,876	4,30E-03	8	7	LNU834	0,708	4,92E-02	8	8
LNU834	0,729	4,01E-02	8	4	LNU834	0,747	2,09E-02	3	3
LNU834	0,828	5,89E-03	3	16	LNU834	0,859	3,03E-03	3	15
LNU834	0,840	4,61E-03	3	13	LNU834	0,915	5,41E-04	3	11
LNU834	0,723	2,77E-02	3	6	LNU834	0,720	2,88E-02	3	9
LNU834	0,943	1,39E-04	3	10	LNU834	0,874	2,06E-03	3	19
LNU834	0,778	1,35E-02	3	5	LNU834	0,883	1,63E-03	3	7
LNU834	0,906	7,68E-04	3	12	LNU834	0,708	3,28E-02	3	4
LNU834	0,835	5,12E-03	3	17	LNU834	0,765	7,62E-02	2	15
LNU834	0,703	1,20E-01	2	9	LNU834	0,775	7,00E-02	2	18
LNU834	0,860	2,81E-02	2	12	LNU835	0,716	7,01E-02	4	16
LNU835	0,734	6,03E-02	4	15	LNU835	0,807	2,83E-02	4	9
LNU835	0,791	3,43E-02	4	10	LNU835	0,846	1,64E-02	4	19
LNU835	0,777	3,98E-02	4	5	LNU835	0,917	3,64E-03	4	12
LNU835	0,766	4,45E-02	1	3	LNU835	0,805	2,89E-02	1	16
LNU835	0,707	7,55E-02	1	9	LNU835	0,753	5,07E-02	1	10
LNU835	0,960	6,02E-04	1	19	LNU835	0,930	2,38E-03	1	5
LNU835	0,791	3,42E-02	1	7	LNU835	0,841	1,77E-02	1	8
LNU835	0,746	5,42E-02	1	12	LNU835	0,728	6,34E-02	1	4
LNU835	0,732	6,14E-02	1	17	LNU835	0,758	8,07E-02	2	9
LNU835	0,882	2,00E-02	2	12	LNU837	0,822	2,32E-02	1	14
LNU837	0,703	7,79E-02	1	4	LNU837	0,778	2,31E-02	8	11
LNU837	0,755	3,02E-02	8	7	LNU837	0,845	3,40E-02	2	14
LNU837	0,907	1,26E-02	2	5	LNU838	0,819	1,29E-02	5	19
LNU838	0,711	4,80E-02	5	5	LNU838	0,860	2,80E-02	2	9
LNU838	0,948	4,01E-03	2	18	LNU839	0,717	6,99E-02	4	10
LNU839	0,717	6,96E-02	4	19	LNU839	0,867	1,15E-02	4	5
LNU839	0,704	7,77E-02	4	7	LNU839	0,724	6,56E-02	4	12
LNU839	0,972	5,30E-05	8	13	LNU839	0,876	4,37E-03	8	11
LNU839	0,958	1,78E-04	8	10	LNU839	0,776	2,35E-02	8	2
LNU839	0,876	4,30E-03	8	7	LNU839	0,708	4,92E-02	8	8
LNU839	0,729	4,01E-02	8	4	LNU839	0,765	7,62E-02	2	15
LNU839	0,703	1,20E-01	2	9	LNU839	0,775	7,00E-02	2	18
LNU840	0,759	4,77E-02	1	19	LNU840	0,781	3,80E-02	1	8
LNU840	0,834	3,89E-02	2	18	LNU841	0,707	7,55E-02	7	16
LNU841	0,755	5,00E-02	7	10	LNU841	0,774	4,10E-02	7	19
LNU841	0,861	1,29E-02	7	5	LNU841	0,855	1,43E-02	7	12
LNU841	0,704	2,31E-02	6	3	LNU841	0,824	3,36E-03	6	8
LNU841	0,775	8,41E-03	6	4	LNU843	0,736	5,94E-02	7	3
LNU843	0,796	3,22E-02	7	16	LNU843	0,776	4,03E-02	7	21
LNU843	0,729	6,29E-02	7	9	LNU843	0,806	2,85E-02	7	10
LNU843	0,866	1,17E-02	7	19	LNU843	0,793	3,33E-02	7	5
LNU843	0,721	6,77E-02	7	7	LNU843	0,866	1,18E-02	7	12
LNU843	0,770	4,28E-02	7	17	LNU843	0,754	5,02E-02	1	15
LNU845	0,801	3,03E-02	7	6	LNU845	0,877	9,48E-03	7	18
LNU845	0,703	7,84E-02	7	4	LNU845	0,708	7,51E-02	7	17
LNU845	0,834	3,90E-02	2	14	LNU845	0,711	1,13E-01	2	5
LNU846	0,817	2,49E-02	7	3	LNU846	0,777	4,00E-02	7	16

Nome Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU846	0,721	6,76E-02	7	13	LNU846	0,777	3,97E-02	7	11
LNU846	0,889	7,41E-03	7	6	LNU846	0,894	6,59E-03	7	18
LNU846	0,796	3,22E-02	7	4	LNU846	0,834	1,97E-02	7	17
LNU846	0,733	9,72E-02	2	9	LNU846	0,724	1,04E-01	2	12

Tabela 51. São fornecidas as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [conjuntos de Expressão (exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de produção, biomassa, taxa de crescimento e/ou vigor (Correlação vetor (corr))] sob condições normais em variedades de milho. P = Valor p.

EXEMPLO 8

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE MILHO E ANÁLISE DE

CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE COM PARÂMETROS RELACIONADOS À PRODUÇÃO E NUE QUANDO CULTIVADO SOB FERTILIZAÇÃO COM NITROGÊNIO REDUZIDO UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE 60K DE MILHO

[00480] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade entre o fenótipo da planta e o nível de expressão do gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de milho, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto) com/Scripts/PDS (ponto) asp?IPage=50879]. O arranjo de oligonucleotídeo representa cerca de 44.000 de genes e transcrições de milho.

Correlação de híbridos de Milho em ecotipos cultivados sob condições de baixo nitrogênio.

Procedimentos experimentais:

[00481] 12 híbridos de Milho foram cultivados em 3 lotes repetitivos, em campo. As sementes de Milho foram plantadas e as plantas foram cultivadas em campo, utilizando fertilização comercial e protocolos de irrigação (485 metros cúbicos de água por dunam, 30 unidades de uran, 21% de fertilização por período de cultivo completo). A fim de definir a correlação entre os níveis de expressão do RNA com parâmetros relacionados ao vigor ou componentes de NUE e produção, 12 híbridos de milho diferentes foram analisados. Entre eles, 11 híbridos englobando a variação observada foram selecionados para análise de expressão do RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

[00482] Tecidos de Milho Analisados– Todos os 10 híbridos de milho foram amostrados para cada tratamento (condições de baixo N e condições normais), em três pontos de tempo: TP2 = V6-V8 (seis a oito folhas do colar são visíveis, a fase de crescimento rápido e a determinação de fileiras do núcleo são iniciadas), TP5 = R1-R2 (acetinação – bolha), TP6 = R3-R4 (leite

– pasta). Quatro tipos de tecidos de planta [Espigas, folha bandeira indicada nas Tabelas 52 a 53 como folha, parte distal do grão e entrenó] foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido nas Tabelas 52 a 53 abaixo.

Tabela 52

Conjuntos de expressão de transcriptoma de milho sob condições de baixo N

Conjunto de Expressão	ID de Conjunto
Campo de milho/Baixo N/Espiga/TP5	1
Campo de milho/Baixo N/Espiga/TP6	2
Campo de milho/Baixo N/Entrenó/TP2	3
Campo de milho/Baixo N/Entrenó/TP5	4
Campo de milho/Baixo N/Folha/TP5	5
Campo de milho/Baixo N/ Folha/TP6	6

Tabela 52: São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de milho. Folha = a folha abaixo da espiga principal; Meristema da Flor = meristema apical após iniciação da folha-macho; Espiga = a flor-fêmea no dia de antese. Grão Distal = milho desenvolvendo grãos a partir da área externa do sabugo, Grão Basal = milho desenvolvendo grãos a partir da área basal do sabugo; Entrenó = Entrenós localizados acima e abaixo da espiga principal na planta.

Tabela 53

Conjuntos de expressão de transcriptoma de milho sob condições normais

ID de Conjunto	Conjunto de Expressão
1	Campo de milho/Normal/Espiga/R1-R2
2	Campo de milho/Normal/Espiga/R3-R4
3	Campo de milho Normal/ Grão Distal /R4-R5
4	Campo de milho Normal/ Entrenó /R1-R2
5	Campo de milho Normal/ Entrenó /R3-R4
6	Campo de milho Normal/ Entrenó /V6-V8
7	Campo de milho Normal/ Folha /R1-R2
8	Campo de milho Normal/ Folha /V6-V8

Tabela 53: São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de milho. Folha = a folha abaixo da espiga principal; Meristema da Flor = meristema apical após iniciação da folha-macho; Espiga = a flor-fêmea no dia de antese. Grão Distal = milho desenvolvendo grãos a partir da área externa do sabugo, Grão Basal = milho desenvolvendo grãos a partir da área basal do sabugo; Entrenó = Entrenós localizados acima e abaixo da espiga principal na planta.

[00483] Os parâmetros a seguir foram coletados ou por amostragem de 6 plantas por lote ou por medição do parâmetro através de todas as plantas dentro do lote.

[00484] Produção de Semente por planta (Kg.) - No final do experimento, todas as espigas dos lotes dentro dos blocos A-C foram coletadas. 6 espigas foram separadamente debulhadas e os grãos foram pesados, todas as espigas adicionais foram debulhadas juntas e também pesadas. O peso médio do grão por espiga foi calculado dividindo o peso total

do grão pelo número total de espigas por lote (com base na unidade). No caso das 6 espigas, o peso total dos grãos de 6 espigas foi dividido por 6.

[00485] Peso da Espiga por lote (g.) - No final do experimento (quando as espigas foram colhidas) total e 6 espigas selecionadas por lotes dentro dos blocos A-C foram coletadas separadamente. As plantas com (total e 6) foram pesadas (g.) separadamente e a espiga média por planta foi calculada para Peso da Espiga por lote (total de 42 plantas por lote).

[00486] Altura da planta e altura da espiga - As plantas foram caracterizadas pela altura na colheita. Em cada medição, 6 plantas foram medidas por sua altura utilizando uma fita métrica. A altura foi medida a partir do nível do solo até o topo da planta abaixo do cabelo do milho. A altura da espiga foi medida a partir do nível do solo até o local onde a espiga principal está localizada.

[00487] Número de folha por planta - As plantas foram caracterizadas pelo número de folha durante o período de cultivo em 5 vezes no tempo. Em cada medição, as plantas foram medidas por seu número de folha contando todas as folhas de 3 plantas selecionadas por lote.

[00488] SPAD - O teor de clorofila foi determinado utilizando um medidor de clorofila Minolta SPAD 502 e a medição foi realizada 64 dias após a semeadura. As leituras de medição de SPAD foram feitas em folha nova totalmente desenvolvida. Sete medições por folha foram tiradas por lote. Os dados foram tirados após uma vez por semanas após a semeadura.

[00489] Peso Seco por planta - No final do experimento (quando a inflorescência for seca) todo material vegetal dos lotes dentro dos blocos A-C foi coletado.

[00490] Peso seco = peso total da parte vegetal acima da terra (excluindo as raízes) após secagem a 70°C em uma câmara de secagem por 48 horas;

Comprimento da Espiga da Espiga Preenchida [cm] - foi calculado como o

comprimento da Espiga com grãos fora da espiga total.

[00491] Comprimento e largura da Espiga [cm] - foi calculado como o comprimento e largura da Espiga no preenchido. A medição foi realizada em 6 plantas por cada lote.

[00492] Número de Fileira do Núcleo por Espiga - O número de fileiras em cada espiga foi contado.

[00493] Largura do caule [cm] - O diâmetro do caule foi medido no entrenó localizado abaixo da espiga principal. A medição foi realizada em 6 plantas por cada lote.

[00494] Índice de área da folha [LAI | folha area index] = área total de folha de todas as plantas em um lote. A medição foi realizada utilizando um medidor da área foliar.

[00495] NUE [kg/kg]- é a proporção entre a produção total de grão por N total aplicado no solo.

[00496] NUpE [kg/kg]- é a proporção entre a biomassa de planta total por N total aplicado no solo.

[00497] Produção/largura do caule [kg/cm] - é a proporção entre as produções de grão totais e a largura do caule.

[00498] Produção/LAI [kg] - é a proporção entre as produções de grão totais e o índice da área de folha total.

Resultados Experimentais:

[00499] 11 diferentes híbridos de milho foram cultivados e caracterizados com relação a diferentes parâmetros. As Tabelas 54-55 descrevem os parâmetros correlacionados ao Milho. A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP (Tabelas 56-59) e uma análise de correção subsequente foi realizada (Tabelas 60-61). Os resultados foram integrados à base de dados.

Tabela 54

Parâmetros correlacionados ao Milho (vetores) sob condições de Baixo N

ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com
1	Baixo N - Comprimento da Espiga [cm]
2	Baixo N - Comprimento da Espiga da área preenchida [cm]
3	Baixo N - Largura da Espiga [mm]
4	Baixo N - Número Final de Folhas
5	Baixo N - Altura Final da Espiga Principal [cm]
6	Baixo N - Altura Final da Planta [cm]
7	Baixo N - Nº de fileiras por espiga
8	Baixo N - SPAD R1-2
9	Baixo N - SPAD R3-R4
10	Baixo N - Largura do Caule 20/08/09 próximo ao TP5 [cm]
11	Baixo N - Peso da espiga por lote (42 plantas por lote) [0 RH] [kg]
12	Baixo N - DW Final da Planta [kg]
13	Baixo N - LAI
14	Baixo N - NUE produção kg/N aplicado em solo kg
15	Baixo N - NUE no preenchimento precoce de grão [R1-R2] produção Kg/N em planta SPAD
16	Baixo N - NUE no preenchimento de grão [R3-R4] produção Kg/ N em planta SPAD
17	Baixo N - NUpE [biomassa/N aplicado]
18	Baixo N - Produção de semente por dunam [kg]
19	Baixo N - Produção /LAI
20	Baixo N - Produção / largura do caule
21	Baixo N - Produção de semente por 1 planta – resto do lote [0- RH em Kg]

Tabela 54. “cm” = centímetros’ “mm” = milímetros; “kg” = quilogramas ; SPAD em R1-R2 e SPAD R3-R4: Nível de clorofila depois dos estágios iniciais e tardios de preenchimento de grãos, “NUE” = eficiência no uso do nitrogênio; “NUpE” = Eficiência na captação de nitrogênio; “LAI” = Área da folha; “N” = nitrogênio; Baixo N - sob condições de baixo Nitrogênio; “Normal” = sob condições normais, “dunam” = 1000 m².

Tabela 55

Parâmetros correlacionados ao Milho (vetores) sob condições normais

ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com
1	Normal - DW Final da Planta [kg]
2	Normal - Comprimento da Espiga [cm]
3	Normal - Comprimento da Espiga da área preenchida [cm]
4	Normal - Largura da Espiga [mm]
5	Normal - Número Final de Folhas
6	Normal - Altura Final da Espiga Principal [cm]
7	Normal - Altura Final da Planta [cm]
8	Normal - Nº de fileiras por espiga
9	Normal - SPAD R1-2
10	Normal - SPAD R3-R4
11	Normal - Largura do Caule TP5 [cm]
12	Normal - Peso da espiga por lote [0 RH] [kg]
13	Normal - LAI
14	Normal - NUE produção kg/N aplicado em solo kg
15	Normal - NUE no preenchimento precoce de grão [R1-R2] produção Kg/N em planta SPAD
16	Normal - NUE no preenchimento de grão [R3-R4] produção Kg/ N em planta SPAD
17	Normal - NUpE [biomassa/N aplicado]
18	Normal - Produção de semente por dunam [kg]
19	Normal - Produção /LAI
20	Normal - Produção / largura do caule
21	Normal - Produção de semente por 1 planta – resto do lote [0- RH em Kg]

Tabela 55. “cm” = centímetros’ “mm” = milímetros; “kg” = quilogramas ; SPAD em R1-R2 e SPAD R3-R4: Nível de clorofila depois dos estágios iniciais e tardios de preenchimento de grãos, “NUE” = eficiência no uso do nitrogênio; “NUpE” = Eficiência na captação de nitrogênio; “LAI” = Área da folha; “N” = nitrogênio; Baixo N - sob condições de baixo Nitrogênio; “Normal” = sob condições normais, “dunam” = 1000 m².

Tabela 56

Parâmetros medidos em acessos de Milho sob condições normais

ID de Cor./ Linha	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Linha-1	1,267	19,944	16,233	51,075	11,800	130,311	273,456	16,111	56,889	59,933	2,911
Linha-2	1,300	20,167	17,500	46,290	11,111	122,333	260,500	14,667	57,161	60,900	2,644
Linha-3	1,333	18,111	17,722	45,919	13,278	127,667	288,000	15,444	59,272	56,892	2,711
Linha-4	1,500	19,889	18,444	47,632	11,778	113,022	238,500	15,889	61,611	58,700	2,900
Linha-5	1,300	19,500	15,667	51,407	11,944	135,278	286,944	16,167	58,628	58,700	2,700
Linha-6	1,583	17,722	14,667	47,420	12,333	94,278	224,833	15,167	61,228	63,158	2,622
Linha-7	1,417	17,667	12,944	47,253	12,444	120,944	264,444	16,000	60,167	59,750	2,922
Linha-8	1,367	17,278	14,028	46,846	12,222	107,722	251,611	14,833	61,089	62,350	2,722
Linha-9	11,383	20,500	18,778	49,275	12,556	112,500	278,444	15,389	62,200	61,925	2,844
Linha-10	1,700	17,500	12,333	48,283	11,667	139,667	279,000	17,667	57,506	57,225	2,656
Linha-11	0,417	19,856	16,067	41,837	9,278	60,444	163,778	14,267	52,044	49,342	2,256

Tabela 56: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de milho (ID da linha) sob condições normais. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 57

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Milho sob condições normais

ID de Cor./ Linha	12	14	15	16	17	18	20	21	13	19
Linha-1	8,943	4,452	23,431	24,978	0,008	1335,625	456,707	0,167	3,208	426,086
Linha-2	7,023	3,624	19,052	17,807	0,009	1087,058	412,443	0,136	3,947	312,975
Linha-3	7,533	4,008	20,293	20,332	0,009	1202,532	443,368	0,150	3,332	307,277
ID de Cor./ Linha	12	14	15	16	17	18	20	21	13	19
Linha-4	7,991	4,237	20,719	19,957	0,010	1271,204	438,705	0,159	4,012	362,442
Linha-5	8,483	4,010	20,486	19,026	0,009	1202,966	446,659	0,150	3,864	314,138
Linha-6	5,632	3,124	15,360	13,904	0,011	937,083	356,950	0,117	4,191	224,582
Linha-7	6,100	3,286	16,383	16,234	0,009	985,893	337,486	0,123	3,969	266,437
Linha-8	6,659	3,500	17,191	17,214	0,009	1050,131	385,790	0,131	4,322	261,664
Linha-9	8,402	4,551	21,955	21,017	0,076	1365,293	481,942	0,171	2,888	482,329
Linha-10	8,215	4,087	20,994	21,529	0,004	1226,077	471,568	0,153	4,306	
Linha-11	1,879	1,003	5,725	5,519	0,003	300,928	139,728	0,038		

Tabela 57: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de milho (ID da linha) sob condições normais. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 58

Parâmetros medidos em acessos de Milho sob condições de Baixo nitrogênio

ID de Cor./ Linha	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Linha-1	20,614	18,398	46,713	15,024	158,076	305,836	14,181	60,236	59,286	2,764	6,605
Linha-2	20,976	18,417	48,222	11,643	136,238	270,929	15,214	57,938	57,621	2,419	7,974
Linha-3	20,222	19,778	48,323	13,500	128,389	290,611	15,000	58,761	58,400	2,650	9,634
Linha-4	20,111	18,833	49,863	11,611	133,056	252,167	15,667	59,478	59,189	2,767	9,222
Linha-5	20,111	16,222	52,873	11,833	137,833	260,222	16,000	58,500	58,194	2,672	7,630
Linha-6	18,500	16,000	47,436	11,889	99,556	227,222	15,944	64,039	62,667	2,594	7,215
Linha-7	19,056	15,278	49,609	12,556	130,167	271,722	15,556	56,422	61,044	2,983	7,917
Linha-8	18,250	15,694	48,567	11,667	114,611	248,611	14,500	60,000	59,867	2,611	28,961
Linha-9	20,095	16,771	52,406	12,443	143,862	279,329	16,410	58,317	57,467	2,650	7,797
Linha-10	17,806	14,056	42,634	9,278	61,611	171,278	14,367	53,061	49,611	2,278	2,410
Linha-11	21,250	19,556	50,003	13,167	114,444	269,778	15,744	61,717	61,867	2,817	9,775

Tabela 58: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de milho (ID de linha) sob condições de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas

na seção de procedimento experimental.

Tabela 59

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Milho sob condições de Baixo nitrogênio

ID de Cor./ Linha	12	14	15	16	17	18	20	21	13	19
Linha-1	1,593	7,225	18,023	18,352	0,011	1083,749	416,532	0,135	2,923	341,501
Linha-2	1,429	8,411	21,787	21,919	0,010	1261,635	528,383	0,158	3,155	408,093
Linha-3	1,533	10,328	26,335	26,479	0,010	1549,245	583,458	0,194	3,330	464,768
Linha-4	1,950	9,986	25,144	25,333	0,013	1497,865	541,017	0,187	2,873	522,258
Linha-5	1,483	7,626	19,547	19,685	0,010	1143,850	428,089	0,143	2,786	439,525
Linha-6	1,600	7,728	18,049	18,541	0,011	1159,260	444,294	0,145	3,764	312,581
Linha-7	1,583	8,049	21,388	19,785	0,011	1207,424	407,200	0,151	3,499	345,901
Linha-8	1,283	8,334	20,788	20,917	0,009	1250,052	477,438	0,156	5,016	287,735
Linha-9	1,514	7,640	19,676	19,935	0,010	1146,036	445,604	0,143		
Linha-10	0,433	2,555	7,213	7,722	0,003	383,219	167,902	0,048		
Linha-11	1,517	10,599	25,702	25,902	0,010	1589,914	562,294	0,199	3,157	501,239

Tabela 59. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de milho (ID de linha) sob condições de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 60

Correlação entre o nível de expressão dos genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais em variedades de milho

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.
LN811	0,880	2,07E-02	1	13	LN811	0,809	5,10E-02	5	13
LN811	0,748	3,29E-02	2	12	LN811	0,896	2,58E-03	2	4
LN811	0,814	1,39E-02	2	8	LN811	0,855	3,02E-02	6	13
LN813	0,945	4,45E-03	5	5	LN813	0,934	6,48E-03	5	10
LN813	0,825	4,34E-02	5	9	LN813	0,718	4,48E-02	2	17
LN813	0,757	2,96E-02	2	11	LN813	0,718	4,48E-02	2	1
LN813	0,747	5,37E-02	4	17	LN813	0,747	5,37E-02	4	1
LN813	0,849	7,73E-03	3	10	LN813	0,809	2,74E-02	6	7
LN813	0,704	7,72E-02	6	10	LN813	0,701	7,93E-02	6	16
LN813	0,851	1,52E-02	6	6	LN813	0,743	5,58E-02	6	9
LN814	0,766	4,47E-02	1	8	LN814	0,976	8,47E-04	5	17
LN814	0,713	1,11E-01	5	3	LN814	0,976	8,47E-04	5	1
LN814	0,725	1,03E-01	5	9	LN814	0,702	1,20E-01	5	19
LN814	0,745	3,41E-02	2	11	LN814	0,718	6,94E-02	4	3
LN814	0,757	4,90E-02	4	6	LN814	0,847	1,67E-02	4	8
LN814	0,711	7,30E-02	6	8	LN815	0,736	3,72E-02	2	10
LN815	0,845	8,22E-03	3	12	LN815	0,833	1,02E-02	3	15
LN815	0,781	2,83E-02	3	14	LN815	0,877	4,20E-03	3	4
LN815	0,881	3,87E-03	3	16	LN815	0,761	2,83E-02	3	18
LN815	0,761	2,83E-02	3	21	LN815	0,725	4,20E-02	3	19
LN815	0,794	1,87E-02	7	13	LN816	0,807	5,22E-02	1	19
LN816	0,710	7,39E-02	1	2	LN816	0,945	4,48E-03	5	13
LN816	0,711	4,80E-02	2	10	LN816	0,866	2,58E-02	4	13
LN816	0,705	5,09E-02	3	5	LN816	0,833	2,01E-02	6	7
LN816	0,738	5,82E-02	6	16	LN816	0,726	6,47E-02	6	6
LN816	0,816	7,34E-03	7	11	LN816	0,759	1,78E-02	7	9
LN817	0,728	1,01E-01	5	11	LN818	0,708	7,51E-02	1	12
LN818	0,731	6,18E-02	1	11	LN818	0,879	9,14E-03	1	5
LN818	0,719	6,85E-02	1	14	LN818	0,907	4,80E-03	1	4
LN818	0,937	1,34E-03	1	10	LN818	0,719	6,85E-02	1	18
LN818	0,719	6,85E-02	1	21	LN818	0,814	2,60E-02	1	9
LN818	0,721	6,75E-02	1	20	LN818	0,741	9,18E-02	5	11
LN818	0,796	5,80E-02	5	10	LN818	0,766	7,60E-02	5	8
LN818	0,758	2,94E-02	2	4	LN818	0,789	2,00E-02	3	10
LN818	0,869	2,47E-02	6	13	LN818	0,700	7,98E-02	6	11
LN818	0,758	4,81E-02	6	10	LN818	0,805	8,91E-03	7	10
LN818	0,801	9,46E-03	7	9	LN819	0,772	4,19E-02	1	3
LN819	0,770	7,32E-02	1	19	LN819	0,773	4,15E-02	1	2
LN819	0,813	4,92E-02	5	5	LN819	0,722	1,83E-02	8	7
LN819	0,769	9,28E-03	8	5	LN819	0,709	2,18E-02	8	6
LN819	0,742	5,64E-02	4	10	LN819	0,713	4,73E-02	3	17
LN819	0,713	4,73E-02	3	1	LN819	0,727	6,44E-02	6	4
LN820	0,714	4,66E-02	3	3	LN820	0,749	3,25E-02	3	2
LN821	0,702	7,87E-02	1	5	LN821	0,753	5,08E-02	1	8
LN822	0,824	1,18E-02	7	13	LN823	0,705	7,67E-02	4	11
LN823	0,879	9,16E-03	4	3	LN823	0,795	3,25E-02	4	8
LN823	0,812	4,97E-02	4	19	LN823	0,717	4,54E-02	3	9
LN823	0,710	7,37E-02	6	17	LN823	0,710	7,37E-02	6	1
LN823	0,702	3,50E-02	7	9	LN824	0,704	7,14E-02	1	6
LN824	0,791	1,93E-02	2	11	LN824	0,764	2,72E-02	2	9
LN824	0,754	1,89E-02	7	6	LN825	0,725	4,18E-02	2	4
LN825	0,706	5,04E-02	3	2	LN828	0,829	4,12E-02	5	5

Nome Gene	do	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID Corj. de	do	Nome Gene	do	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID Corj. de
LNU829		0,894	2,72E-03	2	7		LNU829		0,771	2,52E-02	2	6
LNU829		0,907	7,49E-04	7	17		LNU829		0,907	7,49E-04	7	1
LNU830		0,862	2,73E-02	5	9		LNU830		0,738	3,67E-02	2	11
LNU831		0,790	3,44E-02	4	3		LNU832		0,734	6,02E-02	1	7
LNU832		0,932	2,24E-03	1	5		LNU832		0,714	1,11E-01	5	10
LNU832		0,778	3,92E-02	4	7		LNU832		0,809	2,74E-02	4	12
LNU832		0,747	5,34E-02	4	11		LNU832		0,814	2,60E-02	4	15
LNU832		0,780	3,86E-02	4	14		LNU832		0,822	2,33E-02	4	16
LNU832		0,917	3,65E-03	4	6		LNU832		0,780	3,86E-02	4	18
LNU832		0,780	3,86E-02	4	21		LNU832		0,803	2,98E-02	4	20
LNU832		0,722	6,68E-02	6	5		LNU832		0,703	3,48E-02	7	11
LNU832		0,809	8,29E-03	7	5		LNU832		0,709	3,24E-02	7	10
LNU832		0,795	1,05E-02	7	9		LNU833		0,843	3,50E-02	5	5
LNU833		0,728	1,01E-01	5	4		LNU833		0,789	1,99E-02	2	5
LNU833		0,823	3,43E-03	8	10		LNU833		0,710	7,40E-02	4	3
LNU833		0,721	4,37E-02	3	10		LNU833		0,740	9,27E-02	6	13
LNU833		0,702	7,84E-02	6	10		LNU833		0,884	3,56E-03	7	13
LNU834		0,935	6,23E-03	1	13		LNU834		0,847	1,62E-02	1	10
LNU834		0,754	5,01E-02	1	9		LNU834		0,853	3,08E-02	5	4
LNU834		0,804	5,40E-02	5	10		LNU834		0,712	1,13E-01	5	19
LNU834		0,807	5,22E-02	5	2		LNU834		0,707	5,00E-02	2	8
LNU834		0,727	1,73E-02	8	15		LNU834		0,731	1,64E-02	8	16
LNU834		0,735	2,42E-02	8	19		LNU834		0,792	3,39E-02	4	4
LNU834		0,947	1,20E-03	4	10		LNU834		0,871	1,07E-02	6	17
LNU834		0,720	6,82E-02	6	4		LNU834		0,820	2,38E-02	6	6
LNU834		0,871	1,07E-02	6	1		LNU834		0,825	4,33E-02	6	19
LNU834		0,706	7,62E-02	6	20		LNU834		0,779	1,33E-02	7	7
LNU834		0,801	9,44E-03	7	12		LNU834		0,716	3,00E-02	7	11
LNU834		0,742	2,22E-02	7	15		LNU834		0,768	1,57E-02	7	14
LNU834		0,853	3,46E-03	7	4		LNU834		0,712	3,13E-02	7	10
LNU834		0,761	1,73E-02	7	6		LNU834		0,768	1,57E-02	7	18
LNU834		0,768	1,57E-02	7	21		LNU834		0,764	1,65E-02	7	20
LNU835		0,966	3,91E-04	1	7		LNU835		0,793	3,32E-02	1	12
LNU835		0,743	5,55E-02	1	5		LNU835		0,816	2,52E-02	1	15
LNU835		0,778	3,92E-02	1	14		LNU835		0,836	1,91E-02	1	16
LNU835		0,915	3,86E-03	1	6		LNU835		0,778	3,92E-02	1	18
LNU835		0,778	3,92E-02	1	21		LNU835		0,822	2,34E-02	1	20
LNU835		0,753	8,37E-02	5	10		LNU835		0,772	2,48E-02	2	10
LNU835		0,881	8,80E-03	6	7		LNU835		0,811	2,69E-02	6	12
LNU835		0,711	7,35E-02	6	11		LNU835		0,724	6,57E-02	6	5
LNU835		0,809	2,76E-02	6	15		LNU835		0,801	3,06E-02	6	14
LNU835		0,759	4,77E-02	6	4		LNU835		0,821	2,36E-02	6	10
LNU835		0,812	2,66E-02	6	16		LNU835		0,814	2,59E-02	6	6
LNU835		0,801	3,06E-02	6	18		LNU835		0,801	3,06E-02	6	21
LNU835		0,833	2,00E-02	6	20		LNU837		0,713	7,24E-02	1	11
LNU837		0,879	9,15E-03	1	8		LNU837		0,737	9,44E-02	5	7
LNU837		0,845	3,41E-02	5	6		LNU837		0,731	2,54E-02	8	19
LNU837		0,752	5,14E-02	4	2		LNU838		0,821	4,54E-02	5	17
LNU838		0,715	1,10E-01	5	3		LNU838		0,821	4,54E-02	5	1
LNU838		0,784	2,14E-02	3	7		LNU838		0,717	4,53E-02	3	6
LNU839		0,853	3,08E-02	5	4		LNU839		0,712	1,13E-01	5	19
LNU839		0,807	5,22E-02	5	2		LNU839		0,707	5,00E-02	2	8
LNU839		0,820	2,38E-02	6	6		LNU840		0,842	1,74E-02	1	7
LNU840		0,701	7,90E-02	1	6		LNU840		0,884	1,95E-02	5	17
LNU840		0,884	1,95E-02	5	1		LNU841		0,754	5,01E-02	4	7
LNU841		0,761	4,68E-02	4	12		LNU841		0,781	3,80E-02	4	15
LNU841		0,729	6,29E-02	4	14		LNU841		0,760	4,76E-02	4	16
LNU841		0,894	6,56E-03	4	6		LNU841		0,729	6,29E-02	4	18
LNU841		0,729	6,29E-02	4	21		LNU841		0,769	4,32E-02	4	20
LNU843		0,761	4,69E-02	1	4		LNU843		0,726	6,49E-02	1	9

Nome Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU843	0,717	1,97E-02	8	5	LNU843	0,828	2,15E-02	4	7
LNU843	0,864	1,21E-02	4	12	LNU843	0,800	3,08E-02	4	11
LNU843	0,852	1,48E-02	4	15	LNU843	0,840	1,79E-02	4	14
LNU843	0,742	5,64E-02	4	4	LNU843	0,717	6,98E-02	4	10
LNU843	0,859	1,34E-02	4	16	LNU843	0,834	1,98E-02	4	6
LNU843	0,840	1,79E-02	4	18	LNU843	0,840	1,79E-02	4	21
LNU843	0,848	1,59E-02	4	20	LNU844	0,894	1,63E-02	5	5
LNU845	0,761	7,91E-02	5	6	LNU845	0,800	1,71E-02	2	17
LNU845	0,800	1,71E-02	2	1	LNU845	0,825	1,17E-02	2	9
LNU845	0,710	2,14E-02	8	11	LNU845	0,874	1,01E-02	4	8
LNU846	0,809	5,14E-02	5	10	LNU846	0,787	2,06E-02	2	12
LNU846	0,865	5,50E-03	2	4	LNU846	0,707	4,99E-02	2	19
LNU846	0,735	1,55E-02	8	11	LNU846	0,706	2,26E-02	8	8
LNU846	0,746	5,39E-02	4	12	LNU846	0,819	2,41E-02	4	11
LNU846	0,737	5,88E-02	4	15	LNU846	0,771	4,23E-02	4	14
LNU846	0,796	3,24E-02	4	4	LNU846	0,703	7,81E-02	4	16
LNU846	0,771	4,23E-02	4	18	LNU846	0,899	5,94E-03	4	8
LNU846	0,771	4,23E-02	4	21	LNU846	0,726	6,45E-02	4	9
LNU846	0,755	8,24E-02	4	19	LNU846	0,724	6,56E-02	4	20
LNU846	0,809	8,33E-03	7	3	LNU846	0,849	7,69E-03	7	19
LNU846	0,746	2,09E-02	7	2					

Tabela 60: São fornecidas as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [conjuntos de Expressão (exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de produção, biomassa, taxa de crescimento e/ou vigor (Correlação vetor (corr))] sob condições normais em variedades de milho. P = Valor p .

Tabela 61

Correlação entre o nível de expressão dos genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições de baixo N em variedades de milho

Nome Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU811	0,836	3,80E-02	1	13	LNU811	0,782	2,18E-02	5	19
LNU813	0,876	2,22E-02	1	13	LNU813	0,762	4,66E-02	1	11
LNU813	0,835	1,93E-02	1	2	LNU813	0,731	6,18E-02	1	1
LNU813	0,766	1,61E-02	5	7	LNU813	0,705	5,09E-02	5	19
LNU813	0,730	9,98E-02	6	10	LNU813	0,842	3,53E-02	6	9
LNU813	0,879	2,10E-02	6	5	LNU813	0,941	5,07E-03	6	6
LNU813	0,708	1,16E-01	6	15	LNU813	0,708	1,15E-01	6	19
LNU813	0,733	9,77E-02	6	1	LNU813	0,727	1,73E-02	3	10
LNU813	0,766	9,82E-03	3	9	LNU813	0,843	1,72E-02	8	13
LNU813	0,726	6,48E-02	7	13	LNU813	0,702	5,21E-02	7	8
LNU813	0,746	5,42E-02	4	6	LNU814	0,832	3,97E-02	1	19
LNU814	0,923	3,02E-03	1	2	LNU814	0,752	5,12E-02	1	1
LNU814	0,713	7,21E-02	1	16	LNU814	0,873	4,67E-03	5	13
LNU814	0,786	2,07E-02	5	19	LNU814	0,777	6,88E-02	6	18
LNU814	0,850	3,20E-02	6	4	LNU814	0,776	6,94E-02	6	8
LNU814	0,777	6,88E-02	6	14	LNU814	0,703	1,20E-01	6	20
LNU814	0,897	1,54E-02	6	6	LNU814	0,881	2,04E-02	6	15
LNU814	0,808	5,18E-02	6	19	LNU814	0,777	6,88E-02	6	2
LNU814	0,777	6,88E-02	6	21	LNU814	0,833	3,95E-02	6	16
LNU814	0,785	3,64E-02	8	13	LNU814	0,752	3,14E-02	8	10
LNU814	0,727	4,08E-02	8	4	LNU814	0,873	1,03E-02	7	13
LNU814	0,799	1,73E-02	7	11	LNU814	0,826	2,21E-02	7	19
LNU814	0,766	2,67E-02	7	2	LNU814	0,774	2,43E-02	2	10

Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de	Nome Gene	do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de
LNU814		0.802	3,02E-02	4	5	LNU814		0.729	6,28E-02	4	11
LNU814		0.742	5,61E-02	4	15	LNU814		0.839	1,83E-02	4	19
LNU814		0.703	7,78E-02	4	2	LNU814		0.709	7,47E-02	4	16
LNU815		0.775	7,03E-02	6	13	LNU815		0.903	1,37E-02	6	11
LNU816		0.830	2,08E-02	1	1	LNU816		0.934	6,40E-03	6	3
LNU816		0.815	4,09E-03	3	9	LNU816		0.911	4,27E-03	8	13
LNU816		0.753	3,10E-02	8	7	LNU816		0.883	8,36E-03	7	13
LNU816		0.910	1,71E-03	7	11	LNU817		0.748	2,04E-02	5	6
LNU817		0.737	9,47E-02	6	5	LNU817		0.708	4,94E-02	2	10
LNU817		0.792	1,92E-02	2	4	LNU817		0.916	1,41E-03	2	5
LNU817		0.893	2,82E-03	2	6	LNU817		0.775	4,09E-02	4	6
LNU818		0.878	9,37E-03	1	8	LNU818		0.844	8,44E-03	5	13
LNU818		0.705	3,40E-02	5	11	LNU818		0.910	1,19E-02	6	18
LNU818		0.760	7,98E-02	6	4	LNU818		0.709	1,15E-01	6	8
LNU818		0.910	1,19E-02	6	14	LNU818		0.716	1,10E-01	6	20
LNU818		0.771	7,29E-02	6	15	LNU818		0.796	5,84E-02	6	19
LNU818		0.742	9,11E-02	6	2	LNU818		0.910	1,19E-02	6	21
LNU818		0.814	4,89E-02	6	16	LNU818		0.806	8,77E-03	3	13
LNU818		0.705	5,08E-02	8	8	LNU818		0.828	1,12E-02	7	8
LNU818		0.882	8,69E-03	2	13	LNU818		0.882	3,71E-03	2	11
LNU818		0.776	4,04E-02	4	9	LNU818		0.860	1,31E-02	4	8
LNU819		0.712	1,12E-01	6	18	LNU819		0.712	1,12E-01	6	14
LNU819		0.703	1,19E-01	6	15	LNU819		0.889	1,78E-02	6	19
LNU819		0.946	4,29E-03	6	1	LNU819		0.712	1,12E-01	6	21
LNU819		0.742	5,63E-02	4	17	LNU819		0.729	6,32E-02	4	8
LNU819		0.859	1,32E-02	4	7	LNU819		0.742	5,63E-02	4	12
LNU820		0.854	3,06E-02	6	10	LNU820		0.748	8,71E-02	6	3
LNU820		0.771	7,27E-02	6	5	LNU820		0.738	3,67E-02	8	17
LNU820		0.738	3,67E-02	8	12	LNU820		0.783	2,16E-02	2	18
LNU820		0.783	2,16E-02	2	14	LNU820		0.826	1,15E-02	2	20
LNU820		0.778	2,29E-02	2	15	LNU820		0.783	2,16E-02	2	21
LNU820		0.798	1,76E-02	2	16	LNU821		0.705	1,18E-01	1	19
LNU821		0.701	7,95E-02	1	2	LNU821		0.835	3,85E-02	6	8
LNU821		0.846	8,04E-03	2	18	LNU821		0.846	8,04E-03	2	14
LNU821		0.874	4,59E-03	2	20	LNU821		0.818	1,31E-02	2	15
LNU821		0.888	7,64E-03	2	19	LNU821		0.922	1,13E-03	2	2
LNU821		0.763	2,75E-02	2	1	LNU821		0.846	8,04E-03	2	21
LNU821		0.867	5,26E-03	2	16	LNU821		0.953	8,86E-04	4	17
LNU821		0.953	8,86E-04	4	12	LNU822		0.727	6,41E-02	8	19
LNU822		0.795	3,24E-02	4	17	LNU822		0.795	3,24E-02	4	12
LNU823		0.832	2,02E-02	1	17	LNU823		0.712	7,28E-02	1	9
LNU823		0.712	7,29E-02	1	3	LNU823		0.710	7,38E-02	1	5
LNU823		0.926	2,77E-03	1	7	LNU823		0.832	2,02E-02	1	12
LNU823		0.710	3,23E-02	5	10	LNU823		0.770	9,19E-03	3	3
LNU823		0.735	3,79E-02	2	3	LNU823		0.842	8,65E-03	2	7
LNU823		0.713	7,21E-02	4	4	LNU823		0.704	7,75E-02	4	7
LNU824		0.769	4,32E-02	1	18	LNU824		0.757	4,88E-02	1	4
LNU824		0.769	4,32E-02	1	14	LNU824		0.740	5,71E-02	1	15
LNU824		0.800	5,60E-02	1	19	LNU824		0.774	4,10E-02	1	2
LNU824		0.784	3,71E-02	1	1	LNU824		0.769	4,32E-02	1	21
LNU824		0.746	5,40E-02	1	16	LNU824		0.791	1,12E-02	5	9
LNU824		0.714	3,07E-02	5	4	LNU824		0.758	4,85E-02	8	19
LNU824		0.703	5,17E-02	2	17	LNU824		0.835	9,93E-03	2	4
LNU824		0.877	4,25E-03	2	5	LNU824		0.889	3,12E-03	2	6
LNU824		0.703	5,17E-02	2	12	LNU824		0.786	3,60E-02	4	13
LNU824		0.846	1,65E-02	4	11	LNU825		0.800	3,06E-02	1	8
LNU825		0.916	3,70E-03	8	13	LNU825		0.885	3,45E-03	8	11
LNU825		0.729	4,03E-02	7	8	LNU825		0.908	4,75E-03	2	13
LNU825		0.804	1,62E-02	2	11	LNU825		0.740	5,74E-02	4	17
LNU825		0.740	5,74E-02	4	12	LNU828		0.990	1,44E-04	6	5

Nome Gene do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.	Nome Gene do	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.
LNU828	0,823	4,40E-02	6	6	LNU828	0,721	1,06E-01	6	15
LNU829	0,805	2,91E-02	4	8	LNU830	0,762	2,78E-02	5	19
LNU830	0,748	8,74E-02	6	7	LNU831	0,939	5,45E-03	1	13
LNU831	0,715	7,09E-02	1	11	LNU831	0,904	2,03E-03	5	13
LNU831	0,757	1,81E-02	5	11	LNU831	0,702	7,90E-02	8	13
LNU831	0,894	6,66E-03	2	13	LNU831	0,921	3,25E-03	4	13
LNU831	0,978	1,40E-04	4	11	LNU832	0,825	2,23E-02	1	5
LNU832	0,768	4,36E-02	1	20	LNU832	0,866	1,18E-02	1	6
LNU832	0,719	6,85E-02	1	15	LNU832	0,801	3,05E-02	1	1
LNU832	0,706	7,60E-02	1	16	LNU832	0,895	1,61E-02	6	5
LNU832	0,875	2,24E-02	6	6	LNU832	0,856	3,21E-03	3	13
LNU832	0,767	9,66E-03	3	9	LNU832	0,827	3,13E-03	3	11
LNU832	0,707	4,96E-02	8	5	LNU832	0,746	3,36E-02	8	11
LNU832	0,713	4,73E-02	8	6	LNU832	0,797	1,79E-02	7	18
LNU832	0,827	1,13E-02	7	4	LNU832	0,725	4,20E-02	7	3
LNU832	0,893	2,85E-03	7	5	LNU832	0,797	1,79E-02	7	14
LNU832	0,829	1,09E-02	7	20	LNU832	0,944	4,10E-04	7	6
LNU832	0,839	9,28E-03	7	15	LNU832	0,797	1,79E-02	7	21
LNU832	0,817	1,33E-02	7	16	LNU832	0,809	1,51E-02	2	9
LNU832	0,734	3,80E-02	2	4	LNU832	0,717	4,54E-02	2	11
LNU832	0,751	3,17E-02	2	6	LNU833	0,778	3,96E-02	1	10
LNU833	0,813	2,61E-02	1	5	LNU833	0,765	4,51E-02	1	11
LNU833	0,746	5,44E-02	1	6	LNU833	0,873	1,02E-02	1	1
LNU833	0,776	6,99E-02	6	8	LNU833	0,738	9,37E-02	6	11
LNU833	0,853	1,46E-02	7	13	LNU833	0,904	2,03E-03	7	11
LNU833	0,715	4,62E-02	2	20	LNU833	0,738	3,66E-02	2	11
LNU833	0,715	4,63E-02	2	16	LNU833	0,745	5,46E-02	4	9
LNU833	0,836	1,92E-02	4	8	LNU834	0,820	2,41E-02	1	18
LNU834	0,737	5,87E-02	1	10	LNU834	0,871	1,07E-02	1	17
LNU834	0,810	2,71E-02	1	9	LNU834	0,722	6,72E-02	1	4
LNU834	0,819	2,43E-02	1	3	LNU834	0,805	2,90E-02	1	5
LNU834	0,894	6,67E-03	1	7	LNU834	0,820	2,41E-02	1	14
LNU834	0,750	5,23E-02	1	20	LNU834	0,803	2,96E-02	1	6
LNU834	0,869	1,10E-02	1	15	LNU834	0,871	1,07E-02	1	12
LNU834	0,886	1,88E-02	1	19	LNU834	0,805	2,88E-02	1	2
LNU834	0,724	6,61E-02	1	1	LNU834	0,820	2,41E-02	1	21
LNU834	0,852	1,49E-02	1	16	LNU834	0,927	7,87E-03	6	18
LNU834	0,846	3,38E-02	6	4	LNU834	0,927	7,87E-03	6	14
LNU834	0,831	4,03E-02	6	15	LNU834	0,879	2,12E-02	6	19
LNU834	0,758	8,05E-02	6	2	LNU834	0,927	7,87E-03	6	21
LNU834	0,839	3,69E-02	6	16	LNU834	0,723	2,78E-02	3	13
LNU834	0,743	1,37E-02	3	17	LNU834	0,786	7,05E-03	3	9
LNU834	0,711	2,12E-02	3	3	LNU834	0,795	6,03E-03	3	11
LNU834	0,743	1,37E-02	3	12	LNU834	0,700	5,31E-02	8	10
LNU834	0,927	9,31E-04	8	4	LNU834	0,758	2,93E-02	8	5
LNU834	0,855	6,81E-03	8	6	LNU834	0,775	2,38E-02	7	7
LNU834	0,760	2,87E-02	7	11	LNU834	0,933	2,14E-03	2	13
LNU834	0,748	3,29E-02	2	17	LNU834	0,765	2,69E-02	2	9
LNU834	0,883	3,63E-03	2	4	LNU834	0,851	7,38E-03	2	5
LNU834	0,850	7,48E-03	2	6	LNU834	0,748	3,29E-02	2	12
LNU834	0,822	2,31E-02	4	13	LNU834	0,990	1,73E-05	4	11
LNU835	0,867	1,16E-02	1	8	LNU835	0,710	7,37E-02	1	20
LNU835	0,822	4,45E-02	6	11	LNU835	0,754	1,89E-02	3	13
LNU835	0,892	6,97E-03	8	13	LNU835	0,973	4,88E-05	8	11
LNU835	0,739	3,61E-02	7	5	LNU835	0,711	4,81E-02	7	20
LNU835	0,788	2,01E-02	2	4	LNU835	0,780	2,25E-02	2	6
LNU835	0,881	8,78E-03	4	13	LNU837	0,897	1,54E-02	1	19
LNU837	0,776	4,02E-02	1	2	LNU837	0,825	2,24E-02	1	1
LNU838	0,941	1,55E-03	4	13	LNU838	0,953	9,08E-04	4	11
LNU839	0,820	2,41E-02	1	18	LNU839	0,739	5,77E-02	1	17

Nome Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.	Nome Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID Conj. de Cor.
LNU839	0,722	6,72E-02	1	4	LNU839	0,740	5,73E-02	1	3
LNU839	0,805	2,90E-02	1	5	LNU839	0,820	2,41E-02	1	14
LNU839	0,750	5,23E-02	1	20	LNU839	0,803	2,96E-02	1	6
LNU839	0,869	1,10E-02	1	15	LNU839	0,739	5,77E-02	1	12
LNU839	0,886	1,88E-02	1	19	LNU839	0,805	2,88E-02	1	2
LNU839	0,724	6,61E-02	1	1	LNU839	0,820	2,41E-02	1	21
LNU839	0,852	1,49E-02	1	16	LNU839	0,927	7,87E-03	6	18
LNU839	0,846	3,38E-02	6	4	LNU839	0,731	9,85E-02	6	8
LNU839	0,927	7,87E-03	6	14	LNU839	0,831	4,03E-02	6	15
LNU839	0,879	2,12E-02	6	19	LNU839	0,758	8,05E-02	6	2
LNU839	0,927	7,87E-03	6	21	LNU839	0,839	3,69E-02	6	16
LNU839	0,723	2,78E-02	3	13	LNU839	0,795	6,03E-03	3	11
LNU839	0,760	2,87E-02	7	11	LNU839	0,883	3,63E-03	2	4
LNU839	0,851	7,38E-03	2	5	LNU839	0,850	7,48E-03	2	6
LNU839	0,822	2,31E-02	4	13	LNU839	0,752	5,11E-02	4	9
LNU839	0,930	2,40E-03	4	8	LNU839	0,990	1,73E-05	4	11
LNU840	0,701	5,28E-02	7	9	LNU841	0,843	3,50E-02	6	13
LNU841	0,737	3,69E-02	8	8	LNU841	0,929	2,48E-03	7	13
LNU841	0,808	1,54E-02	7	11	LNU843	0,701	7,94E-02	1	18
LNU843	0,871	1,07E-02	1	10	LNU843	0,890	7,22E-03	1	17
LNU843	0,787	3,58E-02	1	9	LNU843	0,803	2,97E-02	1	3
LNU843	0,821	2,36E-02	1	7	LNU843	0,701	7,94E-02	1	14
LNU843	0,890	7,22E-03	1	12	LNU843	0,701	7,94E-02	1	21
LNU843	0,722	1,84E-02	3	10	LNU844	0,745	8,95E-02	6	10
LNU844	0,865	5,60E-03	8	7	LNU844	0,765	2,69E-02	7	17
LNU844	0,814	1,38E-02	7	7	LNU844	0,765	2,69E-02	7	12
LNU845	0,823	2,28E-02	1	18	LNU845	0,706	7,65E-02	1	17
LNU845	0,786	3,60E-02	1	9	LNU845	0,746	5,42E-02	1	3
LNU845	0,903	5,33E-03	1	5	LNU845	0,823	2,28E-02	1	14
LNU845	0,847	1,61E-02	1	20	LNU845	0,840	1,81E-02	1	6
LNU845	0,871	1,06E-02	1	15	LNU845	0,706	7,65E-02	1	12
LNU845	0,818	4,68E-02	1	19	LNU845	0,879	9,12E-03	1	2
LNU845	0,909	4,59E-03	1	1	LNU845	0,823	2,28E-02	1	21
LNU845	0,873	1,04E-02	1	16	LNU845	0,818	4,64E-02	6	9
LNU845	0,894	1,62E-02	6	7	LNU845	0,705	2,28E-02	3	7
LNU845	0,710	3,20E-02	3	19	LNU845	0,785	7,12E-03	3	1
LNU845	0,784	2,12E-02	8	17	LNU845	0,839	9,14E-03	8	9
LNU845	0,816	1,35E-02	8	8	LNU845	0,740	3,58E-02	8	7
LNU845	0,717	4,54E-02	8	20	LNU845	0,784	2,12E-02	8	12
LNU845	0,763	2,75E-02	7	9	LNU845	0,762	2,79E-02	7	8
LNU845	0,797	3,17E-02	4	5	LNU845	0,703	7,81E-02	4	6
LNU846	0,711	1,13E-01	6	10	LNU846	0,791	6,08E-02	6	3
LNU846	0,843	8,57E-03	8	17	LNU846	0,881	3,86E-03	8	5
LNU846	0,788	2,03E-02	8	6	LNU846	0,843	8,57E-03	8	12
LNU846	0,779	2,26E-02	7	10	LNU846	0,701	5,25E-02	2	18
LNU846	0,820	1,26E-02	2	10	LNU846	0,845	8,19E-03	2	9
LNU846	0,832	1,05E-02	2	3	LNU846	0,701	5,25E-02	2	14
LNU846	0,724	4,25E-02	2	6	LNU846	0,711	4,82E-02	2	15
LNU846	0,701	5,25E-02	2	21					

Tabela 61. São fornecidas as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [conjuntos de Expressão (exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de produção, biomassa, taxa de crescimento e/ou vigor (Correlação vetor (corr))] sob condições de baixo nitrogênio em variedades de milho. P = Valor p.

EXEMPLO 9

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE TOMATE E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE TOMATE DE 44K

[00500] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade entre o fenótipo relacionado à NUE e a expressão do gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de Tomate, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto)]

com/Scripts/PDS (ponto) asp?IPage=50879]. O arranjo de oligonucleotídeo representa cerca de 44.000 de genes e transcrições de Tomate. A fim de definir a correlação entre os níveis de expressão do RNA e os parâmetros relacionados ao vigor ou aos componentes de produção NUE, e ABST, várias características da planta de 18 diferentes variedades de Tomate foram analisadas. Entre elas, 10 variedades englobando a variação observada foram selecionadas para análise de expressão do RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html]. Correlação das variedades de Tomate em ecotipos cultivados sob condições de baixo nitrogênio, condições de seca e condições de cultivo regular

Procedimentos Experimentais:

[00501] 10 variedades de Tomates foram cultivadas em 3 blocos repetitivos, cada um contendo 6 plantas por lote, em estufa com rede. Em suma, o protocolo de cultivo se deu conforme segue:

1. Condições de cultivo regular: As variedades de Tomate foram cultivadas sob condições normais (4 a 6 Litros/m² de água por dia e fertilizadas com NPK, conforme recomendado nos protocolos para produção comercial de tomates).

[00502] 2. Condições de fertilização de Baixo Nitrogênio: As variedades de Tomate foram cultivadas sob condições normais (4 a 6 Litros/m² por dia e fertilizadas com NPK, conforme recomendado nos protocolos para produção comercial de tomates) até o estágio de floração. Neste momento, a fertilização com Nitrogênio foi interrompida.

[00503] 3. Estresse de seca: A variedade de Tomate foi cultivada sob condições normais (4 a 6 Litros/m² por dia) até o estágio de floração. Neste momento, a irrigação foi reduzida para 50% comparado às condições normais.

[00504] As plantas foram fenotipadas diariamente, seguindo os descritores padrão do tomate (Tabela 63). A colheita foi conduzida enquanto

50% dos frutos estavam vermelhos (maduros). As plantas foram separadas em parte vegetal e frutos; destes, 2 nós foram analisados com relação aos parâmetros de inflorescência adicionais, tais como tamanho, número de flores e peso de inflorescência. O peso fresco de todo o material vegetal foi medido. Os frutos foram separados por cores (vermelhos vs. verde) e em conformidade com o tamanho do fruto (pequeno, médio e grande). Em seguida, os dados analisados foram salvos como arquivos de texto e processados utilizando o software JMP de análise estatística (instituto SAS). Os parâmetros de dados coletados são resumidos nas Tabelas 64 a 70 abaixo.

[00505] Tecidos de Tomate analisados– Dois tecidos em diferentes fases de desenvolvimento [flore folha], representando diferentes características das plantas, foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Para conveniência, cada tipo de informação de expressão de microarranjo recebeu Conjunto, conforme resumido na Tabela 62 abaixo.

Tabela 62

Conjuntos de expressão de transcriptoma de Tomate

ID de Conjunto	Conjunto de Expressão
1	Campo de tomate/NUE/folha
2	Campo de tomate/NUE/flor
3	Campo de tomate/Seca/folha
4	Campo de tomate/Normal/folha
5	Campo de tomate/Normal/flor
6	Campo de tomate/Seca/flor
7	Campo de tomate Seca/folha
8	Campo de tomate Seca/flor
9	Campo de tomate NUE/folha
10	Campo de tomate NUE/flor
11	Campo de tomate Normal/folha
12	Campo de tomate Normal/flor

Tabela 62: São fornecidos os números de identificação (ID) de cada conjunto de expressão de tomate.

[00506] A Tabela 63 fornece os parâmetros correlacionados ao tomate (Vetores). A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP e os valores estão resumidos nas Tabelas 64 a 70 abaixo. Uma análise de correlação subsequente foi conduzida (Tabela 71). Os resultados foram integrados à base de dados.

Tabela 63

Parâmetros correlacionados de Tomate (vetores)

Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Peso de 100 frutos verdes (Seca) [kg]	1
Peso de 100 frutos verdes (Baixo N) [kg]	2
Peso de 100 frutos verdes (Normal) [kg]	3
Peso de 100 frutos vermelhos (Seca) [kg]	4
Peso de 100 frutos vermelhos (Baixo N) [kg]	5
Peso de 100 frutos vermelhos (Normal) [kg]	6
Peso do Agrupamento NUE /Normal [kg]	7
Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
FW NUE/Normal [g.]	8
FW Seca/Normal [g.]	9
FW/Planta (NUE) [g.]	10
FW/Planta (Normal) [g.]	11
FW/Planta/ Seca [g.]	12
Fruta Seca/NUE [g.]	13
Fruta NUE/Normal [g.]	14
Produção de Fruto Seca /Normal [g.]	15
Produção de Fruto/Planta (NUE) [g.]	16
Produção de Fruto /Planta Seca [g.]	17
Produção de Fruto/Planta (Normal) [g.]	18
HI [produção/produção+biomassa] (Baixo N)	19
HI [produção/produção+biomassa] (Normal)	20
Comprimento dos Folíolos [cm] (Baixo N) [cm]	21
Comprimento dos Folíolos [cm] (Normal) [cm]	22
Comprimento dos Folíolos [cm] (Seca) [cm]	23
Largura dos Folíolos (Baixo N) [cm]	24
Largura dos Folíolos (Normal) [cm]	25
Largura dos Folíolos [cm] (Seca) [cm]	26
NUE [produção /SPAD] (Baixo N)	27
NUE [produção /SPAD] (Normal)	28
NUE2 [biomassa total /SPAD] (Baixo N)	29
NUE2 [biomassa total /SPAD] (Normal)	30
NUpE [biomassa/SPAD] (Baixo N)	31
NUpE [biomassa/SPAD] (Normal)	32
Sem flores (NUE)	33
Sem flores (Normal)	34
Nº de Flores Seca/NUE	35
Nº de Flores Seca/Normal	36
Nº de Flores (Seca)	37
Nº de Flores NUE/Normal	38
RWC (Normal) [%]	39
RWC Seca [%]	40
RWC Seca/Normal [%]	41
RWC NUE [%]	42
RWC NUE/Normal [%]	43
SAPD 100% RWC NUE/Normal [unidade SPAD]	44
SLA [área da folha/ biomassa da planta] (Baixo N)	45
SLA [área da folha/ biomassa da planta] (Normal)	46
SPAD (Normal) [unidade SPAD]	47
SPAD 100% RWC (NUE) [unidade SPAD]	48
SPAD 100% RWC (Normal) [unidade SPAD]	49
SPAD NUE [unidade SPAD]	50
SPAD NUE/Normal [unidade SPAD]	51
Área Total da Folha [cm ²] (Baixo N)	52
Área Total da Folha [cm ²] (Normal)	53
Área Total da Folha [cm ²] (Seca)	54

Peso do agrupamento de flores (Normal) [g.]	55
Peso do agrupamento (flores) (NUE) [g.]	56
Peso do agrupamento de flores (Seca) [g.]	57
Produção/SLA (Baixo N)	58
Produção /SLA (Normal)	59
Produção / Área Total da Folha (Baixo N)	60
Produção / Área Total da Folha (Normal)	61
Peso médio de frutos vermelhos (NUE) [g.]	62
Peso médio de frutos vermelhos (Normal) [g.]	63
Peso médio de frutos vermelhos Seca [g.]	64
Peso do agrupamento de flores Seca/NUE [g.]	65
Peso do agrupamento de flores Seca/Normal [g.]	66
Peso de frutos vermelhos Seca/Normal [g.]	67

Tabela 63. São fornecidos os parâmetros correlacionados ao tomate. “g.” = gramas, “FW” = peso fresco; “NUE” = eficiência no uso do nitrogênio; “RWC” = teor relativo de água; “NUpE” = eficiência na captação de nitrogênio, “SPAD” = níveis de clorofila; “HI” = índice de colheita (peso vegetal dividido na produção); “SLA” = área específica da folha (área da folha dividida por peso seco da folha).

[00507] Produção do Fruto (gramas) - No final do experimento [quando 50% dos frutos estavam maduros (vermelhos)], todos os frutos dos lotes dentro dos blocos de A a C foram colhidos. O total de frutos foi contado e pesado. O peso médio do fruto foi calculado dividindo o peso total do fruto pelo número de frutos.

[00508] Produção/SLA e Produção/Área total da folha - A produção de frutos dividida pela área específica da folha ou a área total da folha fornece uma medida de um balanço entre os processos reprodutivos e vegetais.

[00509] Peso Fresco do Fruto (gramas) - No final do experimento [quando 50% dos frutos estavam maduros (vermelhos)], todas as plantas dos lotes dentro dos blocos de A a C foram colhidas. O peso fresco foi medido (gramas).

[00510] Peso de inflorescência (gramas) - No final do experimento [quando 50% dos frutos estavam maduros (vermelhos)], duas inflorescências dos lotes dentro dos blocos de A a C foram colhidas. O peso de inflorescência (gr.) e o número de flores por inflorescência foram contados.

[00511] SPAD - O teor de clorofila foi determinado utilizando um medidor de clorofila do tipo Minolta SPAD 502 e a medição foi realizada no momento da floração. Leituras do medidor SPAD foram feitas em folha jovem completamente desenvolvida. Três medidas foram tomadas por folha por espiga.

[00512] Eficiência no uso da água (WUE) – pode ser determinada como a biomassa produzida por transpiração de unidade. Para analisar a WUE, o teor de água relativo à folha foi medido em plantas de controle e transgênicas. O peso fresco (FW) foi imediatamente registrado; então, as folhas foram encharcadas por 8 horas em água destilada à temperatura ambiente no escuro e o peso túrgido (TW | turgid weight) foi registrado. O peso seco total (DW) foi registrado após secar as folhas a 60°C em um peso constante. O teor de água relativo (RWC) foi calculado, de acordo com a Fórmula I a seguir $[(FW - DW)/TW - DW) \times 100]$, conforme descrito acima.

[00513] As plantas que mantiveram um teor de água relativo (RWC) alto comparado às linhas de controle foram consideradas mais tolerantes à seca do que aquelas que exibiram um teor de água relativo reduzido.

Resultados Experimentais:

Tabela 64

Parâmetros medidos em acessos de Tomate sob condições de seca

ID de linha/ID de Cor.	9	12	13	15	17	35	36	37	40	41	57	64
Linha-1	1,717	2,620	1,151	0,565	0,467	0,877	2,941	16,667	72,120	0,990	0,368	0,009
Linha-2	0,344	1,092	0,732	1,415	0,483	1,219	0,336	6,500	74,510	0,974	0,407	0,195
Linha-3	0,611	1,847	1,321	1,274	0,629	1,741	2,474	15,667	65,330	1,016	0,325	0,209
Linha-4	2,630	2,221	0,756	2,876	0,347	1,564	2,652	20,333	72,220	1,077	0,288	0,005
Linha-5	1,177	2,634	1,513	4,201	2,044	1,094	1,207	11,667	66,130	1,207	0,551	0,102
Linha-6	1,365	2,708	0,705	0,550	0,250	1,520	3,040	25,333	68,330	0,880	0,311	0,002
Linha-7	4,018	3,406	5,063	0,085	0,045	4,956	5,947	29,733	78,130	1,343	0,445	0,035
Linha-8	1,010	2,108	0,891	1,030	0,453	1,083	2,080	17,333	18,460	0,278	0,555	0,006
Linha-9	0,608	1,948	0,671	1,392	0,292	0,978	1,467	14,667	73,210	1,131	0,304	0,005
Linha-10	0,640	1,763	2,171	3,280	1,017	4,944	4,238	29,667	62,500	0,831	0,315	0,005
Linha-11	0,950	1,721	0,377	0,906	0,600	0,882	1,667	15,000	67,210	1,015	0,308	0,005
Linha-12	0,510	1,923	1,273	2,618	0,494	0,795	1,292	10,333	75,760	1,199	0,311	0,012
Linha-13	1,168	2,206	0,842	0,319	0,272	2,115	3,438	18,333	62,820	1,107	8,360	0,005
Linha-14	1,938	3,731	1,512	2,484	0,679	1,286	1,500	12,000	70,690	1,966	0,288	0,006
Linha-15	0,352	0,754	0,984	0,405	0,140	1,605	2,652	20,333	55,750	0,718	0,342	0,303

ID de linha/ID de Cor.	9	12	13	15	17	35	36	37	40	41	57	64
Linha-16	1,063	1,757	1,337	1,619	0,529	1,900	1,407	12,667	75,220	0,752	0,441	0,138
Linha-17	0,208	0,626	0,384	1,763	0,554	1,357	1,188	12,667	63,680	1,008	0,268	0,040
Linha-18	0,483	1,109	0,837	1,424	0,414	1,417	1,259	11,333	62,310	0,829	0,426	0,089

Tabela 64: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da linha), sob condições de cultivo de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 65

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Tomate sob condições de seca

ID de linha/ID de Cor.	65	66	67	1	4	23	26	54
Linha-1	0,689	0,315	0,193					

Linha-2	1,110	1,190	24,373					
Linha-3	1,060	0,469	25,384					
Linha-4	0,823	0,005	0,016					
Linha-5	1,163	1,252	20,259					
Linha-6	1,250	0,028	0,036					
Linha-7	1,517	0,563	0,150					
Linha-8	1,190	0,963	0,022					
Linha-9	0,759	0,416	0,863					
Linha-10	1,039	0,378	0,737					
Linha-11	0,376	0,358	0,090					
Linha-12	0,778	0,622	1,715	0,8	0,88667	5,1504	2,55142	337,63
Linha-13	24,115	8,196	0,171	0,28	0,34667	3,38139	2,04437	130,779
Linha-14	0,673	0,411	0,024	0,38	0,62667	7,13977	4,16522	557,927
Linha-15	0,967	0,907	10,501	0,63333	2,27	5,47615	3,08653	176,671
Linha-16	0,988	0,669	27,890	2,86	7,4	8,62307	4,69436	791,863
Linha-17	0,949	0,383	11,789	1,16	2,94	6,34602	3,86722	517,049
Linha-18	0,907	1,305	9,979	4,39667	11,6	6,77153	2,9104	832,265

Tabela 65: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da linha), sob condições de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 66

Parâmetros medidos em acessos de Tomate sob condições de baixo nitrogênio

ID de linha/ID de Cor.	7	8	10	14	16	33	38	42	43	44	48
Linha-1	0,457	2,649	4,041	0,491	0,406	19,000	3,353	74,070	1,017	0,787	28,469
Linha-2	1,072	0,382	1,213	1,932	0,660	5,333	0,276	99,080	1,296	1,372	39,039
Linha-3	0,442	0,743	2,246	0,965	0,477	9,000	1,421	69,490	1,081	0,920	33,009
Linha-4	0,006	3,008	2,540	3,802	0,458	13,000	1,696	63,240	0,943	0,753	23,418
Linha-5	1,076	0,827	1,850	2,776	1,351	10,667	1,103	77,360	1,412	1,309	34,528
Linha-6	0,022	1,544	3,063	0,780	0,354	16,667	2,000	77,910	1,004	0,965	32,513
Linha-7	0,371	3,697	3,134	0,017	0,009	6,000	1,200	80,490	1,383	1,107	27,661
Linha-8	0,809	1,218	2,542	1,157	0,509	16,000	1,920	67,400	1,013	0,949	33,676
Linha-9	0,548	0,575	1,844	2,074	0,436	15,000	1,500	67,160	1,038	0,793	30,045
Linha-10	0,364	0,551	1,517	1,511	0,468	6,000	0,857	66,070	0,878	0,924	35,502
Linha-11	0,953	1,056	1,913	2,406	1,593	17,000	1,889	69,570	1,050	0,937	24,812
Linha-12	0,800	0,492	1,856	2,056	0,388	13,000	1,625	69,300	1,096	1,356	40,771
Linha-13	0,340	1,310	2,472	0,379	0,323	8,667	1,625	100,000	1,761	1,443	47,467
Linha-14	0,611	1,361	2,621	1,642	0,449	9,333	1,167	57,660	1,603	1,502	26,064
Linha-15	0,938	0,506	1,084	0,412	0,143	12,667	1,652	90,790	1,170	1,046	35,378
Linha-16	0,677	0,705	1,166	1,211	0,396	6,667	0,741	68,000	0,680	0,562	30,600
Linha-17	0,404	0,306	0,921	4,587	1,442	9,333	0,875	59,650	0,944	1,484	38,971
Linha-18	1,439	0,474	1,088	1,700	0,495	8,000	0,889	72,170	0,961	0,843	37,456

Tabela 66: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da Semente), sob condições de cultivo com baixo Nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 67

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Tomate sob condições de Baixo nitrogênio

ID de linha/ID de Cor.	50	51	56	62	2	19	21	24	27	29	31
Linha-1	38,400	0,773	0,533	0,024	0,87	0,0912	6,39865	3,46688	0,01425	0,15619	0,14195
Linha-2	39,400	1,059	0,367	0,191	3,66333	0,35231	5,92027	1,97373	0,01691	0,04799	0,03108
Linha-3	47,500	0,851	0,307	0,006	0,56667	0,1751	3,68636	1,78501	0,01444	0,08247	0,06803
Linha-4	37,000	0,797	0,350	0,005	0,37	0,15286	5,42713	2,55198	0,01957	0,12803	0,10846
Linha-5	44,600	0,925	0,473	0,096	3,40333	0,42208	6,95119	3,51776	0,03913	0,09271	0,05358
Linha-6	41,700	0,961	0,249	0,004	0,68333	0,10371	3,73374	1,73101	0,0109	0,10512	0,09422
Linha-7	34,400	0,802	0,293	0,006	0,45333	0,00283	4,38515	1,87221	0,00032	0,11364	0,11332
Linha-8	50,000	0,938	0,467	0,007	0,47333	0,16679	6,72386	3,54186	0,01511	0,0906	0,07549
Linha-9	44,700	0,764	0,400	0,006	0,54	0,19103	6,65657	3,27815	0,0145	0,07589	0,06139
Linha-10	53,700	1,051	0,303	0,013	0,39333	0,23594	4,38654	2,5225	0,01319	0,05591	0,04272
Linha-11	35,700	0,893	0,820	0,021	0,97	0,45446	3,90107	2,60788	0,06422	0,1413	0,07709
Linha-12	58,800	1,235	0,400	0,005	0,91333	0,17306	5,29057	2,61233	0,00952	0,05504	0,04551
Linha-13	47,500	0,820	0,347	0,006	0,36333	0,11548	6,31683	3,57772	0,0068	0,05888	0,05208
Linha-14	45,200	0,936	0,428	0,047	0,34667	0,14622	5,1126	2,5642	0,01722	0,11779	0,10056
Linha-15	39,000	0,894	0,353	0,357	0,56667	0,11634	4,72494	2,48302	0,00404	0,03469	0,03065
Linha-16	45,000	0,826	0,447	0,037	4,38333	0,25338	6,83245	3,43048	0,01293	0,05102	0,03809
Linha-17	65,300	1,570	0,283	0,626	2,02	0,61025	7,09701	3,29874	0,03701	0,06064	0,02364
Linha-18	51,900	0,878	0,470		8,13	0,31274	8,21338	3,68939	0,01322	0,04226	0,02904

Tabela 67: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da Semente), sob condições de cultivo com baixo Nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 68

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Tomate sob condições de Baixo nitrogênio

ID de linha/ID de Cor.	45	52	58	60	5
Linha-1	140,044	565,932	0,0029	0,00072	1,06
Linha-2	317,118	384,77	0,00208	0,00172	6,86667
Linha-3	131,293	294,827	0,00363	0,00162	0,64667
Linha-4	148,817	377,995	0,00308	0,00121	0,53
Linha-5	257,51	476,393	0,00525	0,00284	7,17333
Linha-6	64,3367	197,085	0,00551	0,0018	0,44
Linha-7	144,599	453,236	6,1E-05	2E-05	
Linha-8	246,05	625,515	0,00207	0,00081	0,55333
Linha-9	405,548	748,01	0,00107	0,00058	0,74667
Linha-10	299,316	453,962	0,00156	0,00103	0,58
Linha-11	86,1901	164,853	0,01849	0,00967	1,26667
Linha-12	182,319	338,303	0,00213	0,00115	1,34
Linha-13	160,178	395,995	0,00202	0,00082	0,52
Linha-14	90,0951	236,149	0,00498	0,0019	0,57333
Linha-15	160,99	174,585	0,00089	0,00082	0,94333
Linha-16	379,028	441,778	0,00104	0,0009	6,17
Linha-17	531,079	489,183	0,00272	0,00295	3,67333
ID de linha/ID de Cor.	45	52	58	60	5
Linha-18	650,684	707,8	0,00076	0,0007	11,325

Tabela 68: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da Semente) sob condições de cultivo com baixo Nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 69

Parâmetros medidos em acessos de Tomate sob condições normais

ID de linha/ID de Cor.	11	18	34	39	47	49	55	63	20	28
Linha-1	1,526	0,826	5,667	72,830	49,700	36,170	1,167	0,048	0,351	0,017
Linha-2	3,174	0,342	19,333	76,470	37,200	28,447	0,342	0,008	0,097	0,009
Linha-3	3,022	0,494	6,333	64,290	55,800	35,893	0,693	0,008	0,140	0,009
Linha-4	0,844	0,121	7,667	67,070	46,400	31,085	56,348	0,286	0,125	0,003
Linha-5	2,238	0,487	9,667	54,790	48,200	26,384	0,440	0,005	0,179	0,010
Linha-6	1,984	0,454	8,333	77,610	43,400	33,684	11,313	0,054	0,186	0,010
Linha-7	0,848	0,529	5,000	58,180	42,900	24,979	0,790	0,231	0,384	0,012
Linha-8	2,088	0,440	8,333	66,510	53,300	35,472	0,577	0,290	0,174	0,008
Linha-9	3,206	0,210	10,000	64,710	58,500	37,875	0,730	0,006	0,061	0,004
Linha-10	2,754	0,310	7,000	75,250	51,100	38,426	0,833	0,007	0,101	0,006
Linha-11	1,811	0,662	9,000	66,230	40,000	26,494	0,860	0,058	0,268	0,017
Linha-12	3,770	0,189	8,000	63,210	47,600	30,066	0,500	0,007	0,048	0,004
Linha-13	1,888	0,852	5,333	56,770	57,900	32,889	1,020	0,026	0,311	0,015
Linha-14	1,926	0,273	8,000	35,960	48,300	17,354	0,700	0,261	0,124	0,006
Linha-15	2,143	0,347	7,667	77,620	43,600	33,818	0,377	0,029	0,139	0,008
Linha-16	1,652	0,327	9,000	100,000	54,500	54,467	0,660	0,005	0,165	0,006
Linha-17	3,011	0,314	10,667	63,160	41,600	26,253	0,700	0,003	0,095	0,008
Linha-18	2,294	0,291	9,000	75,130	59,100	44,427	0,327	0,009	0,113	0,005

Tabela 69: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da linha), sob condições normais de cultivo. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 70

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Tomate sob condições normais

ID de linha/ID de Cor.	30	32	3	6	22	25	46	53	59	61
Linha-1	0,047	0,031								
Linha-2	0,095	0,085								
Linha-3	0,063	0,054	0,55667	0,82333	6,34284	3,69046	140,989	426,099	0,0035	0,00116
Linha-4	0,021	0,018	3,05333	2,45667	7,98803	4,76756	689,665	582,384	0,00017	0,00021
Linha-5	0,057	0,046	0,24	0,50333	5,59331	3,43357	130,22	291,403	0,00374	0,00167
Linha-6	0,056	0,046	2,57667	2,76	7,69722	4,56061	299,118	593,583	0,00152	0,00077
Linha-7	0,032	0,020	6,32333	5,31667	7,84568	4,43534	1117,74	947,594	0,00047	0,00056
Linha-8	0,047	0,039	5,75333	5,24	6,21698	3,15039	111,77	233,352	0,00394	0,00189
Linha-9	0,058	0,055	0,37667	0,61	6,1597	3,36888	106,294	340,731	0,00198	0,00062
Linha-10	0,060	0,054	0,29667	0,66	5,65211	3,13112	123,139	339,111	0,00252	0,00091
Linha-11	0,062	0,045	1,95333	2,70333	4,39488	2,39532	104,986	190,141	0,00631	0,00348
Linha-12	0,083	0,079	2,53333	0,7	4,44138	2,02436	111,88	421,789	0,00169	0,00045
Linha-13	0,047	0,033	1,42333	2,64	6,7696	3,8002	307,946	581,334	0,00277	0,00147
Linha-14	0,046	0,040	2,03	4,67	7,41586	3,7433	419,365	807,511	0,00065	0,00034
Linha-15	0,057	0,049	1,385	2,16667	6,70898	2,97523	365,812	784,056	0,00095	0,00044
Linha-16	0,036	0,030	2,27	0,49333	5,86525	3,21956	212,926	351,801	0,00153	0,00093
Linha-17	0,080	0,072	0,45	0,34333	4,16	2,08898	84,9441	255,776	0,0037	0,00123
Linha-18	0,044	0,039	0,41667	0,75333	10,2902	5,91228	469,874	1078,1	0,00062	0,00027

Tabela 70: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (ID da linha), sob condições normais de cultivo. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 71

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais e de estresse em ecotipos de tomate

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU971	0,830	5,67E-03	11	32	LNU971	0,836	5,02E-03	11	30
LNU971	0,730	1,66E-02	10	52	LNU971	0,986	1,83E-07	1	55
LNU972	0,787	1,18E-02	11	20	LNU972	0,802	9,36E-03	11	28
LNU972	0,782	2,19E-02	12	59	LNU972	0,783	2,15E-02	12	61
LNU973	0,793	6,26E-03	3	43	LNU973	0,773	2,44E-02	12	3
LNU973	0,825	3,31E-03	2	49	LNU974	0,700	2,41E-02	10	52
LNU975	0,739	1,45E-02	3	51	LNU975	0,857	3,15E-03	3	62
LNU975	0,927	1,12E-04	1	55	LNU975	0,825	3,30E-03	1	63

Tabela 71. São fornecidas as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [conjuntos de Expressão (exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de produção, biomassa, taxa de crescimento e/ou vigor (Correlação vetor (corr))] sob condições normais e sob condições de baixo nitrogênio em todos os ecotipos de tomate. P = Valor p.

[00514] Correlação dos traços do vigor em coletas de ecotipos de Tomate sob condições de Baixo nitrogênio, de 300 mM NaCl e condições normais de cultivo - Dez híbridos de tomate foram cultivados em 3 lotes repetitivos, cada um contendo 17 plantas, em uma estufa com rede sob condições semi-hidropônicas. Em suma, o protocolo de cultivo se deu conforme segue: As sementes de tomate foram semeadas em bandejas preenchidas com uma mistura de vermiculite e turfa em uma proporção de

1:1, Após a germinação, as bandejas foram transferidas para a solução de alta salinidade (300 mM NaCl, além da solução completa de Hoagland), solução de baixo nitrogênio (“baixo N”) (a quantidade do nitrogênio total foi reduzida em 90% da solução completa de Hoagland, quantidade final de 0,8 nM N), ou em solução de cultivo Normal (Completa de Hoagland, contendo solução de 8 mM N, cultivo em 28 ± 2 °C). As plantas foram cultivadas a 28 ± 2 °C.

[00515] A solução completa de Hoagland consiste em: KNO₃ - 0,808 gramas/litro, MgSO₄ - 0,12 gramas/litro, KH₂PO₄ - 0.172 gramas/litro e 0,01 % (volume/volume) de microelementos de ‘Super coratina’ (Ferro-EDDHA [etilenodiamina-N,N’-bis(ácido 2-hidroxifenilacetico)]- 40,5 gramas/Litro; Mn - 20,2 gramas/litro; Zn 10,1 gramas/litro; Co 1,5 gramas/litro; e Mo 1,1 gramas/litro), o pH da solução deve ser de 6,5 – 6,8].

[00516] Tecidos de Tomates Analisados – Todas as 10 variedades de Tomate selecionadas foram amostradas para cada tratamento. Três tecidos [folhas, meristemas e flores] foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito abaixo. Para conveniência, cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido na Tabela 72 abaixo.

Tabela 72

Conjuntos experimentais de transcriptoma de Tomate

ID do Conjunto	Conjunto de Expressão
1	Normal/folha
2	Normal/raiz
3	Baixo N/folha
4	Baixo N /raiz
5	Salinidade/folha
6	Salinidade/raiz
7	Baixo N /raiz
8	Baixo N /folha
9	Normal/raiz
10	Normal/folha
11	Salinidade/raiz
12	Salinidade/folha

Tabela 72. São fornecidos os conjuntos experimentais de transcriptoma de tomate.

[00517] Parâmetros relacionados ao vigor do Tomate - Após 5 semanas de cultivo, as plantas foram colhidas e analisadas com relação ao número de

folhas, altura da planta, níveis de clorofila (unidades SPAD), índices diferentes de eficiência no uso do nitrogênio (NUE) e biomassa da planta. A seguir, os dados analisados foram salvos como arquivos de texto e processados utilizando o software JMP de análise estatística (Instituto SAS). Os parâmetros de dados coletados são resumidos na Tabela 73 abaixo.

Tabela 73

Parâmetros correlacionados ao Tomate (vetores)

ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com
1	Folha N°. Baixo N/Normal [número]
2	Folha N°. NaCl/Normal [número]
3	Folha N°. NaCl/Baixo N [número]
4	Nível de N /Folha [unidade spad /folha]
5	NUE das raízes (Biomassa da Raiz [DW] /SPAD)
6	NUE dos brotos (Biomassa dos Brotos [DW] /SPAD)
7	NUE da biomassa total (Biomassa Total [DW] /SPAD)
8	Porcentagem de redução da Biomassa da Raiz comparada ao Normal [%]
9	Porcentagem de redução da Biomassa do Broto comparada ao Normal [%]
10	Altura da Planta Baixo N/Normal [cm]
11	Altura da Planta NaCl/Baixo N [cm]
12	Altura da Planta NaCl/Normal [cm]
13	Biomassa da Planta NaCl [cm]
14	Altura da Planta Baixo N [cm]
15	Altura da Planta NaCl [cm]
16	Altura da Planta Normal [cm]
17	Biomassa da Raiz [DW] /SPAD
18	SPAD Baixo N/Normal [unidade SPAD]
19	SPAD Baixo N [unidade SPAD]
20	SPAD Normal [unidade SPAD]
21	Biomassa do Broto [DW] /SPAD
22	Broto /Raiz
23	Biomassa Total [Raiz+ DW do Broto] /SPAD
24	Altura Normal
25	Folha N°. Baixo N
26	Folha N°. Normal
27	Folha N°. NaCl

Tabela 73. São fornecidos os parâmetros correlacionados ao tomate. “FW” = peso fresco; “cm” = centímetro. “Folha N°.” = número de folhas.

Resultados Experimentais:

[00518] 10 diferentes variedades de Tomate foram cultivadas e caracterizadas com relação aos parâmetros, conforme descrito abaixo. A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP e os valores estão resumidos nas Tabelas 74 a 77 abaixo. Uma análise de correlação subsequente foi conduzida (Tabela 78). Na sequência, os resultados foram integrados à base de dados.

Tabela 74

Parâmetros medidos em acessos de Tomate sob condições de baixo nitrogênio

ID de Cor./Linha	1	10	14	18	19	24	25	4	5
Linha-1	0,850	0,810	36,780	1,010	34,570	45,330	5,560	10,854	6,990
Linha-2	0,900	0,830	39,890	0,980	24,870	47,780	6,220	11,409	2,540
Linha-3	0,980	0,840	34,440	1,020	28,580	40,780	7,220		
Linha-4	1,090	0,850	47,000	1,000	31,580	55,330	6,780	10,438	7,040
Linha-5	0,880	0,830	46,440	0,980	29,720	56,220	5,560	11,169	5,040
Linha-6	1,020	0,930	45,440	0,980	31,830	48,670	6,560	8,929	8,010
Linha-7	0,870	0,850	47,670	0,930	30,330	55,780	5,110	7,926	15,090
Linha-8	1,060	1,050	39,330	1,050	30,290	37,440	5,890	7,993	9,020
Linha-9	0,910	0,840	41,780	1,010	31,320	49,560	5,560	10,304	8,780
Linha-10	1,120	0,880	41,000	0,990	28,770	46,330	6,330	8,585	7,250
Linha-11								11,528	7,730
Linha-12								14,491	15,940

Tabela 74. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (Linha), sob condições de cultivo de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 75

Parâmetros adicionais medidos em acessos de Tomate sob condições de Baixo nitrogênio

ID de Cor./Linha	6	7	8	9	17	21	22	23
Linha-1	35,350	58,470	62,592	75,380	0,001	0,004	5,010	0,005
Linha-2	24,090	63,750	54,158	55,112	0,000	0,003	11,393	0,003
Linha-3								
Linha-4	65,020	69,290	70,547	49,726	0,001	0,007	9,494	0,008
Linha-5	46,710	71,100	59,685	63,189	0,001	0,005	11,600	0,005
Linha-6	46,670	60,540	96,129	82,667	0,001	0,005	8,200	0,006
Linha-7	120,070	73,900	106,502	66,924	0,001	0,011	10,375	0,013
Linha-8	60,090	68,810	111,905	107,983	0,001	0,007	10,523	0,008
Linha-9	66,270	66,740	81,644	55,401	0,001	0,007	8,242	0,008
Linha-10	56,460	70,820	32,214	54,433	0,001	0,007	7,967	0,008
Linha-11	38,350	69,700	143,714	62,155	0,001	0,004	6,414	0,005
Linha-12	60,320	49,720	87,471	59,746	0,001	0,006	3,909	0,007

Tabela 75. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (Linha), sob condições de cultivo de baixo nitrogênio. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 76

Parâmetros medidos em acessos de Tomate sob condições normais

ID de Cor./Linha	16	20	26	4	5	6	7	17	21	22	23
Linha-1	45,330	34,300	6,560	9,293	1,120	4,690	7,470	0,001	0,005	5,400	0,006
Linha-2	47,780	25,310	6,890	8,868	0,470	4,370	8,630	0,001	0,005	10,021	0,006
Linha-3	40,780	28,120	7,330								
Linha-4	55,330	31,430	6,220	8,433	1,000	13,080	8,850	0,001	0,014	15,417	0,015
Linha-5	56,220	30,240	6,330	9,827	0,840	7,390	7,220	0,001	0,008	8,833	0,009
Linha-6	48,670	32,430	6,440	8,573	0,830	5,650	7,870	0,001	0,005	7,519	0,006
Linha-7	55,780	32,580	5,890	6,567	0,940	17,940	9,090	0,001	0,017	12,611	0,019
Linha-8	37,440	28,770	5,560	6,968	0,810	5,560	7,910	0,001	0,007	7,989	0,008
Linha-9	49,560	30,920	6,110	8,710	1,080	11,960	8,550	0,001	0,011	14,306	0,012
Linha-10	46,330	28,990	5,670	7,348	2,250	10,370	8,680	0,003	0,012	4,797	0,014
Linha-11				10,181	0,540	6,170	9,100	0,001	0,006	12,650	0,007
Linha-12				9,370	1,820	10,100	6,240	0,002	0,009	6,294	0,011

Tabela 76. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (Linha), sob condições normais de cultivo. As condições de cultivo são especificadas na

seção de procedimento experimental.

Tabela 77

Parâmetros medidos em acessos de Tomate sob condições de salinidade

ID de Cor/Linha	2	3	11	12	13	15	27	4	21	17	23
Linha-1	0,540	0,640	0,150	0,120	0,360	5,600	3,560	11,400	0,001	0,000	0,001
Linha-2	0,570	0,630	0,160	0,140	0,440	6,460	3,940	11,639	0,001	0,000	0,001
Linha-3	0,680	0,690	0,250	0,210	0,260	8,470	5,000				
Linha-4	0,640	0,590	0,180	0,150	0,710	8,560	4,000	10,788	0,001	0,000	0,001
Linha-5	0,560	0,640	0,190	0,160	0,460	8,870	3,560	10,776	0,002	0,000	0,002
Linha-6	0,680	0,670	0,170	0,160	0,540	7,560	4,390	6,952	0,001	0,000	0,001
Linha-7	0,540	0,620	0,180	0,150	0,660	8,640	3,170	9,213	0,001	0,000	0,001
Linha-8	0,670	0,630	0,140	0,150	0,400	5,570	3,720	8,538	0,001	0,000	0,001
Linha-9	0,650	0,720	0,140	0,120	0,520	5,820	4,000	10,370	0,001	0,000	0,001
Linha-10	0,750	0,680	0,230	0,200	0,450	9,360	4,280	8,840	0,001		
Linha-11								10,434	0,001	0,000	0,001
Linha-12								12,429	0,001	0,000	0,001

Tabela 77. São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Tomate (Linha), sob condições de cultivo de salinidade. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 78

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais e de estresse em ecotipos de tomate

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU971	0,729	4,01E-02	4	10	LNU971	0,878	1,86E-03	4	9
LNU971	0,845	4,12E-03	6	21	LNU971	0,786	2,07E-02	6	23
LNU971	0,736	2,38E-02	3	8	LNU971	0,736	2,39E-02	8	8
LNU972	0,843	4,32E-03	6	21	LNU972	0,798	1,76E-02	6	23
LNU972	0,817	7,24E-03	3	8	LNU973	0,808	1,52E-02	3	10
LNU973	0,716	2,99E-02	3	9	LNU974	0,738	3,65E-02	1	20
LNU974	0,724	2,73E-02	4	4	LNU974	0,757	2,97E-02	4	1
LNU974	0,730	2,56E-02	3	8	LNU974	0,715	3,05E-02	7	4
LNU974	0,737	2,34E-02	8	8	LNU975	0,729	2,57E-02	9	4
LNU975	0,773	1,45E-02	4	4	LNU975	0,736	2,36E-02	3	8
LNU975	0,729	2,58E-02	2	4	LNU975	0,839	9,17E-03	2	26
Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU975	0,778	1,36E-02	7	4					

Tabela 78. São fornecidas as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [conjuntos de Expressão (exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de produção, biomassa, taxa de crescimento e/ou vigor (Correlação vetor (Corr))] sob condições normais e sob condições de baixo nitrogênio em todos os ecotipos de tomate. P = Valor p.

EXEMPLO 10

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE MILHO E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE QUANDO CULTIVADO SOB CONDIÇÕES NORMAIS E CONDIÇÕES DE DESFOLHAMENTO UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE MILHO DE 60K

[00519] A fim de produzir uma análise de correlação de alta produtividade, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de

oligonucleotídeo de milho, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto) com/Scripts/PDS (ponto) asp?!Page=50879]. O arranjo de oligonucleotídeo representa cerca de 60K de genes e transcrições de Milho, projetado com base nos dados das bases de dados públicos (Exemplo 1). A fim de definir a correlação entre os níveis de expressão do RNA e os parâmetros relacionados ao vigor ou componentes de biomassa e produção, várias características da planta de 13 diferentes variedades de Milho foram analisadas sob condições normais e tratamento de desfolhamento. Algumas variedades foram sujeitas à análise de expressão de RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

Procedimentos Experimentais:

[00520] 13 linhas de variedades de milho foram cultivadas em 6 lotes repetitivos, em campo. As sementes de Milho foram plantadas e as plantas foram cultivadas em campo, utilizando fertilização comercial e protocolos de irrigação. Após a acetinação, 3 lotes em todas as linhas de variedades foram submetidos ao tratamento de desfolhamento. Neste tratamento, todas as folhas acima da espiga foram removidas. Depois do tratamento, todas as plantas foram cultivadas de acordo com os mesmos protocolos de fertilização comercial e irrigação.

[00521] Três tecidos em estágio de desenvolvimento de floração (R1), incluindo folha (floração - R1), caule (floração - R1), e meristema de floração (floração - R1), representando diferentes características da planta, foram amostrados de plantas tratadas e não tratadas. O RNA foi extraído, conforme descrito em “MÉTODOS GERAIS EXPERIMENTAIS E DE BIOINFORMÁTICA”. Para conveniência, cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido nas Tabelas 79 a 80 abaixo.

Tabela 79

Tecidos utilizados para conjuntos de expressão de transcriptoma de Milho (sob condições normais)

Conjunto de Expressão	ID do Conjunto
Meristema fêmea/Normal	1
Folha/Normal	2
Caule/Normal	3

Tabela 79: São fornecidos os números de identificação (ID) de cada conjunto de expressão de Milho.

Tabela 80

Tecidos usados para conjuntos de expressão de transcriptoma de Milho (sob condições de desfolhamento)

Conjunto de Expressão	ID do Conjunto
Meristema fêmea/Desfolhamento	1
Folha/ Desfolhamento	2
Caule/ Desfolhamento	3

Tabela 80: São fornecidos os números de identificação (ID) de cada conjunto de expressão de Milho.

[00522] Os parâmetros a seguir foram coletados por formação de imagem.

[00523] O sistema de processamento de imagem utilizado consiste em um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 Ghz) e um programa de domínio público – ImageJ 1.37 (Programa de processamento de imagem com base em Java), desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos e está livremente disponível na internet em [rsbweb \(ponto\) nih \(ponto\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/). As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888x2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG (padrão do Grupo Conjunto de 5 Especialistas em Fotografia) de baixa compressão. Em seguida, os dados analisados foram salvos em arquivos de texto e processados utilizando o software de análise estatística JMP (instituto SAS).

[00524] Peso de 1000 Grãos - No final do experimento, todas as sementes de todos os lotes foram colhidas e pesadas e o peso de 1000 foi calculado.

[00525] Área da Espiga (cm²)- No final do período de cultivo, 5 espigas foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área da Espiga foi

medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de espigas.

[00526] Comprimento da Espiga e Largura da Espiga (cm) - No final do período de cultivo, foram fotografadas 6 espigas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. O comprimento e a largura das espigas (eixo mais longo) foram medidos a partir dessas imagens e divididos pelo número de espigas.

[00527] Área do Grão (cm²) - No final do período de cultivo, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área de grão foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00528] Comprimento do Grão e Largura do Grão (cm) - No final do período de cultivo, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma dos comprimentos /ou a largura dos grãos (eixo mais longo) foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00529] Perímetro do Grão (cm) - No final do período de cultivo, os grãos foram separados da espiga. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma do perímetro dos grãos foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00530] Área preenchida por grãos da espiga (cm²)

[00531] -No final do período de cultivo, 5 espigas foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área da espiga preenchida com núcleos foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de Espigas.

[00532] Preenchido por Toda a Espiga [%] - foi calculado como o comprimento da espiga com grãos fora da espiga total.

[00533] Parâmetros adicionais foram coletados por amostragem de 6 plantas por lote ou medindo o parâmetro em todas as plantas dentro do lote.

[00534] Largura do Sabugo [cm] - O diâmetro do sabugo sem os grãos foi medido utilizando uma régua.

[00535] Peso médio da Espiga (Kg.) - No final do experimento (quando as espigas foram colhidas), o total e 6 espigas selecionadas por lote foram colhidos. As espigas foram pesadas e a média de espigas por planta foi calculada. O peso médio da espiga foi normalizado utilizando a umidade relativa como sendo de 0%.

[00536] Peso da planta e altura da espiga - As plantas foram caracterizadas com relação à altura no momento da colheita. Em cada medida, 6 plantas foram medidas com relação à altura utilizando uma fita métrica. A altura foi medida a partir do nível do solo até o topo da planta abaixo da borla. A altura das espigas foi medida do nível do chão até o local onde estava localizada a espiga principal.

[00537] Num de fileiras da espiga - O número de fileiras por espiga foi contado.

[00538] Peso fresco da espiga por planta (GF) - Durante o período de preenchimento do grão (GF | grain filling), o total e 6 espigas selecionadas por lote foram colhidos. As espigas foram pesadas e o peso médio da espiga por planta foi calculado.

[00539] Peso seco da Espiga - No final do experimento (quando as espigas foram colhidas), o total e 6 espigas selecionadas por lote foram colhidos e pesados. O peso médio da espiga foi normalizado utilizando a umidade relativa como sendo de 0%.

[00540] Peso fresco da Espiga - No final do experimento (quando as espigas foram colhidas), o total e 6 espigas selecionadas por lote foram colhidos e pesados.

[00541] Espigas por planta - o número de espigas por planta foi

contado.

[00542] Peso dos Grãos (Kg.) - No final do experimento, todas as espigas foram colhidas. Espigas de 6 plantas de cada lote foram separadamente debulhadas e os grãos foram pesados.

[00543] Peso seco dos grãos (Kg.) - No final do experimento, todas as espigas foram colhidas. Espigas de 6 plantas de cada lote foram separadamente debulhadas e os grãos foram pesados. O peso do grão foi normalizado utilizando a umidade relativa como sendo de 0%.

[00544] Peso do Grão por espiga (Kg.) - No final do experimento, todas as espigas foram colhidas. 5 espigas de cada lote foram debulhadas separadamente e os grãos foram pesados. O peso médio de grãos por espiga foi calculado dividindo-se o peso total de grãos pelo número de espigas.

[00545] Área das folhas por planta (GF) e (HD) [LAI] = Área total da folha de 6 plantas em um lote; seu parâmetro foi medido em dois pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD | heading) e durante o período de preenchimento do grão (GF). A medição foi realizada utilizando um medidor de área da folha em dois pontos de tempo no curso do experimento; durante o período de preenchimento dos grãos e no estágio de florescimento (VT).

[00546] Peso fresco das folhas (GF) e (HD) - Este parâmetro foi medido em dois pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD) e durante o período de preenchimento dos grãos (GF). As folhas utilizadas para a medição do LAI foram pesadas.

[00547] Peso fresco do caule inferior (GF) (HD) e (H) - Este parâmetro foi medido em três pontos de tempo durante o curso do experimento: no estágio de florescimento (HD), durante o período de preenchimento dos grãos (GF) e na colheita (H). Os entrenós inferiores de, pelo menos, 4 plantas por lote foram separados da planta e pesados. O peso médio do entrenó por planta foi calculado dividindo-se o peso total do grão pelo número de plantas.

[00548] Comprimento do caule inferior (GF) (HD) e (H) - Este parâmetro foi medido em três pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD), durante o período de preenchimento dos grãos (GF) e na colheita (H). Os entrenós inferiores de, pelo menos, 4 plantas por lote foram separados da planta e seus comprimentos foram medidos utilizando uma regra. O comprimento médio dos entrenós por planta foi calculado dividindo-se o peso total do grão pelo número de plantas.

[00549] Largura do caule inferior (GF) (HD) e (H)- Este parâmetro foi medido em três pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD), durante o período de preenchimento dos grãos (GF) e na colheita (H). Os entrenós inferiores de, pelo menos, 4 plantas por lote foram separados da planta e seus diâmetros foram medidos utilizando um calibre. A largura média dos entrenós por planta foi calculada dividindo-se o peso total do grão pelo número de plantas.

[00550] Crescimento da altura da planta: a taxa de crescimento relativa (RGR) da Altura da Planta foi calculada utilizando a Fórmula III acima.

[00551] SPAD - O teor de clorofila foi determinado utilizando um medidor de clorofila do tipo Minolta SPAD 502 e a medição foi realizada 64 dias após a semeadura. Leituras do medidor SPAD foram feitas em folha jovem completamente desenvolvida. Três medidas foram tomadas por folha por espiga. Os dados foram coletados depois de 46 e 54 dias depois da semeadura (DPS|dias after sowing)

[00552] Peso fresco do caule (GF) e (HD) - Este parâmetro foi medido em dois pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD) e durante o período de preenchimento dos grãos (GF). Os caules das plantas usados para a medição do LAI foram pesados.

[00553] A matéria seca total foi calculada utilizando a Fórmula XXXV.

[00554] Peso fresco do caule superior (GF) (HD) e (H) - Este

parâmetro foi medido em três pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD), durante o período de preenchimento dos grãos (GF) e na colheita (H). Os entrenós superiores de, pelo menos, 4 plantas por lote foram separados da planta e pesados. O peso médio dos entrenós por planta foi calculado dividindo-se o peso total do grão pelo número de plantas.

[00555] Altura do caule superior (GF) (HD) e (H)

[00556] - Este parâmetro foi medido em três pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD), durante o período de preenchimento dos grãos (GF) e na colheita (H). Os entrenós superiores de pelo menos 4 plantas por lote foram separados da planta e seus comprimentos foram medidos por uma régua. O comprimento médio dos entrenós por planta foi calculado dividindo-se o peso total do grão pelo número de plantas.

[00557] Largura do caule superior (GF) (HD) e (H) (mm) - Este parâmetro foi medido em três pontos de tempo durante o curso do experimento; no estágio de florescimento (HD), durante o período de preenchimento dos grãos (GF) e na colheita (H). Os entrenós superiores de, pelo menos, 4 plantas por lote foram separados da planta e seus diâmetros foram medidos utilizando um calibre. A largura média dos entrenós por planta foi calculada dividindo-se o peso total do grão pelo número de plantas.

[00558] Peso seco vegetal (Kg.)- Peso total da parte vegetal acima do solo (excluindo raízes) após secagem a 70°C no forno por 48 horas; peso por número de plantas.

[00559] Peso fresco vegetal (Kg.)- Peso total da parte vegetal de 6 plantas (acima do solo, excluindo as raízes).

[00560] Número de nós - Os nós no caule foram contados no estágio de florescimento do desenvolvimento da planta.

Tabela 81

Parâmetros correlacionados ao Milho (vetores) sob condições normais e sob

condições de desfolhamento

Condições normais		Desfolhamento	
Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Peso de 1000 grãos [g]	1	Peso de 1000 grãos [g]	1
Largura do Sabugo [mm]	2	Largura do Sabugo [mm]	2
Área da Espiga [cm ²]	3	Área da Espiga [cm ²]	3
Área Preenchida por Grãos da Espiga [cm ²]	4	Área Preenchida por Grãos da Espiga [cm ²]	4
Largura da Espiga [cm]	5	Largura da Espiga [cm]	5
Peso Médio da Espiga [g]	6	Peso Médio da Espiga [g]	6
Altura da Espiga [cm]	7	Altura da Espiga [cm]	7
Comprimento da Espiga (de feret) [cm]	8	Comprimento da Espiga (de feret) [cm]	8
Nº de fileiras Espiga	9	Nº de fileiras Espiga	9
FW das Espigas por planta (GF) [g/planta]	10	Peso seco das Espigas (SP) [g/planta]	10
Peso seco das Espigas (SP) [kg]	11	Peso fresco das Espigas (SP) [kg]	11
Peso fresco das Espigas (SP) [kg]	12	Espigas por planta (SP) [g/planta]	12
Espigas por planta (SP) [g/planta]	13	Preenchido / Toda a Espiga [valor]	13
Preenchido / Toda a Espiga [valor]	14	Perímetro do Grão [cm]	14
Perímetro do Grão [cm]	15	RH do Grão [%]	15
RH do Grão [%]	16	Área do Grão [cm ²]	16
Área do Grão [cm ²]	17	Comprimento do Grão [cm]	17
Comprimento do Grão [cm]	18	Largura do Grão [cm]	18
Largura do Grão [cm]	19	Peso seco do Grão (SP) [kg]	19
Peso seco do Grão (SP) [kg]	20	Peso dos Grãos (SP) [kg]	20
Peso dos Grãos (SP) [kg]	21	Peso dos Grãos por Espiga (SP) [kg]	21
Peso dos Grãos por Espiga (SP) [kg]	22	FW das Folhas (hd) [g]	22
FW das Folhas (GF) [g]	23	Área das folhas PP (hd) [cm ²]	23
FW das Folhas (hd) [g]	24	Nº de folhas (LAI) (hd)	24
Área das folhas PP (GF) [cm ²]	25	Nº de folhas 1	25
Área das folhas PP (hd) [cm ²]	26	Temperatura das folhas (GF)	26
Nº de folhas (LAI) (hd)	27	FW do Caule Inferior (h) [g]	27
Nº de folhas 1	28	FW do Caule Inferior (hd) [g]	28
Temperatura das folhas (GF)	29	Comprimento do Caule Inferior (h) [cm]	29
FW do Caule Inferior (GF) [g]	30	Comprimento do Caule Inferior (hd) [cm]	30
FW do Caule Inferior (h) [g]	31	Largura do Caule Inferior (h) [mm]	31
FW do Caule Inferior (hd) [g]	32	Largura do Caule Inferior (hd) [mm]	32
Condições normais		Desfolhamento	
Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação	Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Comprimento do Caule Inferior (GF) [cm]	33	Número de nós	33
Comprimento do Caule Inferior (h) [cm]	34	Nº de dias até o Florescimento (campo)	34
Comprimento do Caule Inferior (hd) [cm]	35	Altura da planta [cm]	35
Largura do Caule Inferior (GF) [cm]	36	Crescimento da altura da planta [cm/dia]	36
Largura do Caule Inferior (h) [mm]	37	SPAD (GF) [valor]	37
Largura do Caule Inferior (hd) [mm]	38	FW do Caule (hd) [mm]	38
Número de nós	39	Matéria seca total (SP) [kg]	39
Nº de dias até o Florescimento (campo)	40	FW do Caule Superior (h) [g]	40
Altura da planta [cm]	41	Comprimento do Caule Superior (h) [cm]	41
Crescimento da altura da planta [cm/dia]	42	Largura do Caule Superior (h) [mm]	42
SPAD (GF) [valor]	43	DW Vegetal (SP) [kg]	43
FW do Caule (GF) [g]	44	FW Vegetal (SP) [kg]	44
FW do Caule (hd) [g]	45		
Matéria seca total (SP) [kg]	46		
FW do Caule Superior (GF) [g]	47		
FW do Caule Superior (h) [g]	48		
Comprimento do Caule Superior (GF) [cm]	49		
Comprimento do Caule Superior (h) [cm]	50		
Largura do Caule Superior (GF) [mm]	51		
Largura do Caule Superior (h) [mm]	52		
DW Vegetal (SP) [kg]	53		
FW Vegetal (SP) [kg]	54		

Tabela 81. São fornecidos os parâmetros correlacionados ao milho. “NUE” = eficiência no uso do nitrogênio; “DW” = peso seco; “cm” = centímetro, “GF” = preenchimento do grão, “PP” = por planta, “h”= colheita, “méd.” = média, “Nº” = número. “mm” = milímetro; “g” = gramas; “kg” = quilogramas; “cm” = centímetros.

[00561] Treze variedades de milho foram cultivadas e caracterizadas com relação aos parâmetros, conforme descrito abaixo. A média para cada um dos parâmetros foi calculada utilizando o software JMP e os valores estão resumidos nas Tabelas 82 a 85 abaixo. Uma correlação subsequente entre os

vários conjuntos de transcriptoma para todos os conjuntos ou subconjuntos de linhas foi feita pela unidade de bioinformática e os resultados foram integrados à base de dados (Tabelas 86 a 87 abaixo).

Tabela 82

Parâmetros medidos em variedades de Milho sob condições normais

Ecotipo/Tratamento	Linha-1	Linha-2	Linha-3	Linha-4	Linha-5	Linha-6
1	241,091	296,503	232,402	263,250	305,376	303,614
2	23,427	24,633	22,149	25,106	24,714	23,207
3	47,516	82,296	36,009	74,626	61,731	76,997
4	46,808	80,887	17,431	72,415	56,829	73,430
5	4,249	4,656	3,210	4,787	5,016	4,961
Ecotipo/Tratamento	Linha-1	Linha-2	Linha-3	Linha-4	Linha-5	Linha-6
6	22,854	209,500	55,556	164,627	132,917	177,444
7	71,139	121,667	110,611	134,235	89,333	149,639
8	13,937	22,091	13,897	19,622	16,062	20,024
9	11,778	13,000	13,750	14,944	15,471	14,556
10	228,743	351,262	201,689	323,077	217,161	307,874
11	0,615	1,257	0,333	1,087	0,798	1,065
12	0,688	1,687	0,468	1,457	1,072	1,412
13	1,667	1,000	1,000	1,111	1,000	1,000
14	0,985	0,982	0,406	0,969	0,919	0,953
15	3,146	3,299	2,793	3,233	3,318	3,275
16	12,700	12,500	12,367	12,367	12,233	11,967
17	0,652	0,720	0,517	0,667	0,705	0,706
18	1,058	1,125	0,895	1,123	1,155	1,133
19	0,783	0,808	0,734	0,753	0,776	0,789
20	0,415	0,907	0,121	0,800	0,367	0,766
21	0,475	1,037	0,138	0,913	0,418	0,869
22	0,069	0,151	0,020	0,133	0,061	0,128
23	137,328	230,129	141,263	197,636	154,760	201,031
24	96,392	110,968	103,967	80,570	119,360	157,210
25	4186,917	7034,596	4884,333	6402,795	4297,250	6353,074
26	4341,250	3171,000	4347,500	3527,000	4517,333	3984,750
27	9,000	8,000	8,833	6,750	8,500	7,750
28	4,333	4,833	3,917	4,167	4,000	4,833
29	32,294	33,111	35,214	33,517	34,526	33,869
30	29,703	35,403	15,660	25,025	23,986	26,514
31	33,690	23,517	21,746	20,340	23,466	25,083
32	38,818	72,988	36,998	59,900	32,614	74,715
33	13,417	19,350	15,833	20,400	16,342	20,925
34	12,484	16,761	16,094	20,022	15,006	22,594
35	9,417	14,500	14,133	17,750	11,083	20,000
36	20,208	19,855	15,904	16,841	15,593	16,139
37	21,518	19,423	15,819	17,188	17,028	16,086
38	23,494	24,138	20,247	20,533	20,812	20,973
39	14,667	15,222	13,778	14,556	13,667	14,611
40	74,000	69,667	74,000	71,000	74,000	69,667
41	173,389	265,111	203,556	255,944	177,444	271,111
42	4,030	6,302	4,153	6,519	4,358	7,144
43	60,952	59,772	48,589	53,170	57,919	53,206
44	447,155	649,026	347,648	489,318	404,783	524,055
45	468,300	758,610	392,713	587,875	437,855	801,320
46	1,615	2,565	1,411	2,058	1,835	2,316
47	14,369	19,614	8,862	15,539	13,003	17,824
48	10,441	12,937	8,003	11,212	10,438	12,975
49	11,792	16,633	13,917	18,755	13,217	18,375
50	10,422	16,928	13,683	18,756	12,306	18,717

Tabela 82.

Tabela 83

Parâmetros medidos em variedades de Milho sob condições normais, linhas adicionais de milho.

Ecótipo/Tratamento	Linha-14	Linha-15	Linha-16	Linha-17	Linha-18	Linha-19	Linha-20
1	290,881	202,573	250,257	275,409	306,201	256,858	187,316
2	23,184	25,919	24,876	22,751	26,468	21,662	24,046
3	78,355	51,175	93,914	57,832	96,772	64,428	55,077
4	74,411	45,927	92,312	54,139	95,429	61,811	51,437
5	4,786	4,368	5,182	4,430	5,001	4,091	4,264
Ecótipo/Tratamento	Linha-14	Linha-15	Linha-16	Linha-17	Linha-18	Linha-19	Linha-20
6	147,490	101,917	207,111	100,476	228,444	129,889	84,805
7	118,389	117,889	145,235	99,222	133,778	81,444	125,000
8	20,313	14,750	22,601	16,653	23,837	19,849	16,955
9	16,118	15,944	15,889	13,545	14,000	12,667	17,941
10	325,083	244,997	327,145	241,060	363,704	262,126	146,149
11	1,159	0,612	1,292	0,632	1,371	0,779	0,690
12	1,800	0,704	1,595	0,865	1,739	1,213	0,861
13	1,000	1,000	1,056	1,056	1,000	1,000	0,944
14	0,930	0,889	0,982	0,934	0,986	0,955	0,934
15	3,246	2,860	3,182	3,082	3,291	2,946	2,810
16	12,600	12,033	12,233	11,200	11,967	13,133	11,667
17	0,665	0,526	0,646	0,627	0,705	0,587	0,495
18	1,142	0,992	1,118	1,041	1,151	0,969	0,962
19	0,740	0,672	0,730	0,763	0,774	0,767	0,653
20	0,820	0,362	0,921	0,419	1,017	0,516	0,408
21	0,940	0,411	1,050	0,471	1,155	0,595	0,462
22	0,137	0,064	0,154	0,073	0,169	0,086	0,073
23	212,413	137,330	181,432	133,844	199,221	155,821	140,336
24	116,750	96,150	106,945	107,158	85,973	98,842	134,450
25	7123,475	4162,750	6075,206	4339,788	6597,666	4756,583	4209,091
26						4205,500	
27	7,000	8,667	7,250	7,833	7,250	9,000	9,833
28	4,250	3,833	4,833	3,333	4,083	3,833	4,167
29	33,185	34,815	33,659	36,480	33,781	34,431	34,898
30	27,606	24,589	25,264	24,006	26,178	21,142	29,925
31	20,603	15,197	16,347	19,856	18,901	22,333	31,712
32	60,358	50,068	63,067	46,065	55,885	29,802	68,184
33	18,083	17,700	20,182	15,475	19,808	16,042	23,075
34	17,072	18,267	20,694	14,622	18,478	16,206	21,117
35	15,000	12,333	18,675	14,633	20,500	11,240	18,333
36	18,105	16,705	17,094	15,435	16,868	15,521	14,653
37	17,962	15,953	18,421	16,266	17,434	15,489	16,656
38	23,473	21,292	20,973	20,593	21,458	18,966	22,008
39	14,278	13,889	14,722	14,444	15,444	12,556	13,389
40	72,000	74,000	69,667	74,000	71,000	74,000	68,333
41	244,250	215,206	273,556	229,889	273,222	194,056	260,167
42	5,603	4,686	6,960	4,424	7,017	4,298	6,424
43	55,376	56,450	56,759	54,600	55,812	52,548	61,457
44	507,783	475,345	549,336	463,157	509,738	324,976	477,917
45	660,695	468,267	724,575	435,500	618,460	339,267	592,130
46	2,233	1,347	2,727	1,503	2,331	1,560	1,615
47	15,849	12,442	14,395	16,773	17,848	13,457	20,847
48	9,723	3,074	6,981	9,759	9,396	11,344	16,205
49	17,067	14,467	17,518	17,542	18,150	15,625	20,150
50	16,417	12,094	18,339	15,622	16,628	16,572	18,494

Tabela 83.

Tabela 84

Parâmetros medidos em variedades de Milho sob desfolhamento

Ecótipo/Tratamento	Linha-2	Linha-3	Linha-4	Linha-5	Linha-6	Linha-7
1	280,025	249,808	251,859	244,024	294,292	262,463
2	19,028	21,874	22,115	19,269	16,306	21,460
3	53,600	NA	45,503	25,764	38,307	37,749
4	51,497	NA	42,952	21,912	34,591	36,008
5	4,181	NA	4,207	3,376	3,919	3,945
6	89,202	56,056	100,750	26,773	73,389	79,167
7	119,444	102,778	131,556	91,375	145,528	121,000
8	16,338	NA	13,626	10,542	12,889	12,481
9	12,706	13,909	14,357	13,600	13,000	13,167
10	0,747	0,317	0,583	0,189	0,440	0,475

11	0,973	0,464	0,833	0,250	0,629	0,637
12	1,000	0,944	0,944	0,471	1,000	1,000
13	0,954	NA	0,915	0,820	0,873	0,951
14	3,109	2,936	3,144	2,894	3,179	2,919
15	13,467	12,767	12,367	13,200	12,833	12,400
16	0,649	0,562	0,632	0,563	0,669	0,570
17	1,052	0,947	1,080	0,957	1,079	0,956
18	0,777	0,753	0,740	0,729	0,781	0,757
19	0,523	0,155	0,400	0,087	0,289	0,283
20	0,604	0,178	0,456	0,097	0,331	0,323
21	0,087	0,027	0,069	0,021	0,048	0,047
22	112,270	78,475	94,985	107,475	125,138	93,500
23	3914,000	NA	3480,000	NA	4276,500	NA
24	7,750	8,000	7,500	8,667	8,000	8,167
25	4,500	3,917	4,083	4,917	4,333	4,583
26	32,472	34,626	33,093	34,456	33,637	32,433
27	23,021	18,392	26,502	19,689	26,975	14,456
28	64,160	30,778	53,813	28,248	56,413	47,118
29	16,294	15,306	21,439	14,294	20,850	14,056
30	15,150	12,250	18,500	9,133	16,667	14,917
31	19,539	15,813	16,899	15,916	15,793	15,517
32	24,300	18,868	20,565	21,737	21,058	22,490
33	15,167	13,167	14,389	13,294	15,000	13,833
34	72,000	78,000	73,000	74,000	73,000	74,000
35	251,417	191,000	248,639	175,500	268,056	203,444
36	6,385	3,787	6,319	4,232	6,315	4,214
37	61,213	47,106	57,363	55,451	58,022	58,156
38	713,540	323,125	538,043	442,733	705,525	421,642

Tabela 84.

Tabela 85

Parâmetros medidos em variedades de Milho sob desfolhamento, linhas adicionais de milho

Ecoltipo / Tratamento	Linha-14	Linha-15	Linha-16	Linha-17	Linha-18	Linha-19	Linha-20
1	230,119	200,087	271,250	236,886	259,427	218,764	203,643
2	19,768	23,640	22,441	20,880	20,283	20,871	21,198
3	39,827	32,330	47,329	21,782	65,896	37,337	63,114
4	36,313	25,193	43,339	20,167	64,803	34,644	54,962
5	4,099	3,520	4,202	2,743	4,664	3,532	4,562
6	85,044	53,044	33,100	92,167	161,761	66,500	89,497
7	123,375	112,722	135,000	96,000	136,500	73,500	113,944
8	13,214	11,957	14,818	10,472	17,602	13,734	17,210
9	14,063	15,125	13,750	12,333	13,938	12,471	18,000
10	0,454	0,300	0,630	0,128	0,803	0,399	0,478
11	0,648	0,371	0,819	0,136	1,148	0,739	0,599
12	0,889	0,944	1,000	0,222	0,882	1,000	0,944
13	0,905	0,709	0,905	0,933	0,983	0,918	0,757
14	3,130	2,558	3,016	2,810	3,117	2,767	2,934
15	12,567	13,000	13,150	12,800	13,150	12,967	11,700
16	0,631	0,442	0,610	0,528	0,623	0,513	0,543
17	1,066	0,826	1,024	0,932	1,084	0,927	1,020
18	0,750	0,672	0,750	0,716	0,724	0,699	0,670
19	0,302	0,143	0,439	0,044	0,667	0,255	0,359
20	0,345	0,165	0,505	0,050	0,767	0,293	0,406
21	0,056	0,025	0,073	0,026	0,124	0,043	0,076
22	113,783	93,190	93,738	94,367	89,858	91,600	122,070
23	3436,000	NA	4593,000	NA	4315,500	NA	NA
24	6,750	8,800	7,500	7,833	6,250	8,500	9,400

Ecotipo / Tratamento	Linha-14	Linha-15	Linha-16	Linha-17	Linha-18	Linha-19	Linha-20
25	4,417	4,667	4,500	4,000	4,083	4,333	4,167
26	33,433	32,831	33,424	33,020	33,981	31,871	33,320
27	27,885	17,561	17,329	17,691	20,510	23,057	34,332
28	64,188	48,835	76,233	45,857	57,850	27,597	59,030
29	18,759	17,972	20,883	13,228	17,828	14,911	20,122
30	16,100	12,917	14,833	12,917	17,500	10,667	17,200
31	18,215	17,289	17,233	16,176	17,882	15,890	18,708
32	20,955	22,352	22,470	20,057	21,230	18,472	20,590
33	14,389	13,667	14,667	14,222	15,611	12,333	13,111
34	71,000	74,000	70,667	74,000	71,000	75,333	72,000
35	254,639	210,222	261,944	215,889	268,878	181,722	251,000
36	6,482	4,912	6,282	4,450	7,044	3,711	5,808
37	59,654	58,322	59,985	54,907	56,761	50,606	60,657
38	673,238	485,700	738,368	392,267	692,225	327,840	539,167

Tabela 85.

[00562] As Tabelas 86 e 87 abaixo fornecem as correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes que melhoram a produção e seus homólogos em vários tecidos [conjuntos de Expressão (exp.)] e o desempenho fenotípico [componentes de produção, biomassa, taxa de crescimento e/ou vigor (Correlação vetor (corr))] sob condições normais e condições de desfolhamento em variedades de milho. P = Valor p .

Tabela 86

Correlação entre o nível de expressão dos genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais em variedades de milho

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU814	0,711	1,41E-02	3	26	LNU824	0,727	3,85E-05	3	50
LNU824	0,843	1,24E-07	3	12	LNU824	0,720	4,95E-05	3	6
LNU824	0,770	6,81E-06	3	20	LNU824	0,779	4,47E-06	3	11
LNU824	0,775	5,45E-06	3	21	LNU824	0,752	1,44E-05	3	25
LNU824	0,701	9,54E-05	3	10	LNU824	0,754	1,34E-05	3	22
LNU824	0,776	1,35E-05	2	50	LNU824	0,704	1,76E-04	2	23
LNU824	0,743	4,96E-05	2	12	LNU824	0,708	1,56E-04	2	11
LNU832	0,766	1,60E-02	2	26	LNU813	0,722	1,21E-02	2	49
LNU813	0,738	6,14E-03	3	13	LNU814	0,700	1,12E-02	3	32
LNU813	0,719	1,26E-02	2	48	LNU815	0,835	7,34E-04	1	36
LNU814	0,729	1,10E-02	1	5	LNU815	0,732	6,85E-03	1	19
LNU815	0,705	1,05E-02	1	1	LNU816	0,703	1,57E-02	2	7
LNU815	0,753	4,68E-03	1	30	LNU817	0,840	1,21E-03	2	38
LNU816	0,722	7,99E-03	1	13	LNU818	0,834	7,40E-04	3	37
LNU818	0,731	6,92E-03	3	28	LNU818	0,737	9,61E-03	2	41
LNU818	0,794	2,02E-03	3	7	LNU818	0,770	5,60E-03	2	34

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU818	0.700	1,64E-02	2	51	LNU818	0.749	8,04E-03	1	5
LNU818	0.829	1,60E-03	2	7	LNU819	0.712	1,40E-02	2	40
LNU819	0.764	6,20E-03	3	5	LNU820	0.735	4,57E-03	3	18
LNU819	0.713	1,37E-02	1	5	LNU820	0.834	7,46E-04	3	32
LNU820	0.794	2,05E-03	3	46	LNU820	0.704	1,07E-02	3	21
LNU820	0.712	9,44E-03	3	20	LNU820	0.759	4,22E-03	1	36
LNU820	0.712	9,44E-03	3	22	LNU821	0.715	8,92E-03	3	51
LNU820	0.736	6,32E-03	1	19	LNU823	0.780	2,76E-03	3	34
LNU823	0.766	3,65E-03	3	51	LNU823	0.757	4,38E-03	3	42
LNU823	0.741	5,79E-03	3	33	LNU823	0.726	7,47E-03	3	35
LNU823	0.776	3,03E-03	3	43	LNU823	0.753	1,19E-02	2	8
LNU823	0.744	8,61E-03	2	51	LNU825	0.745	5,38E-03	3	19
LNU824	0.705	1,05E-02	3	13	LNU828	0.726	7,57E-03	3	34
LNU825	0.704	1,56E-02	2	1	LNU828	0.719	8,47E-03	1	49
LNU828	0.804	1,62E-03	3	33	LNU828	0.726	7,53E-03	1	48
LNU828	0.789	2,31E-03	1	45	LNU829	0.713	9,30E-03	3	19
LNU828	0.823	1,02E-03	1	30	LNU831	0.865	2,82E-04	1	36
LNU831	0.746	5,30E-03	3	44	LNU834	0.730	6,97E-03	1	24
LNU831	0.777	2,96E-03	1	53	LNU834	0.805	1,57E-03	1	34
LNU834	0.751	7,71E-03	1	5	LNU834	0.702	1,09E-02	1	46
LNU834	0.723	7,92E-03	1	18	LNU834	0.767	3,57E-03	1	20
LNU834	0.829	8,51E-04	1	32	LNU834	0.751	4,89E-03	1	11
LNU834	0.723	7,86E-03	1	7	LNU834	0.767	3,57E-03	1	22
LNU834	0.758	4,28E-03	1	21	LNU835	0.876	1,86E-04	1	49
LNU835	0.725	1,15E-02	2	51	LNU835	0.809	1,46E-03	1	44
LNU835	0.748	5,16E-03	1	52	LNU835	0.925	1,61E-05	1	48
LNU835	0.869	2,39E-04	1	45	LNU835	0.806	1,54E-03	1	31
LNU835	0.784	2,52E-03	1	10	LNU839	0.751	7,71E-03	1	5
LNU835	0.916	2,89E-05	1	30	LNU841	0.792	3,65E-03	2	25
LNU840	0.844	5,57E-04	1	25	LNU841	0.845	5,38E-04	1	36
LNU841	0.710	9,70E-03	1	47	LNU841	0.849	4,80E-04	1	37
LNU841	0.854	4,03E-04	1	53	LNU841	0.729	7,17E-03	1	54
LNU841	0.772	3,27E-03	1	55	LNU844	0.716	8,75E-03	3	46
LNU844	0.724	7,79E-03	3	24	LNU844	0.758	4,28E-03	3	20
LNU844	0.812	1,34E-03	3	32	LNU844	0.747	5,21E-03	3	21
LNU844	0.717	8,64E-03	3	11	LNU844	0.835	7,31E-04	1	44
LNU844	0.758	4,28E-03	3	22	LNU844	0.727	7,35E-03	1	55
LNU844	0.731	6,88E-03	1	45	LNU845	0.799	1,81E-03	3	33

Tabela 86.

Tabela 87

Correlação entre o nível de expressão dos genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob desfolhamento em variedades de milho

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU814	0.761	1,01E-05	3	21	LNU819	0.765	8,32E-06	1	21
LNU824	0.720	4,95E-05	3	41	LNU824	0.715	5,85E-05	2	41
LNU824	0.719	5,18E-05	2	11	LNU829	0.725	7,62E-03	3	23
LNU829	0.753	1,41E-05	3	21	LNU832	0.703	8,91E-05	1	21
LNU835	0.720	4,98E-05	1	21	LNU813	0.721	8,15E-03	2	15
LNU813	0.740	5,93E-03	1	22	LNU814	0.701	1,11E-02	1	36
LNU814	0.701	1,11E-02	3	24	LNU815	0.766	3,70E-03	3	16

Nome do Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Corj. de	Nome do Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Corj. de
LNU815	0,710	9,74E-03	3	14	LNU815	0,773	3,20E-03	1	18
LNU815	0,769	3,49E-03	1	16	LNU816	0,714	9,14E-03	1	21
LNU816	0,751	4,86E-03	3	2	LNU817	0,718	8,54E-03	1	22
LNU817	0,732	6,79E-03	3	24	LNU819	0,754	4,59E-03	2	22
LNU819	0,716	8,80E-03	3	42	LNU819	0,767	3,57E-03	2	2
LNU819	0,792	2,16E-03	2	5	LNU819	0,730	6,98E-03	2	7
LNU819	0,733	6,71E-03	2	37	LNU823	0,706	1,03E-02	3	14
LNU820	0,771	3,29E-03	1	36	LNU823	0,738	6,19E-03	3	1
LNU823	0,765	3,78E-03	3	16	LNU824	0,834	7,54E-04	1	36
LNU823	0,764	3,81E-03	1	36	LNU829	0,725	7,62E-03	3	23
LNU825	0,700	1,12E-02	3	8	LNU829	0,870	2,32E-04	1	36
LNU829	0,744	5,55E-03	3	32	LNU831	0,703	1,08E-02	3	31
LNU829	0,733	6,68E-03	2	27	LNU833	0,752	4,82E-03	2	42
LNU832	0,712	9,33E-03	3	40	LNU834	0,771	3,30E-03	3	30
LNU834	0,723	7,83E-03	3	2	LNU837	0,748	5,16E-03	3	22
LNU834	0,705	1,05E-02	1	21	LNU837	0,786	2,45E-03	2	22
LNU837	0,728	7,24E-03	3	37	LNU837	0,718	8,55E-03	2	31
LNU837	0,768	3,56E-03	2	37	LNU839	0,771	3,30E-03	3	30
LNU837	0,728	7,24E-03	2	24	LNU843	0,709	9,87E-03	1	32
LNU841	0,815	1,23E-03	3	26	LNU844	0,827	9,07E-04	1	2
LNU844	0,731	6,88E-03	1	5	LNU845	0,805	1,57E-03	3	2
LNU844	0,808	1,49E-03	1	9	LNU813	0,783	2,59E-03	3	4
LNU845	0,779	2,85E-03	1	30	LNU813	0,737	6,26E-03	3	8
LNU811	0,733	4,40E-03	1	15	LNU813	0,701	7,60E-03	1	11
LNU813	0,760	4,15E-03	3	3	LNU814	0,744	3,54E-03	3	6
LNU813	0,749	3,23E-03	3	26	LNU814	0,832	4,23E-04	1	21
LNU814	0,721	5,42E-03	3	1	LNU815	0,806	8,77E-04	1	21
LNU814	0,819	6,19E-04	3	21	LNU816	0,871	1,07E-04	3	9
LNU815	0,703	7,34E-03	1	6	LNU816	0,722	5,28E-03	1	44
LNU816	0,724	5,11E-03	3	28	LNU817	0,707	6,87E-03	3	2
LNU816	0,750	3,16E-03	1	40	LNU817	0,716	5,92E-03	2	12
LNU816	0,854	2,00E-04	1	27	LNU818	0,702	7,45E-03	1	39
LNU817	0,764	2,35E-03	1	2	LNU818	0,743	3,64E-03	1	11
LNU818	0,791	1,27E-03	1	22	LNU818	0,756	2,77E-03	1	19
LNU818	0,796	1,12E-03	1	38	LNU818	0,765	2,33E-03	1	20
LNU818	0,707	6,93E-03	1	37	LNU819	0,704	1,07E-02	3	4
LNU818	0,740	3,82E-03	1	10	LNU819	0,717	5,84E-03	3	30
LNU818	0,733	4,40E-03	1	32	LNU819	0,809	8,02E-04	1	16
LNU819	0,745	3,45E-03	3	28	LNU819	0,731	4,53E-03	1	6
LNU819	0,741	3,75E-03	1	14	LNU819	0,925	5,82E-06	1	21
LNU819	0,839	3,34E-04	1	1	LNU821	0,751	3,07E-03	1	6
LNU819	0,830	4,53E-04	1	18	LNU821	0,886	5,50E-05	1	21
LNU821	0,704	7,29E-03	1	1	LNU822	0,710	6,59E-03	2	44
LNU821	0,700	1,12E-02	1	8	LNU824	0,707	6,94E-03	1	41
LNU822	0,756	2,77E-03	2	31	LNU825	0,761	2,54E-03	3	40
LNU823	0,709	9,90E-03	1	8	LNU825	0,736	4,13E-03	2	16
LNU824	0,749	3,19E-03	1	43	LNU825	0,749	3,20E-03	2	18
LNU825	0,700	7,70E-03	3	27	LNU829	0,739	3,94E-03	3	14
LNU825	0,707	6,85E-03	2	6	LNU829	0,848	2,48E-04	3	1
LNU829	0,757	4,39E-03	3	4	LNU829	0,709	9,84E-03	3	3
LNU829	0,773	1,93E-03	3	16	LNU829	0,931	3,74E-06	3	21
LNU829	0,771	2,02E-03	3	18	LNU831	0,771	2,02E-03	2	10
LNU829	0,740	5,92E-03	3	8	LNU832	0,799	1,05E-03	1	41
LNU831	0,714	6,16E-03	2	33	LNU832	0,785	1,46E-03	1	21
LNU831	0,711	6,49E-03	2	20	LNU834	0,723	5,22E-03	3	35
LNU832	0,726	7,53E-03	1	8	LNU834	0,708	6,75E-03	1	33
LNU832	0,783	1,54E-03	2	34	LNU835	0,726	5,00E-03	1	6
LNU834	0,746	3,40E-03	3	6	LNU835	0,828	4,72E-04	1	21
LNU835	0,715	5,98E-03	1	1	LNU835	0,756	2,80E-03	2	18
LNU835	0,704	7,26E-03	1	18	LNU838	0,744	3,57E-03	1	41

Nome do Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Corj. de	Nome do Gene	R	Valor P	Corj. de Exp.	ID do Corj. de
LNU835	0,718	5,69E-03	2	1	LNU838	0,746	5,33E-03	1	8
LNU835	0,841	3,17E-04	2	21	LNU839	0,746	3,40E-03	3	6
LNU838	0,750	3,16E-03	1	40	LNU841	0,719	5,61E-03	1	21
LNU839	0,723	5,22E-03	3	35	LNU843	0,734	4,27E-03	2	27
LNU839	0,708	6,75E-03	1	33	LNU846	0,739	3,91E-03	2	36
LNU841	0,745	3,46E-03	2	2	LNU846	0,714	6,16E-03	2	29

Tabela 87.

EXEMPLO 11

PRODUÇÃO DE TRANSCRIPTOMA DE MILHO-PAINÇO E ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE ALTA PRODUTIVIDADE UTILIZANDO MICROARRANJO DE OLIGONUCLEOTÍDEO DE MILHO-PAINÇO DE 60K

[00563] A fim de produzir uma análise de correlação de alta

produtividade, comparando o fenótipo da planta e o nível de expressão do gene, os presentes inventores utilizaram um microarranjo de oligonucleotídeo de milho-painço, produzido pela Agilent Technologies [chem (ponto) agilent (ponto) com/Scripts/PDS (ponto) asp?lPage=50879]. O arranjo de oligonucleotídeo representa cerca de 60K de genes e transcrições de milho-painço. A fim de definir a correlação entre os níveis de expressão de RNA e os parâmetros relacionados à produção ou o vigor, várias características da planta de 14 diferentes acessos de milho-painço foram analisadas. Entre eles, 11 acessos englobando a variação observada foram selecionados para análise de expressão do RNA. A correlação entre os níveis de RNA e os parâmetros caracterizados foi analisada utilizando o teste de correlação Pearson [davidmlane (ponto) com/hyperstat/A34739 (ponto) html].

Procedimentos Experimentais:

[00564] 14 variedades de milho-painço foram cultivadas em 5 lotes repetitivos, em campo. Em suma, o protocolo de cultivo se deu conforme segue:

1. Condições de cultivo regular – As plantas de milho-painço foram cultivadas em campo, utilizando fertilização comercial e protocolos de irrigação, que incluem 283 m³ de água por dunam (100 metros quadrados) por período completo de cultivo e fertilização de 16 unidades de URAN[®] 32% (Solução Fertilizante de Nitrogênio; PCS Sales, Northbrook, IL, USA) (condições normais de cultivo).

[00565] 2. Condições de seca: sementes de milho-painço foram semeadas em solo e cultivadas sob condições normais até o estágio de florescimento (22 dias a partir da semeadura); um tratamento de seca foi imposto por irrigação das plantas com 50% de água relativo ao tratamento normal a partir deste estágio (171 m³ por dunam (100 metros quadrados) por período completo de cultivo).

[00566] Tecidos de milho-painço Analisados – Todas as 14 linhas de

milho-painço foram amostradas com relação a cada tratamento. Três tecidos [folha, flor, e caule], em 2 estágios de desenvolvimento diferentes [floração e preenchimento de grãos], representando diferentes características da planta, foram amostrados e o RNA foi extraído, conforme descrito acima. Cada tipo de tecido de informação de expressão de microarranjo recebeu um ID de Conjunto, conforme resumido nas Tabelas 88 a 89 abaixo.

Tabela 88

Conjuntos de expressão de transcriptoma de milho-painço sob condições de seca

Conjunto de Expressão	ID do Conjunto
flor:estágio de floração:seca	1
folha:estágio de floração:seca	2
caule:estágio de floração:seca	3
grão:estágio de preenchimento dos grãos:seca	4
folha:estágio de preenchimento dos grãos:seca	5
caule:estágio de preenchimento dos grãos:seca	6

Tabela 88. São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de milho-painço sob condições de seca.

Tabela 89

Conjuntos de expressão de transcriptoma de milho-painço sob condições normais

Conjunto de Expressão	ID do Conjunto
flor:estágio de floração	1
folha:estágio de floração	2
grão:estágio de preenchimento dos grãos:normal	4
folha:estágio de preenchimento dos grãos:normal	5
caule:estágio de preenchimento dos grãos:normal	6

Tabela 89. São fornecidos os conjuntos de expressão de transcriptoma de milho-painço sob condições normais

[00567] Avaliação dos parâmetros relacionados ao vigor e componentes de produção do milho-painço – As plantas foram continuamente fenotipadas durante o período de cultivo e na colheita. (Tabela 102, abaixo). O sistema de análise de imagem incluiu um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 Ghz) e um programa de domínio público - ImageJ 1.37 (Programa de processamento de imagem com base em Java), desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponível na internet [[http://rsbweb \(ponto\) nih \(ponto\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/)]. Em seguida, os dados

analisados foram salvos como arquivos de texto e processados utilizando o software JMP de análise estatística (instituto SAS).

[00568] Os parâmetros a seguir foram coletados utilizando o sistema de imagem digital:

No final do período de cultivo, os grãos foram separados da “Cabeça” da Planta e os seguintes parâmetros foram medidos e coletados:

Área Média do Grão (cm^2) - Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A área de grão foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00569] Comprimento e Largura Médios do Grão (cm) - Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma do comprimento e largura dos grãos (eixo mais longo) foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de grãos. [00554] No final do período de cultivo, 14 “Cabeças” foram fotografadas e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo.

[00570] Perímetro Médio do Grão (cm) - No final do período de cultivo, os grãos foram separados da “Cabeça” da Planta. Uma amostra de ~200 grãos foi pesada, fotografada e as imagens foram processadas utilizando o sistema de processamento de imagem descrito abaixo. A soma do perímetro dos grãos foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de grãos.

[00571] Área Média da Cabeça (cm^2) - A área da “Cabeça” foi medida a partir dessas imagens e foi dividida pelo número de “Cabeças”.

[00572] Comprimento e Largura Médios da Cabeça (mm) - O comprimento e a largura das “Cabeças” (eixo mais longo) foram medidos a partir dessas imagens e foram divididos pelo número de “Cabeças”.

[00573] O sistema de processamento de imagem utilizado consiste em um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 Ghz) e um programa de domínio público – ImageJ 1.37 (Programa de processamento de imagem com base em Java), desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponível na internet [<http://rsbweb.nih.gov/>]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888x2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG (padrão do Grupo Conjunto de 5 Especialistas em Fotografia) de baixa compressão. Em seguida, os dados analisados foram salvos em arquivos de texto e processados utilizando o software de análise estatística JMP (instituto SAS).

[00574] Parâmetros adicionais foram coletados por amostragem de 5 plantas por lote ou medindo o parâmetro em todas as plantas dentro do lote.

[00575] Peso da Cabeça (g.) e número de Cabeças (nº)- No final do experimento, as cabeças foram colhidas de cada espiga e foram contadas e pesadas.

[00576] Produção Total do Grão (g.) - No final do experimento (“Cabeças” das Plantas), as cabeças das espigas foram coletadas, debulhadas e os grãos foram pesados. Além disso, o peso médio dos grãos por cabeça foi calculado dividindo-se o peso total dos grãos pelo número total de cabeças por lote (com base no lote).

[00577] Peso de 1000 Sementes [g.] – O peso de 1000 sementes por lote.

[00578] Biomassa na Colheita - No final do experimento, a parte vegetal acima do solo (excluindo as raízes) dos lotes foi pesada.

[00579] Matéria seca total por lote - Calculada como a parte vegetal acima do solo mais todo o peso seco das cabeças por lote.

[00580] Nº de dias até a antese - Calculado como o número de dias desde a semeadura até que 50% do lote chegue à antese.

[00581] Manutenção do desempenho sob condições de seca:

Representa a proporção para o parâmetro especificado dos resultados de condições de Seca dividido pelo resultados de condições normais (manutenção do fenótipo sob condições de seca em comparação com as condições normais).

[00582] Os parâmetros de dados coletados são resumidos na Tabela 90, abaixo.

Tabela 90

Parâmetros correlacionados ao Milho-Painço (vetores)

Parâmetros correlacionados com	ID de Correlação
Peso de 1000 grãos [g.]	1
Biomassa na colheita (1M) (Kg.)	2
Perímetro do Grão (cm)	3
Área do Grão (cm ²)	4
Comprimento do Grão (cm)	5
Largura do Grão (cm)	6
Produção de Grãos por Cabeça (lote) [g.]	7
Área da Cabeça (cm ²)	8
Largura da Cabeça (cm)	9
Comprimento da Cabeça (cm)	10
Nº de Cabeças	11
Nº de dias até a antese	12
Produção Total de Grãos [g.]	13
Matéria Seca Total (1M) (Kg.)	14
Peso Total das Cabeças (Kg.)	15

Tabela 90. São fornecidos os parâmetros correlacionados ao milho-painço.

Resultados Experimentais:

[00583] 14 diferentes acessos de milho-painço foram cultivados e caracterizados com relação a diferentes parâmetros, conforme descrito acima (Tabela 90). A média para cada um dos parâmetros medidos foi calculada utilizando o software JMP e os valores foram resumidos nas Tabelas 91- 96 abaixo. Uma análise de correlação subsequente entre os vários conjuntos de transcriptoma e os parâmetros médios (Tabelas 91-96) foi conduzida (Tabelas 97-99). Na sequência, os resultados foram integrados à base de dados.

Tabela 91

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de milho- painço sob condições de seca

Linha/ ID de Cor.	1	2	3	4	5	6	7	8
Linha-1	2,6392	1,5284	0,6825	0,0333	0,2416	0,1755	3,0533	35,7477
Linha-2	3,3285	3,4592	0,7215	0,0373	0,2445	0,1943	8,8318	50,7137
Linha-3	2,6105	2,8720	0,6888	0,0335	0,2496	0,1707	1,3364	18,3997
Linha-4	2,2948	2,9348	0,6827	0,0319	0,2543	0,1597	1,0933	14,9379
Linha-5	2,3036	3,0224	0,6902	0,0326	0,2568	0,1618	1,3094	17,6865
Linha-6	2,6419	2,6648	0,6923	0,0334	0,2504	0,1701	0,4864	9,9107
Linha-7	2,2151	2,9750	0,6481	0,0297	0,2331	0,1626	1,6279	20,9859
Linha-8	1,8374	0,7652	0,5695	0,0238	0,1944	0,1561	3,7375	39,9290
Linha-9	2,5396	2,6616	0,6607	0,0317	0,2230	0,1807	9,9001	42,1487
Linha-10	1,6912	2,9464	0,5929	0,0252	0,2034	0,1581	4,1426	43,5237
Linha-11	3,0961	3,2304	0,7204	0,0365	0,2608	0,1782	2,9746	26,9309
Linha-12	2,5413	3,3032	0,6747	0,0321	0,2448	0,1665	1,3047	21,2295
Linha-13	3,2382	2,6316	0,7484	0,0391	0,2700	0,1842	0,3629	7,3024
Linha-14	2,2454	0,8856	0,6593	0,0301	0,2417	0,1586	1,7407	13,1262

Tabela 91: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Milho-Painço (linha) sob condições de cultivo de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 92

Parâmetros adicionais medidos de IDs de correlação em acessos de milho-painço sob condições de seca

Linha/ID de Cor.	9	10	11	12	13	14	15
Linha-1	1,8708	22,3630	374,4	34	1141,4938	0,5038	2,8880
Linha-2	2,6767	21,8851	127	41	1116,1782	0,7328	6,0868
Linha-3	1,3254	16,5045	737,8	51	988,2113	0,7984	5,3252
Linha-4	1,3341	13,3077	1100,8	41	1202,7733	0,6160	5,4020
Linha-5	1,5008	13,9981	1047,2	41	1360,5106	0,7079	5,5700
Linha-6	1,1661	9,1123	2050	30	995,1714	0,4700	5,2800
Linha-7	1,6655	15,0971	581,5	38	946,8482	0,6075	5,1205
Linha-8	2,1528	21,1335	311,6	30	1159,7839	0,3491	2,2884
Linha-9	2,3622	20,0249	147,2	38	1391,3882	0,4366	5,8340
Linha-10	2,3216	21,7995	95,4	NA	394,5104	0,6448	4,3164
Linha-11	1,5449	20,7968	414,4	44	1199,5016	0,7484	5,6392
Linha-12	1,5902	15,8491	667,8	51	872,4820	0,8724	5,1316
Linha-13	1,2536	6,4468	2441	31	873,9356	0,5228	5,1264
Linha-14	1,7376	9,1779	687,5	27	1187,9820	0,3605	2,3065

Tabela 92: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Milho-Painço (linha) sob condições de cultivo de seca. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 93

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de milho-painço para a Manutenção do desempenho sob condições de seca

Linha/ID de Cor.	1	2	3	4	5	6	7
Linha-1	107,28492	63,80296	101,14903	103,09389	100,71910	102,26639	89,85420
Linha-2	97,44009	86,66199	100,63477	101,05865	101,13165	100,03126	121,19054
Linha-3	99,89264	90,61080	101,03545	102,80522	100,39213	102,38873	76,40597
Linha-4	97,29088	81,97765	100,28207	100,87451	100,43193	100,42313	83,95708
Linha-5	95,73134	84,03025	100,56979	101,56544	100,17700	101,33417	83,22790
Linha-6	99,52308	87,17613	99,36660	99,75367	99,50116	100,23080	70,03712
Linha-7	101,38380	73,57305	100,86771	101,13885	101,03305	100,21823	77,37223
Linha-8	102,16287	66,77138	99,64822	99,96068	99,16887	100,78369	111,74037
Linha-9	94,53807	83,21661	99,83736	98,88644	100,70881	98,15907	86,38569
Linha-10	102,69124	75,47131	101,82094	102,67156	102,00421	100,61236	57,78836
Linha-11	97,60676	90,15405	98,93543	97,94887	99,40096	98,50410	68,36558
Linha-12	97,81459	89,80968	97,98844	96,37703	97,77776	98,54474	57,64576
Linha-13	101,68636	89,51020	100,39095	101,18981	100,33465	100,85848	83,16443
Linha-14	99,50250	59,88639	99,19422	99,24780	98,98318	100,25762	132,38018

Tabela 93: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Milho-painço (linha) para manutenção do desempenho sob condições de seca (calculado como % de mudança sob condições de cultivo de seca vs. normais). As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 94

Parâmetros adicionais medidos de IDs de correlação em acessos de milho-painço para Manutenção de desempenho sob condições de seca

Linha/ID de Cor.	8	9	10	11	12	13	14
Linha-1	94,50182	98,17799	96,68963	87,55847	78,74402	71,70254	75,80848
Linha-2	87,63360	98,29102	90,24976	85,12064	104,52251	85,76779	102,30604
Linha-3	93,93199	99,87804	93,97174	85,09804	64,38181	82,89037	85,90141
Linha-4	87,35732	98,42025	89,95839	91,42857	76,74662	66,68110	95,83452
Linha-5	89,50996	97,94159	91,00586	91,34682	75,80281	78,32485	88,82439
Linha/ID de Cor.	8	9	10	11	12	13	14
Linha-6	105,26046	98,75548	106,44273	96,15385	67,41849	98,01877	86,91644
Linha-7	91,55461	98,97568	93,88055	77,30657	59,82989	66,27755	81,03596
Linha-8	97,65054	101,33701	96,59358	79,04617	88,00374	77,03001	81,18348
Linha-9	93,05666	94,53334	98,09741	78,88532	65,27431	73,53882	80,43346
Linha-10	88,21016	95,66287	93,49773	72,38240	42,06192	64,63512	82,30493
Linha-11	97,27140	99,48243	99,65504	95,43989	63,79603	81,97152	85,75426
Linha-12	87,80382	100,35077	88,13167	103,31064	61,13590	84,96299	87,70167
Linha-13	102,45818	100,81763	101,47055	87,24712	71,85533	83,88960	91,15220
Linha-14	89,37679	95,46426	93,80683	69,12327	91,61620	77,76100	84,42533

Tabela 94: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Milho-painço (linha) para manutenção do desempenho sob condições de seca (calculado como % de mudança sob condições de cultivo de seca vs. normais). As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 95

Parâmetros medidos de IDs de correlação em acessos de milho-painço sob condições normais

Linha/ID de Cor.	1	2	3	4	5	6	7
Linha-1	2,45995	2,39550	0,67477	0,03230	0,23989	0,17157	3,39810
Linha-2	3,41596	3,99160	0,71695	0,03689	0,24172	0,19428	7,28754
Linha-3	2,61327	3,16960	0,68170	0,03255	0,24860	0,16670	1,74902
Linha-4	2,35874	3,58000	0,68083	0,03161	0,25317	0,15900	1,30220
Linha-5	2,40635	3,59680	0,68626	0,03213	0,25634	0,15968	1,57325
Linha-6	2,65459	3,05680	0,69667	0,03353	0,25168	0,16966	0,69451
Linha-7	2,18488	4,04360	0,64249	0,02941	0,23076	0,16223	2,10395
Linha-8	1,79847	1,14600	0,57148	0,02386	0,19607	0,15493	3,34479
Linha-9	2,68629	3,19840	0,66174	0,03201	0,22145	0,18410	11,46040
Linha-10	1,64690	3,90400	0,58226	0,02458	0,19936	0,15712	7,16855
Linha-11	3,17197	3,58320	0,72818	0,03729	0,26240	0,18093	4,35102
Linha-12	2,59803	3,67800	0,68858	0,03326	0,25037	0,16901	2,26328
Linha-13	3,18446	2,94000	0,74550	0,03864	0,26910	0,18267	0,43640
Linha-14	2,25661	1,47880	0,66464	0,03032	0,24416	0,15822	1,31493

Tabela 95: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Milho-painço (linha) sob condições de cultivo normal. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 96

Parâmetros adicionais medidos de IDs de correlação em acessos de milho-

painço sob condições normais

Linha/ID de Cor.	8	9	10	11	12	13	14
Linha-1	37,82752	1,90548	23,12861	427,60000	1449,62604	0,70263	3,80960
Linha-2	57,87014	2,72325	24,24950	149,20000	1067,88312	0,85440	5,94960
Linha-3	19,58832	1,32700	17,56325	867,00000	1534,92310	0,96320	6,19920
Linha-4	17,09980	1,35550	14,79317	1204,00000	1567,20040	0,92380	5,63680
Linha-5	19,75921	1,53239	15,38157	1146,40000	1794,80240	0,90380	6,27080
Linha-6	9,41542	1,18075	8,56073	2132,00000	1476,11048	0,47950	6,07480
Linha-7	22,92173	1,68275	16,08119	752,20000	1582,56728	0,91660	6,31880
Linha-8	40,88973	2,12436	21,87883	394,20000	1317,88024	0,45320	2,81880
Linha-9	45,29355	2,49875	20,41332	186,60000	2131,60156	0,59370	7,25320
Linha-10	49,34091	2,42686	23,31557	131,80000	937,92760	0,99760	5,24440
Linha-11	27,68630	1,55289	20,86882	434,20000	1880,21340	0,91300	6,57600
Linha-12	24,17832	1,58464	17,98348	646,40000	1427,11884	1,02680	5,85120
Linha-13	7,12724	1,24343	6,35334	2797,80000	1216,24320	0,62320	5,62400
Linha/ID de Cor.	8	9	10	11	12	13	14
Linha-14	14,68632	1,82013	9,78380	994,60000	1296,69424	0,46360	2,73200

Tabela 96: São fornecidos os valores de cada um dos parâmetros (conforme descrito acima) medidos em acessos de Milho-painço (linha) sob condições de cultivo normal. As condições de cultivo são especificadas na seção de procedimento experimental.

Tabela 97

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições de seca em variedades de milho-painço

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU801	0,761	1,05E-02	2	16	LNU801	0,789	6,66E-03	2	2
LNU801	0,735	1,55E-02	2	17	LNU802	0,846	3,37E-02	1	1
LNU802	0,817	4,71E-02	1	4	LNU802	0,817	4,72E-02	1	10
LNU802	0,750	8,58E-02	1	3	LNU802	0,795	5,87E-02	1	11
LNU802	0,785	6,42E-02	1	8	LNU802	0,870	2,42E-02	1	6
LNU802	0,854	3,03E-02	1	9	LNU803	0,824	4,40E-02	1	13
LNU804	0,736	9,50E-02	1	12	LNU804	0,711	1,13E-01	1	7
LNU805	0,795	5,97E-03	2	7	LNU806	0,797	5,77E-02	1	7
LNU806	0,756	1,14E-02	2	1	LNU806	0,816	3,96E-03	2	6
LNU807	0,760	7,96E-02	1	15	LNU807	0,865	2,60E-02	1	10
LNU807	0,792	6,05E-02	1	11	LNU807	0,857	2,91E-02	1	8
LNU807	0,873	2,30E-02	1	9	LNU807	0,739	1,47E-02	2	10
LNU807	0,803	5,12E-03	2	8	LNU807	0,737	1,50E-02	2	9
LNU808	0,828	3,12E-03	2	5	LNU809	0,703	1,19E-01	1	16
LNU809	0,721	1,06E-01	1	2	LNU809	0,709	2,16E-02	3	15
LNU810	0,713	2,07E-02	2	13	LNU810	0,705	2,28E-02	3	16
LNU810	0,703	2,33E-02	3	13					

Tabela 97. Correlações (R) entre os níveis de expressão de genes em vários tecidos e o desempenho fenotípico. "ID de Cor." - ID do conjunto de correlação, de acordo com os parâmetros correlacionados na Tabela acima. "Conj. de Exp." - Conjunto de expressão. "R" = Coeficiente de correlação de Pearson; "P" = valor p.

Tabela 98

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico da manutenção do desempenho sob condições de seca em variedades de milho-painço

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU802	0,736	1,53E-02	1	1	LNU802	0,818	3,82E-03	1	16
LNU802	0,711	2,11E-02	1	13	LNU804	0,728	2,62E-02	3	1
LNU804	0,701	3,55E-02	3	6	LNU804	0,917	7,23E-05	2	1
LNU804	0,883	3,20E-04	2	4	LNU804	0,808	2,61E-03	2	3
LNU804	0,863	6,21E-04	2	6	LNU807	0,712	1,40E-02	2	11
LNU810	0,761	1,06E-02	1	16	LNU810	0,706	2,25E-02	1	13
LNU802	0,736	1,53E-02	1	1	LNU802	0,818	3,82E-03	1	16
LNU802	0,711	2,11E-02	1	13	LNU804	0,728	2,62E-02	3	1
LNU804	0,701	3,55E-02	3	6	LNU804	0,917	7,23E-05	2	1
LNU804	0,883	3,20E-04	2	4	LNU804	0,808	2,61E-03	2	3
Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU804	0,863	6,21E-04	2	6	LNU807	0,712	1,40E-02	2	11
LNU810	0,761	1,06E-02	1	16	LNU810	0,706	2,25E-02	1	13

Tabela 98. Correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes em vários tecidos e o desempenho fenotípico. “ID de Cor.” - ID do conjunto de correlação, de acordo com os parâmetros correlacionados na Tabela acima. “Conj. de Exp.” - Conjunto de expressão. “R” = Coeficiente de correlação de Pearson; “P” = valor p.

Tabela 99

Correlação entre o nível de expressão de genes selecionados de algumas aplicações da invenção em vários tecidos e o desempenho fenotípico sob condições normais em variedades de milho-painço

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU801	0,752	1,22E-02	2	15	LNU802	0,711	1,42E-02	1	16
LNU802	0,740	9,19E-03	1	13	LNU803	0,704	2,30E-02	2	12
LNU804	0,703	1,59E-02	1	5	LNU804	0,748	8,11E-03	1	4
LNU804	0,779	4,76E-03	1	3	LNU805	0,748	1,29E-02	2	12
LNU806	0,814	4,13E-03	2	11	LNU807	0,765	6,06E-03	1	16
LNU807	0,713	1,38E-02	1	2	LNU809	0,786	4,09E-03	1	12
LNU809	0,811	4,42E-03	2	17	LNU801	0,703	5,17E-02	3	1
LNU801	0,783	7,38E-03	2	8	LNU801	0,823	1,21E-02	3	6
LNU801	0,759	2,90E-02	3	17	LNU801	0,744	9,00E-02	1	11
LNU801	0,832	4,00E-02	1	10	LNU801	0,810	5,07E-02	1	9
LNU801	0,787	6,31E-02	1	6	LNU802	0,756	1,13E-02	2	13
LNU802	0,764	1,01E-02	2	14	LNU802	0,904	2,09E-03	3	4
LNU802	0,878	4,14E-03	3	1	LNU802	0,817	4,70E-02	1	1
LNU802	0,844	8,46E-03	3	3	LNU802	0,764	7,68E-02	1	11
LNU802	0,890	1,75E-02	1	10	LNU802	0,863	2,68E-02	1	9
LNU802	0,866	2,57E-02	1	6	LNU803	0,833	3,94E-02	1	15
LNU803	0,800	1,72E-02	3	15	LNU804	0,886	1,88E-02	1	11
LNU804	0,837	3,77E-02	1	10	LNU804	0,834	3,91E-02	1	6
LNU804	0,717	1,09E-01	1	8	LNU805	0,774	8,66E-03	2	5
LNU804	0,844	3,47E-02	1	9	LNU805	0,828	4,18E-02	1	10
LNU805	0,722	1,83E-02	2	7	LNU805	0,778	6,84E-02	1	6
LNU805	0,938	5,71E-03	1	8	LNU806	0,838	2,47E-03	2	8
LNU805	0,726	1,03E-01	1	9	LNU806	0,733	1,60E-02	2	9
LNU806	0,793	6,19E-03	2	6	LNU806	0,715	4,63E-02	3	11
LNU806	0,700	5,30E-02	3	15	LNU806	0,741	9,19E-02	1	4
LNU806	0,818	4,65E-02	1	1	LNU806	0,985	3,40E-04	1	11
LNU806	0,854	3,02E-02	1	10	LNU806	0,936	5,93E-03	1	9
LNU806	0,902	1,40E-02	1	6	LNU807	0,765	9,98E-03	2	8
LNU807	0,766	9,71E-03	2	10	LNU807	0,823	1,20E-02	3	12
LNU807	0,806	4,89E-03	2	9	LNU807	0,816	4,77E-02	1	10
LNU807	0,750	8,57E-02	1	1	LNU807	0,810	5,07E-02	1	6
LNU807	0,709	1,14E-01	1	11	LNU808	0,725	4,19E-02	3	4
LNU807	0,803	5,44E-02	1	9	LNU808	0,871	4,83E-03	3	12
LNU808	0,766	2,65E-02	3	3	LNU808	0,955	3,05E-03	1	10
LNU808	0,716	1,09E-01	1	1	LNU808	0,902	1,38E-02	1	6
LNU808	0,867	2,53E-02	1	8	LNU809	0,706	2,25E-02	2	2
LNU808	0,881	2,06E-02	1	9	LNU809	0,823	1,21E-02	3	10
LNU809	0,828	1,11E-02	3	15	LNU809	0,930	8,08E-04	3	8
LNU809	0,856	6,71E-03	3	11	LNU809	0,885	1,91E-02	1	16
LNU809	0,981	1,74E-05	3	9	LNU809	0,770	7,31E-02	1	13
LNU809	0,872	2,37E-02	1	5	LNU810	0,722	1,85E-02	2	16
LNU809	0,792	6,03E-02	1	12	LNU810	0,724	4,22E-02	3	16

Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.	Nome do Gene	R	Valor P	Conj. de Exp.	ID do Conj. de Cor.
LNU810	0,785	7,20E-03	2	13	LNU810	0,707	1,16E-01	1	13
LNU810	0,722	4,31E-02	3	14	LNU810	0,792	6,04E-02	1	12

Tabela 99. Correlações (R) entre os níveis de expressão dos genes em vários tecidos e o desempenho fenotípico. “ID de Cor.” - ID do conjunto de correlação, de acordo com os parâmetros correlacionados na Tabela acima. “Conj. de Exp.” - Conjunto de expressão. “R” = Coeficiente de correlação de Pearson; “P” = valor p.

EXEMPLO 12

CLONAGEM DE GENE E GERAÇÃO DE VETORES BINÁRIOS PARA EXPRESSÃO DA PLANTA

[00584] Para validar seu papel no aumento da produção, os genes selecionados foram superexpressos nas plantas, conforme segue.

Estratégia de Clonagem

[00585] Os genes selecionados a partir daqueles apresentados nos Exemplos 1-13 acima foram clonados em vetores binários para a geração de plantas transgênicas. Para a clonagem, os quadros de leitura aberta de comprimento total (ORF's | open reading frame) foram identificados. Os grupos EST e, em alguns casos, as sequências de mRNA, foram analisados para identificar o quadro de leitura aberta total comparando os resultados de diversos algoritmos de tradução para proteínas conhecidas de outras espécies de planta.

[00586] A fim de clonar os cDNA's de comprimento total, uma transcrição reversa (RT|reverse transcription) seguida pela reação de cadeia polimerase (PCR; RT-PCR) foi realizada no RNA total extraído das folhas, raízes ou outros tecidos da planta, cultivados sob condições de estresse ou normais/limitantes. A extração total de RNA, produção de cDNA e amplificação de PCR foram realizadas utilizando protocolos padrões descritos em outro lugar (Sambrook J., E.F. Fritsch e T. Maniatis. 1989. Molecular Cloning. A Laboratory Manual, 2ª Ed. Frio Spring Harbor Laboratory Press, New York.) que são bem conhecidos dos especialistas na técnica. Os produtos de PCR foram purificados utilizando um kit de purificação de PCR (Qiagen).

[00587] Geralmente, 2 conjuntos de iniciadores foram preparados para

a amplificação de cada gene, via PCR aninhados (se necessário). Ambos os conjuntos de iniciadores foram utilizados para amplificação no cDNA. No caso de nenhum produto ser obtido, uma reação de PCR aninhada foi realizada. O PCR aninhado foi realizado pela amplificação do gene utilizando iniciadores externos e, em seguida, utilizando o produto de PCR produzido como um modelo para uma segunda reação de PCR, onde o conjunto interno de iniciadores foi utilizado. De modo alternativo, um ou dois dos iniciadores internos foi(ram) utilizado(s) para amplificação de 25 genes, ambos na primeira e segunda reações de PCR (significando que apenas 2-3 iniciadores foram designados para um gene). Para facilitar a clonagem adicional de cDNA's, uma extensão de 8-12 pares de base (bp | base pairs) foi adicionada ao 5' de cada iniciador interno. A extensão do iniciador inclui um local de restrição de endonuclease. Os locais de restrição foram selecionados utilizando dois parâmetros: (a) o local de restrição não existe na sequência de cDNA; e (b) os locais de restrição nos iniciadores direto e reversos foram projetados de modo que o cDNA digerido seja inserido na direção do sentido no vetor binário utilizado para transformação.

[00588] Os produtos de PCR foram digeridos com endonucleases de restrição (New England BioLabs Inc.), de acordo com os locais designados nos iniciadores. Cada produto de PCR digerido/não digerido foi inserido em um vetor de cópia alta pUC19 (New England BioLabs Inc.) ou em plasmídeos originados desse vetor. Em alguns casos, o produto de PCR não digerido foi inserido no pCR-Blunt II- TOPO (Invitrogen) ou no pJET1.2 (Kit de Clonagem CloneJET PCR, Thermo Scientific) ou diretamente no vetor binário. Os produtos digeridos/não digeridos e o vetor de plasmídeo linearizado foram ligados utilizando uma enzima de ligase T4 DNA (Roche, Suíça, ou outros fabricantes). Nos casos em que o pCR-Blunt II-TOPO foi utilizado, nenhuma ligase T4 foi necessária.

[00589] O sequenciamento dos genes inseridos foi realizado utilizando

o sequenciador ABI 377 (Applied Biosystems). Em alguns casos, após confirmar as sequências dos genes clonados, o cDNA clonado foi introduzido em um vetor binário pGI modificado contendo o promotor At6669 (p.ex., pQFNc) e o terminador NOS (ID SEQ. N°: 4891) através de digestão com endonucleases de restrição apropriados.

[00590] Nos casos de transformação de *Brachypodium*, após confirmar as sequências dos genes clonados, os cDNAs clonados foram introduzidos no pEBbVNi (Figura 9A), contendo o promotor 35S (ID SEQ. N°: 4892) e o terminador NOS (ID SEQ. N°: 4891) via digestão com endonucleases de restrição adequadas. Estes genes foram clonados à jusante do promotor 35S e à montante do terminador NOS.

[00591] Diversas sequências de DNA dos genes selecionados foram sintetizadas via GeneArt (Life Technologies, Grand Island, NY, EUA). O DNA sintético foi projetado em sílica. Os locais de enzimas de restrição adequados foram adicionados às sequências clonadas na extremidade 5' e na extremidade 3' para permitir clonagem posterior no vetor binário desejado.

[00592] Vetores binários - O vetor plasmídeo pPI foi construído inserindo uma sequência de sinal poli-(A) sintético originado do vetor de plasmídeo básico pGL3 (Promega, Acesso GenBank N° U47295; nucleotídeos 4658-4811) no local de restrição HindIII do vetor binário pBI101.3 (Clontech, Acesso GenBank N° U12640). O pGI é similar ao pPI, mas o gene original na coluna vertebral é o gene GUS- Intron e não o GUS.

[00593] O vetor pGI modificado [p.ex., pQFN, pQFNc, pQYN_6669, pQNa_RP, pQFYN 25 ou pQXNc] é uma versão modificada do vetor pGI, no qual o cassete é invertido entre as bordas esquerda e direita, de modo que o gene e seu promotor correspondente estejam próximos à borda direita e o gene NPTII esteja próximo à borda esquerda.

[00594] At6669, a nova sequência do promotor *Arabidopsis thaliana* (ID SEQ. N°: 4880) foi inserida no vetor binário pGI modificado, a montante

dos genes clonados, seguido pela ligação do DNA e extração do plasmídeo binário das colônias *E. coli* positivas, conforme descrito acima. As colônias foram analisadas por PCR, utilizando os iniciadores que cobrem a inserção, que são projetados para abranger o promotor e o gene introduzido. Os plasmídeos positivos foram identificados, isolados e sequenciados.

[00595] O pEBbVNi (Figura 9A) é uma versão modificada do pJJ2LB, no qual o gene de resistência Higromicina foi substituído por um gene BAR que confere resistência ao herbicida BASTA [a sequência de codificação de gene BAR é fornecida no Acesso GenBank N° JQ293091.1 (ID SEQ. N°: 5436); uma descrição adicional é fornecida em Akama K, et al. “Efficient Agrobacterium-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* using the bar gene as selectable marker”, *Plant Cell Rep.* 1995, 14(7):450-4; Christiansen P, et al. “A rapid and efficient transformation protocol for the grass *Brachypodium distachyon*”, *Plant Cell Rep.* 2005 Mar; 23(10-11):751-8. Epub 2004 Oct 19; e Pacurar DI, et al. “A high-throughput Agrobacterium-mediated transformation system for the grass model species *Brachypodium distachyon* L”, *Transgenic Res.* 2008 17(5):965-75; cada um dos quais é totalmente incorporado aqui por referência em sua totalidade]. A estrutura pEBbVNi contém o promotor 35S (ID SEQ. N°: 4892). O pJJ2LB é uma versão modificada do pCambia0305.2 (Cambia).

[00596] Nos casos em que DNA genômico foi clonado, os genes foram amplificados por PCR direto no DNA genômico extraído do tecido foliar, utilizando o kit DNAeasy (Qiagen Cat. N° 69104).

[00597] Os genes selecionados clonados pelos presentes inventores são fornecidos na Tabela 100 abaixo.

Tabela 100

Nome do Gene	Plasmídeos com alto número de cópias	Organismo	ID SEQ. N° dos iniciadores empregados	ID SEQ. N° do Polin.:	ID SEQ. N° do Polip.:
LNU749	pQFNc_LNU749	cevada	5383, 4897, 5412, 4906	289	747
LNU750	pQFNc_LNU750	cevada	5182, 5357, 5182, 5245	2	497
LNU751	pQFNc_LNU751	cevada	5096, 5214, 5073, 5362	290	498
LNU752	pUC19c_LNU752	cevada	5087, 5232, 5087, 5232	291	748

LNU753	pQFNc_LNU753	cevada	5416, 4974, 5416, 4972	292	500
LNU754	pQFNc_LNU754	cevada	5067, 5338, 5067, 5338	293	501
LNU756	pQFNc_LNU756	cevada	5019, 5321, 5164, 5326	294	502
LNU757	pQFNc_LNU757	cevada	5088, 5273, 5137, 5257	295	503
LNU758	pMA- RQ_LNU758_GA			296	504
LNU759	pQFNc_LNU759	cevada	5392, 4949, 5402, 4976	297	505
LNU760_H1	pQFNc_LNU760_H1	brachypodium	5043, 5359, 5043, 5359	491	708
LNU761	pUC19c_LNU761	cevada	5373, 4954, 5373, 4962	298	507
LNU762	pQFNc_LNU762	cevada	5371, 4898, 5391, 4912	299	508
LNU763	pQFNc_LNU763	cevada	5149, 5349, 5026, 5228	300	509
LNU764	pUC19c_LNU764	cevada	5396, 4899, 5396, 4913	301	510
LNU766	pUC19c_LNU766	cevada	5125, 4965, 5125, 4965	302	749
LNU767	pMA_LNU767_G A			303	512
LNU768	pQFNc_LNU768	cevada	5146, 5345, 5146, 5332	304	513
LNU769	pUC19c_LNU769	cevada	4929, 4987, 4929, 4989	305	750
LNU770	pQFNc_LNU770	cevada	5201, 5316, 5061, 5240	306	515
LNU771	pQFNc_LNU771	cevada	5175, 5242, 5175, 5242	307	516
LNU772	TopoB_LNU772	cevada	5107, 5351, 5107, 5285	308	517
LNU773	TopoB_LNU773	cevada	5165, 4960, 5165, 4960	309	751
LNU774	pQFNc_LNU774	cevada	4928, 4943, 4928, 4943	310	519
LNU775	pQFNc_LNU775	cevada	5389, 5183, 5389, 5183	311	520
LNU776	pUC19_LNU776	cevada	5075, 5266, 5085, 5266	312	752
LNU777	pQFNc_LNU777	cevada	5174, 5205, 5174, 5205	313	522
LNU778	pMK- RQ_LNU778_GA			314	523
LNU779	pQFNc_LNU779	cevada	5428, 4902, 5403, 4895	315	524
LNU780	pQFNc_LNU780	cevada	5098, 5354, 5098, 5354	316	753
LNU781	pMA- RQ_LNU781_GA			317	526
LNU782	pQFNc_LNU782	cevada	5415, 4996, 5415, 4996	318	527
LNU783	pQFNc_LNU783	cevada	5103, 5212, 5160, 5238	319	528
LNU784	pQFNc_LNU784	cevada	5143, 5243, 5143, 5243	320	754
LNU785	TopoB_LNU785	cevada	5111, 5246, 5056, 5282	321	530
LNU786	TopoB_LNU786	cevada	5082, 5010, 5082, 5000	322	755
LNU787	pMA- RQ_LNU787_GA			323	532
LNU788	pQFNc_LNU788	brachypodium	5184, 5310, 5153, 5227	324	756
LNU789	pQFNc_LNU789	brachypodium	5409, 5001, 5414, 5013	325	534
LNU790	pQFNc_LNU790	brachypodium	5101, 5237, 5101, 5237	326	535
LNU791	pQFNc_LNU791	brachypodium	5080, 5203, 5080, 5203	327	536
LNU792	pQFNc_LNU792	brachypodium	5055, 5003, 5018, 5006	328	537
LNU793	pUC19c_LNU793	brachypodium	5144, 5253, 5023, 5343	329	538
LNU794	pMA- T_LNU794_GA			330	539
LNU795	pQFNc_LNU795	brachypodium	5119, 5234, 5119, 5234	331	757
LNU796	pQFNc_LNU796	brachypodium	5400, 4971, 5400, 4971	332	541
LNU797	pQFNc_LNU797	brachypodium	5148, 5358, 5123, 5287	333	542
LNU798	pMA- RQ_LNU798_GA			334	543
LNU799	pQFNc_LNU799	Brachypodium ms distachyon ND	5390, 5028, 5390, 5028	335	544
LNU800	pQFNc_LNU800	brachypodium	5063, 5337, 5069, 5236	336	545
LNU801	pUC19d_LNU801	milho_painço	5002, 4923, 5002, 4930	337	546
LNU802	pUC19c_LNU802	milho_painço	5186, 5344, 5186, 5262	338	547

LNU803	pQFNc_LNU803	milho_painço	5092, 5218, 5052, 5356	339	548
LNU804	pUC19c_LNU804	milho_painço	5062, 5215, 5131, 5292	340	758
LNU805	pQFNc_LNU805	milho_painço	5395, 4893, 5431, 4900	341	550
LNU806	pQFNc_LNU806	milho_painço	5401, 4940, 5376, 4975	342	759
LNU807	pUC19c_LNU807	milho_painço	4926, 4907, 4927, 4911	343	552
LNU808	pQFNc_LNU808	milho_painço	5124, 5366, 5099, 5221	344	553
LNU809	pQFNc_LNU809	milho_painço	5033, 5275, 5033, 5275	345	760
LNU811	pUC19c_LNU811	milho	5021, 5259, 5021, 5259	346	556
LNU813	pQFNc_LNU813	milho	5387, 4968, 5387, 4968	347	557
LNU814	pMA- RQ_LNU814_GA			348	558
LNU815	pQFNc_LNU815	milho	5115, 5334, 5158, 5335	349	559
LNU816	pUC19c_LNU816	milho	4916, 4937, 4918, 4932	350	761
LNU817	pQFNc_LNU817	milho	5135, 5244, 5135, 5244	351	762
LNU818	TopoB_LNU818	milho	5369, 5077, 5372, 5138	352	763
LNU819	pQFNc_LNU819	milho	5038, 5283, 5038, 5283	353	563
LNU820	pQFNc_LNU820	milho	5150, 5249, 5150, 5249	354	564
LNU821	TopoB_LNU821	milho	5393, 5104, 5393, 5104	355	764
LNU822	pMA- T_LNU822_GA			356	566
LNU823	pQFNc_LNU823	milho	5042, 5339, 5095, 5225	357	567
LNU824	pQFNc_LNU824	milho	5051, 5361, 5051, 5361	358	765
LNU825	pQFNc_LNU825	milho	5079, 5324, 5079, 5324	359	766
LNU828	pQFNc_LNU828	milho	5426, 4981, 5426, 4981	360	570
LNU829	pQFNc_LNU829	milho	5024, 5217, 5059, 5220	361	767
LNU830	TopoB_LNU830	milho	5004, 4985, 5004, 4985	362	572
LNU831	pQFNc_LNU831	milho	5118, 5226, 5142, 5224	363	768
LNU832_ H2	pQFNc_LNU832_ H2	sorgo	5418, 5083, 5418, 5083	492	709
LNU833	pUC19c_LNU833	milho	5110, 5250, 5025, 5223	364	769
LNU834_ H1	pMA- Q_LNU834_H1_G A			493	710
LNU835	pUC19c_LNU835	milho	5384, 5189, 5394, 5199	365	577
LNU837	TopoB_LNU837	milho	5040, 5260, 5040, 5260	366	770
LNU838	pQFNc_LNU838	milho	5434, 4956, 5434, 4956	367	579
LNU839	pQFNc_LNU839	milho	4931, 4966, 4931, 4966	368	580
LNU840	pQFNc_LNU840	milho	5020, 5261, 5020, 5308	369	581
LNU841	pQFNc_LNU841	milho	5197, 5435	370	582
LNU843	pUC19_LNU843	milho	5022, 5009, 5022, 5005	371	583
LNU844	pQFNc_LNU844	milho	4933, 4958, 4936, 4991	372	584
LNU845	TopoB_LNU845	milho	5375, 4986, 5413, 4994	373	771
LNU846	pUC19c_LNU846	milho	5058, 5286, 5162, 5269	374	586
LNU847	pUC19c_LNU847	medicago	5430, 4905, 5419, 4910	375	772
LNU848	pQFNc_LNU848	arroz	5060, 5268, 5035, 5314	376	588
LNU849	pMA_LNU849_G A			377	589
LNU850	pMA_LNU850_G A			378	590
LNU851	pMA- RQ_LNU851_GA			379	591
LNU852	pMK- RQ_LNU852_GA			380	592
LNU853	TopoB_LNU853	arroz	4983, 4909, 4983, 4909	381	593
LNU854	pUC19c_LNU854	arroz	4935, 4973, 4938, 4979	382	594
LNU856	pUC19c_LNU856	sorgo	5198, 5241, 5198, 5241	383	595
LNU857	pQFNc_LNU857	sorgo	5070, 5350, 5070, 5208	384	773
LNU858	pUC19_LNU858	sorgo	5427, 4964, 5427, 4964	385	774
LNU859	TopoB_LNU859	sorgo	5417, 4999, 5417, 4999	495	-

LNU861_H3	pMA_LNU861_H3_GA			494	711
LNU862	TopoB_LNU862	sorgo	5422, 4957, 5406, 4970	386	599
LNU864	pQFNc_LNU864	sorgo	5140, 5336, 5017, 5309	387	600
LNU865	pUC19c_LNU865	sorgo	5181, 5346, 5181, 5346	388	601
LNU866	pQFNc_LNU866	sorgo	5151, 5307, 5185, 5363	389	775
LNU867	pUC19c_LNU867	sorgo	5045, 5353, 5045, 5353	390	603
LNU868	pQFNc_LNU868	sorgo	5084, 5333, 5159, 5291	391	604
LNU869	pQFNc_LNU869	sorgo	5170, 5272, 5170, 5289	392	605
LNU870	pUC19c_LNU870	sorgo	5108, 5322, 5132, 5204	393	606
LNU871	pUC19c_LNU871	sorgo	5404, 4955, 5404, 4955	394	607
LNU872	pQFNc_LNU872	sorgo	5177, 5248, 5048, 5231	395	608
LNU873	pUC19_LNU873	sorgo	4934, 4967, 4934, 4967	396	609
LNU874	TopoB_LNU874	sorgo	5027, 5012, 5027, 5007	397	610
LNU875	pUC19c_LNU875	sorgo	5423, 4945, 5386, 4995	398	611
LNU876	TopoB_LNU876	sorgo	5178, 5263, 5136, 5213	399	612
LNU878	pQFNc_LNU878	sorgo	5432, 5166, 5432, 5166	400	613
LNU879	pQFNc_LNU879	sorgo	5112, 5288, 5112, 5288	401	614
LNU880	pUC19c_LNU880	sorgo	5109, 5303, 5157, 5296	402	615
LNU881	pUC19c_LNU881	sorgo	4915, 5105, 4917, 5106	403	616
LNU882	pUC19c_LNU882	sorgo	4978, 4896, 4977, 4904	404	617
LNU884	pMA-RQ_LNU884_GA			405	619
LNU885	pMA_LNU885_GA			406	620
LNU886	pQFNc_LNU886	sorgo	5011, 4939, 5008, 4925	407	776
LNU887	TopoB_LNU887	sorgo	4924, 4982, 4924, 4982	408	622
LNU888	pQFNc_LNU888	sorgo	5081, 5278, 5081, 5278	409	623
LNU889	pUC19c_LNU889	sorgo	5411, 4961, 5411, 4961	410	624
LNU890	pUC19c_LNU890	sorgo	5076, 5211, 5076, 5211	411	625
LNU892	pMA-RQ_LNU892_GA			412	626
LNU893	pQFNc_LNU893	sorgo	5036, 5277, 5030, 5277	413	627
LNU894	pUC19c_LNU894	sorgo	5155, 5219, 5155, 5313	414	628
LNU895	pQFNc_LNU895	sorgo	5398, 5071, 5398, 5169	415	629
LNU896	pUC19_LNU896	sorgo	5130, 5206, 5133, 5300	416	630
LNU897	pQFNc_LNU897	sorgo	5037, 5210, 5032, 5229	417	777
LNU898	pUC19_LNU898	sorgo	5176, 4950, 5128, 4992	418	778
LNU899	pUC19_LNU899	sorgo	5195, 5348, 5113, 5355	419	633
LNU900	pQFNc_LNU900	sorgo	5086, 5270, 5086, 5270	420	779
LNU901	TopoB_LNU901	sorgo	5163, 5280	421	780
LNU902	pQFNc_LNU902	sorgo	5129, 5311, 5167, 5264	422	636
LNU903	pMK-RQ_LNU903_GA			423	637
LNU904	pUC19c_LNU904	sorgo	5368, 5057, 5421, 5188	424	781
LNU905	pUC19c_LNU905	sorgo	5029, 5235, 5091, 5319	425	639
LNU906	pQFNc_LNU906	sorgo	5154, 5325, 5050, 5274	426	782
LNU907	pQFNc_LNU907	sorgo	5377, 5360, 5377, 5360	427	783
LNU908	pQFNc_LNU908	sorgo	5397, 5065, 5382, 5041	428	642
LNU909	pUC19c_LNU909	sorgo	5424, 4998, 5407, 4941	429	784
LNU910	pQFNc_LNU910	sorgo	5200, 5279, 5200, 5279	430	644
LNU911	pUC19_LNU911	sorgo	5090, 5202, 5194, 5230	431	785
LNU912	pQFNc_LNU912	sorgo	5187, 5327, 5074, 5299	432	646
LNU913	pUC19_LNU913	sorgo	5156, 5015, 5196, 5014	433	647
LNU914	TopoB_LNU914	sorgo	4914, 4919, 4920, 4921	434	648
LNU915	pUC19c_LNU915	sorgo	5134, 5239, 5134, 5239	435	649
LNU916	TopoB_LNU916	sorgo	5180, 5276, 5190, 5290	436	650
LNU917	pQFNc_LNU917	sorgo	5168, 5347, 5121, 5233	437	651
LNU918	pUC19c_LNU918	sorgo	5381, 4980, 5381, 4980	438	652

LNU919	pMA_LNU919_G A			439	653
LNU920	pMA- RQ_LNU920_GA			440	654
LNU921	pQFNc_LNU921	sorgo	5094, 5222, 5193, 5256	441	655
LNU922	pMA- T_LNU922_GA			442	656
LNU923	pQFNc_LNU923	sorgo	5173, 5293, 5173, 5293	443	657
LNU924	pQFNc_LNU924	sorgo	5049, 5365	444	658
LNU925	pUC19c_LNU925	sorgo	5410, 5097, 5405, 5066	445	659
LNU926	pQFNc_LNU926	sorgo	5145, 5301, 5145, 5320	446	660
LNU928	pUC19c_LNU928	sorgo	5114, 5252, 5141, 5329	447	661
LNU930	pUC19c_LNU930	sorgo	5039, 5251, 5089, 5209	448	786
LNU931	pMA_LNU931_G A			449	664
LNU932	TopoB_LNU932	sorgo	5117, 5255, 5117, 5255	450	787
LNU933	pQFNc_LNU933	sorgo	5379, 5046, 5433, 5191	451	666
LNU934	pOA_LNU934_G A			452	667
LNU935	pQFNc_LNU935	sorgo	5152, 5267, 5152, 5267	453	788
LNU936	pMA- RQ_LNU936_GA			454	669
LNU938	pQFNc_LNU938	sorgo	5072, 5284, 5047, 5265	455	789
LNU940	pQFNc_LNU940	sorgo	5161, 5254, 5161, 5254	456	672
LNU941	pQFNc_LNU941	sorgo	5031, 5323, 5031, 5323	457	673
LNU942	pQFNc_LNU942	sorgo	5054, 5258	458	674
LNU943	pQFNc_LNU943	sorgo	5388, 4948, 5385, 4944	459	675
LNU944	pUC19_LNU944	sorgo	5100, 5294, 5100, 5342	460	676
LNU945	pMA- RQ_LNU945_GA			461	677
LNU946	pUC19_LNU946	sorgo	4984, 4908, 4959, 4901	462	678
Nome do Gene	Plasmídeos com alto número de cópias	Organismo	ID SEQ. N° dos iniciadores empregados	ID SEQ. N° do Polin.:	ID SEQ. N° do Polip.:
LNU947	pQFNc_LNU947	sorgo	5370, 4946, 5370, 4946	463	679
LNU948	pUC19c_LNU948	sorgo	5120, 5306, 5127, 5216	464	680
LNU949	pMA- RQ_LNU949_GA			465	681
LNU950	pUC19c_LNU950	sorgo	5116, 5312, 5116, 5312	466	682
LNU951	pQFNc_LNU951	sorgo	4922, 4951, 4922, 4951	467	790
LNU952	pUC19c_LNU952	sorgo	5380, 4997, 5378, 4947	468	684
LNU953	pUC19c_LNU953	sorgo	5078, 5247, 5078, 5207	469	685
LNU954	pQFNc_LNU954	sorgo	5139, 5340, 5044, 5298	470	791
LNU955	pMA_LNU955_G A			471	687
LNU956	pQFNc_LNU956	sorgo	5429, 4993, 5425, 4952	472	792
LNU957	pMK- RQ_LNU957_GA			473	689
LNU958	pQFNc_LNU958	sorgo	5122, 5295, 5122, 5295	474	690
LNU959	pUC19c_LNU959	sorgo	5172, 5297	475	691
LNU960	pUC19_LNU960	sorgo	5147, 5304, 5034, 5331	476	692
LNU961	pOA_LNU961_G A			477	693
LNU962	pUC19_LNU962	sorgo	4988, 4894, 4990, 4903	478	694
LNU963	pUC19c_LNU963	sorgo	5420, 4942, 5408, 4963	479	695
LNU964	pMA- RQ_LNU964_GA			480	696
LNU965	pQFNc_LNU965	sorgo	5102, 5302	481	697
LNU966	TopoB_LNU966	sorgo	5068, 5328, 5192, 5330	482	698
LNU967	pUC19_LNU967	sorgo	5399, 4953, 5374, 4969	483	699

LNU968	pQFNc_LNU968	sorgo	5093, 5315	484	793
LNU970	pMA-T_LNU970_GA			485	702
LNU971	pMA-T_LNU971_GA			486	703
LNU972	TopoB_LNU972	tomate	5171, 5305, 5126, 5318	487	704
LNU975	pQFNc_LNU975	tomate	5064, 5367, 5016, 5271	488	705
LNU976	pQFNc_LNU976	trigo	5053, 5341, 5179, 5352	489	706
LNU977	pQFNc_LNU977	trigo	5281, 5364, 5281, 5317	490	794

Tabela 100. São fornecidos os nomes dos genes clonados, os plasmídeos com alto número de cópias, o organismo a partir do qual o gene foi clonado, os iniciadores utilizados para clonagem e os identificadores de sequência dos polinucleotídeos e polipeptídeos dos genes clonados.

EXEMPLO 13

TRANSFORMAÇÃO DE CÉLULAS AGROBACTERIUM TUMEFACIENS COM VETORES BINÁRIOS ABRIGANDO OS POLINUCLEOTÍDEOS DA INVENÇÃO

[00598] Os vetores binários descritos acima foram utilizados para transformar as células *Agrobacterium*. Duas estruturas binárias adicionais, tendo apenas o promotor At6669 ou o promotor 35S ou sem promotor adicional, foram utilizadas como controles negativos.

[00599] Os vetores binários foram introduzidos em células competentes *Agrobacterium tumefaciens* GV301 ou LB4404 (para *Arabidopsis*) ou AGL1 (para *Brachypodium*) (cerca de 10^9 células/mL), por eletroporação. A eletroporação foi realizada utilizando um eletroporador MicroPulser (Biorad), 0,2 cm de cadinhos (Biorad) e programa de eletroporação EC-2 (Biorad). As células tratadas foram cultivadas em meio líquido LB a 28°C por 3 horas, então colocadas sobre ágar LB suplementado com gentamicina (para *Arabidopsis*; 50 mg/L; para cepas *Agrobacterium* GV301) ou estreptomicina (para *Arabidopsis*; 300 mg/L; para cepa *Agrobacterium* LB4404); ou com Carbenicilina (para *Brachypodium*; 50 mg/L) e canamicina (para *Arabidopsis* e *Brachypodium*; 50 mg/L) a 28°C por 48 horas. As colônias *Agrobacterium*, que são desenvolvidas nos meios seletivos, foram ainda analisadas por PCR, utilizando os iniciadores projetados para abranger a sequência inserida no plasmídeo pPI. Os produtos de PCR resultantes foram isolados e sequenciados para verificar que as

sequências de polinucleotídeo corretas da invenção são devidamente introduzidas às células *Agrobacterium*.

EXEMPLO 14

TRANSFORMAÇÃO DE PLANTAS *ARABIDOPSIS THALIANA* COM OS POLINUCLEOTÍDEOS DA INVENÇÃO

[00600] Plantas *Arabidopsis thaliana* Columbia (plantas T₀) foram transformadas, utilizando o procedimento de Imersão Floral descrito por Clough e Bent, 1998 (Floral dip: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 16(6): 735- 43) e por Desfeux et al., 2000 (Female Reproductive Tissues Are the Primary Target of *Agrobacterium*-Mediated Transformation by the *Arabidopsis* Floral-Dip Method. *Plant Physiol*, Julho 2000, Vol. 123, pp. 895-904), com pequenas modificações. Em resumo, as plantas T₀ foram semeadas em vasos de 250 ml, preenchidas com mistura de cultivo com base em turfa úmida. Os vasos foram cobertos com folhas de alumínio e uma redoma de plástico, mantidos a 4°C por 3–4 dias, então, descobertos e incubados em uma câmara de cultivo a 18–24°C em 16/8 horas de ciclos claro/escuro. As plantas T₀ estavam prontas para transformação seis dias antes da antese.

[00601] Colônias únicas de *Agrobacterium* carregando as estruturas binárias foram geradas, conforme descrito nos Exemplos 12-13 acima. As colônias foram cultivadas em meio LB suplementado com canamicina (50 mg/L) e gentamicina (50 mg/L). As culturas foram incubadas a 28°C por 48 horas sob agitação vigorosa e, depois, centrifugadas a 4000 rpm por 5 minutos. Os peletes compreendendo as células *Agrobacterium* foram ressuspensos em um meio de transformação contendo meio de cultura de concentração média (2,15 g/L) Murashige-Skoog (Duchefa); 0,044 µM de benzilamino purina (Sigma); 112 µg/L de vitaminas B5 Gambourg (Sigma); 5% de sacarose e 0,2 ml/L de Silwet L-77 (OSI Specialists, CT) em água duplamente destilada com pH de 5,7.

[00602] A transformação de plantas T₀ foi realizada invertendo cada planta em uma suspensão de *Agrobacterium*, de modo que o tecido de planta acima do solo foi submerso por 3-5 segundos. Cada planta T₀ inoculada foi imediatamente colocada em uma bandeja de plástico, então coberta com redoma plástica limpa para manter umidade e foi mantida no escuro à temperatura ambiente por 18 horas para facilitar a infecção e transformação. As plantas transformadas (transgênicas) foram então cobertas e transferidas para uma estufa para recuperação e maturação. As plantas T₀ transgênicas foram cultivadas na estufa por 3- 5 semanas até as siliquis ficarem marrons e secas. As sementes foram colhidas a partir das plantas e mantidas à temperatura ambiente até a semeadura.

[00603] Para geração de plantas transgênicas T1 e T2 abrigando os genes, as sementes coletadas das plantas T₀ transgênicas foram esterilizadas na superfície por imersão em 70% de etanol por 1 minuto, seguido por imersão em 5% de hipoclorito de sódio e 0,05% de triton por 5 minutos. As sementes esterilizadas na superfície foram totalmente lavadas em água estéril destilada e, então, colocadas nas placas de cultura contendo meio de cultura de concentração média Murashige-Skoog (Duchefa); 2% de sacarose; 0,8% de ágar de planta; 50 mM de canamicina e 200 mM de carbenicilina (Duchefa). As placas de cultura foram incubadas a 4°C por 48 horas, então, transferidas a uma sala de cultivo a 25°C por uma semana adicional de incubação. As plantas T1 *Arabidopsis* vitais foram transferidas para as placas de cultura fresca por outra semana de incubação. Seguindo a incubação, as plantas T1 foram removidas das placas de cultura e das placas de cultura e plantadas na mistura de cultivo contida em vasos de 250 ml. As plantas transgênicas foram deixadas crescer em uma estufa para maturidade. As sementes colhidas das plantas T1 foram cultivadas e crescidas para maturidade como as plantas T2 nas mesmas condições conforme utilizadas para cultura e crescimento das plantas T1.

EXEMPLO 15

TRANSFORMAÇÃO DE PLANTAS BRACHYPODIUM DISTACHYON COM OS POLINUCLEOTÍDEOS DA INVENÇÃO

[00604] Semelhante ao modelo da planta *Arabidopsis*, o *Brachypodium distachyon* tem várias características que o torna recomendado como uma planta modelo para estudos de genômica funcional, especialmente nas gramíneas. Traços que o tornam um modelo ideal incluem seu genoma pequeno (~160 Mbp por um genoma diploide e 355 Mbp por um genoma poliploide), pequena estatura física, um curto ciclo de vida e poucos requisitos de cultivo. O *Brachypodium* está relacionado às principais espécies de grãos de cereal, mas entende-se que esteja mais estreitamente relacionado ao Triticeae (trigo, cevada), do que aos outros cereais. O *Brachypodium*, com seus acessos de poliploide, pode servir como um modelo ideal para esses grãos (cujo tamanho e complexidade genômica são uma grande barreira para a melhoria da biotecnologia).

[00605] Os calos embriogênicos do *Brachypodium distachyon* foram transformados utilizando o procedimento descrito por Vogel e Hill (2008) [High-efficiency *Agrobacterium*-mediated transformation of *Brachypodium distachyon* inbred line Bd21-3. *Plant Cell Rep* 27:471–478], Vain et al (2008) [Agrobacterium-mediated transformation of the temperate grass *Brachypodium distachyon* (genotypeBd21) for T-DNA insertional mutagenesis. *Plant Biotechnology J* 6: 236–245] e Vogel J, et al. (2006) [Agrobacterium mediated transformation and inbred line development in the model grass *Brachypodium distachyon*. *Plant Cell Tiss Org. Cult.* 85:199–211], cada um dos quais é totalmente incorporado aqui por referência, com algumas pequenas modificações, que são brevemente resumidas abaixo.

[00606] Início dos calos - Espigas imaturas (cerca de 2 meses após a semeadura) foram colhidas no início do preenchimento das sementes. As espigas foram, em seguida, descascadas e esterilizadas à superfície com 3%

de NaClO contendo 0,1% de Tween 20, agitadas com um agitador rotativo a baixa velocidade, durante 20 minutos. Após três lavagens com água destilada estéril, os embriões foram extraídos sob um microscópio de dissecação em uma câmara de fluxo laminar utilizando uma pinça fina.

[00607] Os embriões extraídos (tamanho ~0,3 mm, em forma de sino) foram colocados em meio de indução de calos (CIM|callus induction medium) [sais LS (Linsmaier, EM & Skoog, F. 1965. *Physiol. Plantarum* 18, 100) e vitaminas mais 3% de sacarose, 6mg/L de CuSO₄, 2,5mg/l de 2,4-ácido diclorofenoxiacético, pH 5,8 e 0,25% de Phytigel (Sigma)] escutelar com o lado para baixo, 100 embriões em uma placa, e incubados a 28°C no escuro. Uma semana depois, os calos embrionários foram limpos de raízes emergentes, brotos e calos somáticos e foram subcultivados em meio CIM fresco. Durante a cultura, apareceram calos embriogênicos (EC | embryogenic callus) amarelados e foram, ainda, selecionados (p. ex., colhidos e transferidos) para uma incubação adicional nas mesmas condições durante mais 2 semanas. Vinte e cinco pedaços de calos subcultivados foram, então, colocados separadamente em placas de Petri de 90 X 15 mm e incubados, tal como anteriormente, por mais três semanas.

[00608] Transformação - Conforme descrito em Vogel e Hill (2008, *Supra*), o *Agrobacterium* foi raspado com placas MGL de 2 dias de idade (placas com o meio MGL que contém: Triptona 5 g/l, Extrato de Levedura 2,5 g/l, NaCl 5 g/l, D-manitol 5 g/l, MgSO₄*7H₂O 0,204 g/l, K₂HPO₄ 0,25 g/l, Ácido Glutâmico 1,2 g/l, Agar Planta 7,5 g) e ressuscitado em meio líquido MS suplementado com 200 µM de acetossiringona a uma densidade ótica (OD | optic density) a 600 nm (OD₆₀₀) de 0,6. Uma vez que a densidade ótica desejada foi atingida, adicionou-se 1 ml de 10% de Synperonic PE/F68 (Sigma) por 100 mL de meio de inoculação.

[00609] Para começar a inoculação, 300 pedaços de calo foram colocados em cerca de 12 placas (25 pedaços de calo em cada placa) e

cobertos com a suspensão de *Agrobacterium* (8-8,5 ml). O calo foi incubado na suspensão de *Agrobacterium* durante 15 minutos com agitação suave ocasional. Após a incubação, a suspensão de *Agrobacterium* foi removida por aspiração e os calos foram, então, transferidos para placas de cocultura, preparadas colocando um papel de filtro estéril de 7 cm de diâmetro em uma placa de Petri de 90 X 15 mm vazia. Os pedaços de calos foram, então, suavemente distribuídos sobre o papel filtro. Uma placa de cocultura foi usada para duas placas de calos iniciais (50 pedaços de calos iniciais). As placas de cocultura foram, então, seladas com parafilme e incubadas a 22°C, no escuro, durante 3 dias.

[00610] Os pedaços de calo foram, então, transferidos individualmente em meio de CIM, conforme descrito acima, o qual foi ainda suplementado com 200 mg/l de ticarcilina (para matar o *Agrobacterium*) e Bialaphos (5 mg/L) (para seleção de uma das seções de calos embriogênicos resistentes transformados) e incubados a 28°C, no escuro, durante 14 dias.

[00611] Os pedaços de calos foram, então, transferidos para meio de indução de brotos (SIM | shoot induction media; sais LS e vitaminas mais 3% de maltose mono-hidratada) suplementados com 200 mg/l de ticarcilina, Bialaphos (5 mg/L), ácido indol-3-acético (IAA | indol-3- acetic acid) (0,25 mg/L) e 6-benzilaminopurina (BAP | Benzylaminopurine) (1 mg/L), e foram subcultivados à luz para o mesmo meio, após 10 dias (total de 20 dias). Em cada subcultura, todas as partes de um único calo foram mantidas juntas para manter a sua independência e foram incubadas sob as seguintes condições: a um nível de iluminação de 60 IE m⁻² s⁻¹, uma luz de 16 horas, 8 horas de fotoperíodo escuro e uma temperatura constante de 24°C. As mudas emergiram dos calos transformados.

[00612] Quando as mudas estavam grandes o suficiente para serem manuseadas sem danos, elas foram transferidas para placas contendo os meios de indução de brotações (SIM) acima indicados, sem Bialaphos. Cada

plântula foi considerada como um evento diferente. As mudas brotaram perfilhos axilares e, eventualmente, tornaram-se espessas. Cada ramo da mesma planta (ID do evento) foi, em seguida, dividido em caixas de cultura de tecidos (“Húmus”) contendo sais basais de “meio de enraizamento” [sais basais MS, 3% de sacarose, 3 g/L de Phytigel, 2 mg/l de ácido acético ox-naftaleno (NAA/naphthalene Acetic Acid) e 1 mg/l de IAA e Ticarcilina 200mg/L, pH 5,8). Todas as plantas em uma “caixa de Húmus” eram plantas diferentes do mesmo evento de transformação.

[00613] Quando as plantas estabeleceram raízes, elas foram transplantadas para o solo e transferidas para uma estufa. Para verificar o estado de plantas transgênicas contendo as outras estruturas, as plantas T₀ foram sujeitas a PCR, conforme previamente descrito por Vogel et al. 2006 [Agrobacterium mediated transformation and inbred line development in the model grass *Brachypodium distachyon*. *Plant Cell Tiss Org. Cult.* 85:199–211].

EXEMPLO 16

AVALIAÇÃO DE NUE DE ARABIDOPSIS TRANSGÊNICA SOB CONDIÇÕES DE BAIXO NITROGÊNIO OU NORMAL UTILIZANDO ENSAIOS DE MUDAS.

Ensaio 1: Cultivo de planta sob níveis de concentração de nitrogênio baixo e favorável

[00614] Sementes esterilizadas de superfície foram semeadas em meio basal [50% de meio Murashige-Skoog (MS) suplementado com 0,8% de ágar de planta como agente de solidificação] na presença de Canamicina (utilizada como agente de seleção). Após a semeadura, as placas foram transferidas por 2 a 3 dias para estratificação a 4°C e, então, cultivadas a 25°C em ciclos diários de 12 horas de luz e 12 horas de escuridão por 7 a 10 dias. Nesse ponto de tempo, as mudas aleatoriamente escolhidas foram cuidadosamente transferidas para placas contendo ½ meio de MS (15 mM N) para tratamento

de concentração de nitrogênio normal e 0,30 mM de nitrogênio para tratamento de concentração de baixo nitrogênio. Para experimentos realizados em linhas T2, cada placa continha 5 mudas do mesmo evento transgênico e 3 a 4 placas diferentes (replicas) para cada evento. Para cada polinucleotídeo de cada invenção, pelo menos, quatro a cinco eventos de transformação independentes foram analisados a partir de cada estrutura. Para experimentos realizados em linhas T1, cada placa continha 5 mudas do mesmo evento transgênico e 3 a 4 placas diferentes (replicas) foram plantadas. No total, para linhas T1, 20 eventos independentes foram avaliados. As plantas que expressam polinucleotídeos da invenção foram comparadas à medição média das plantas de controle (vetor vazio ou gene repórter GUS no mesmo promotor) utilizada no mesmo experimento.

[00615] Formação de Imagem Digital - Um sistema de aquisição de imagem de laboratório, consistindo de uma câmera de reflexo digital (Canon EOS 300D) anexada a uma lente de 55 mm de comprimento focal (Canon série EF-S), montada em um dispositivo de reprodução (Kaiser RS), que inclui 4 unidades de luz (lâmpada de iluminação de 4 x 150 Watts) e localizada em uma sala escura, foi utilizada para capturar imagens de mudas vistas em placas de ágar.

[00616] O processo de captura de imagem foi repetido a cada 3 a 4 dias, começando no dia 1 até o dia 10 (vide, p. ex. as imagens nas Figuras 3A-B). Um sistema de análise de imagem foi utilizado, o qual consiste em um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 GHz) e um programa de domínio público - ImageJ 1.39 [programa de processamento de imagem com base em Java, desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponibilizado na internet em [rsbweb \(ponto\) nih \(ponto\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/)]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG de baixa compressão. Em seguida, os dados de análise foram salvos em arquivos de

textos e processados utilizando o software de análise estatística JMP (instituto SAS).

[00617] Análise de mudas - Utilizando a análise digital, os dados das mudas foram calculados, incluindo área foliar, cobertura da raiz e comprimento da raiz.

[00618] A taxa de crescimento relativo para os vários parâmetros de muda foi calculada de acordo com as seguintes fórmulas, Fórmulas XIII (taxa de crescimento relativo da área da folha) e VI (taxa de crescimento relativo do comprimento da raiz).

[00619] No final do experimento, as mudas foram removidas do meio e pesadas para a determinação do peso fresco da planta. As mudas foram então secadas por 24 horas a 60°C, e pesadas novamente para medir o peso seco da planta para análise estatística posterior. A taxa de crescimento foi determinada comparando a cobertura da área foliar, cobertura da raiz e comprimento da raiz, entre cada par de fotos sequenciais, e os resultados foram utilizados para resolver o efeito do gene introduzido no vigor da planta sob condições ideais. Semelhantemente, o efeito do gene introduzido em acúmulo de biomassa, sob condições ideais, foi determinado comparando o peso seco e fresco das plantas e daquele das plantas de controle (contendo um vetor vazio ou gene repórter GUS no mesmo promotor). A partir de cada estrutura criada, 3 a 5 eventos de transformação independentes foram examinados em replicados.

[00620] Análises estatísticas - Para identificar os genes que conferem vigor melhorado à planta ou arquitetura melhorada à raiz, os resultados obtidos das plantas transgênicas foram comparados àqueles obtidos das plantas de controle. Para identificar os genes e estruturas de alto desempenho, os resultados dos eventos de transformação independentes testados foram analisados separadamente. Para avaliar o efeito de um evento de gene sobre um controle, os dados foram analisados pelo teste t de Student e o valor-p foi

calculado. Os resultados foram considerados significativos se $p < 0,1$. O pacote de software JMP estatístico foi utilizado (Versão 5.2.1, Instituto SAS Inc., Cary, NC, EUA).

Resultados Experimentais:

[00621] Os genes apresentados nas Tabelas a seguir foram clonados na regulação de um promotor constitutivo (At6669). A avaliação do efeito de transformação em uma planta de cada gene foi realizada pelo teste de desempenho de número diferente de eventos de transformação. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de muda. Os resultados obtidos nesses segundos experimentos também foram significativamente positivos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

[00622] Os genes apresentados nas Tabelas 101- 104 mostraram uma melhora significativa no NUE da planta visto que produziram biomassa de planta maior (peso fresco e seco da planta; área foliar, comprimento da raiz e cobertura da raiz) em geração T2 (Tabelas 101-102) ou geração T1 (Tabelas 103-104) quando cultivadas sob condições de cultivo de nitrogênio limitantes, comparadas às plantas de controle que foram cultivadas sob condições de cultivo idênticas. As plantas que produzem biomassa de raiz maior têm melhores possibilidades de absorver maior quantidade de nitrogênio do solo.

Tabela 101

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições deficientes de nitrogênio (geração T2)

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco (mg)			Peso Fresco (mg)		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU938	80352.1	5,65	L	46	117.0	0.24	68
LNU938	80353.1	-	-	-	103.8	0.04	49
LNU938	80355.5	5,40	0,18	40	90.1	0.22	29
LNU910	80350.1	5,03	0,17	30	103.2	0.09	48
LNU869	80083.3	5,75	L	49	86.0	0.21	23
LNU869	80084.4	5,35	0,10	39	-	-	-
LNU869	80085.2	4,62	0,27	20	-	-	-
LNU869	80085.3	5,15	0,03	34	85.8	0.23	23
LNU840	78676.4	-	-	-	84.8	0.26	22
LNU837	79574.5	4,60	0,26	19	-	-	-
LNU837	79574.7	4,98	0,04	29	91.5	0.17	31
LNU771	80077.2	5,28	0,02	37	85.8	0.06	23
LNU771	80079.3	-	-	-	103.7	0.14	49
CONT.	-	3,86	-	-	69.7	-	-
LNU964	80552.4	4,77	0,04	14	94.8	0.29	19

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU964	80552,6	5,05	0,01	20	103,2	0,06	30
LNU957	80437,1	5,95	L	42	95,0	0,14	20
LNU957	80437,6	5,28	0,29	26	99,7	0,05	26
LNU953	80428,1	5,62	0,05	34	115,3	0,15	45
LNU952	78218,3	-	-	-	104,1	0,14	31
LNU920	78510,1	5,40	0,08	29	105,0	L	32
LNU914	80514,5	5,50	0,02	31	86,1	0,14	8
LNU911	80420,5	-	-	-	98,4	0,29	24
LNU911	80424,2	5,15	0,03	23	127,8	0,09	61
LNU903	80417,6	-	-	-	98,2	0,01	24
LNU901	80474,5	4,62	0,28	10	-	-	-
LNU901	80476,4	4,85	0,18	15	-	-	-
LNU897	80448,3	5,40	0,20	29	99,0	0,03	25
LNU897	80449,1	4,70	0,10	12	-	-	-
LNU892	80410,1	-	-	-	98,8	0,10	24
LNU892	80412,1	4,85	0,13	15	96,0	0,17	21
LNU884	80407,1	6,17	0,02	47	116,2	L	46
LNU884	80407,5	4,88	0,22	16	-	-	-
LNU872	77724,7	5,15	0,13	23	99,7	L	26
LNU872	77725,4	5,10	0,11	21	90,4	0,05	14
LNU869	80084,3	5,30	L	26	93,6	0,05	18
LNU869	80084,4	5,53	0,02	32	114,5	L	44
LNU866	80443,5	5,17	0,09	23	-	-	-
LNU866	80444,2	5,07	0,09	21	-	-	-
LNU844	80342,1	4,55	0,17	8	-	-	-
LNU844	80344,2	5,05	0,21	20	95,6	0,12	20
LNU834_H1	80402,7	5,38	0,17	28	112,4	0,08	42
LNU791	77893,1	5,05	0,08	20	-	-	-
LNU749	80793,5	-	-	-	95,5	0,21	20
CONT.	-	4,20	-	-	79,4	-	-
LNU975	80622,1	5,33	0,02	27	-	-	-
LNU975	80624,3	5,00	0,07	19	-	-	-
LNU819	78133,3	5,53	0,02	32	89,4	0,11	12
LNU817	80596,2	4,68	0,19	12	-	-	-
LNU801	78584,7	4,93	0,04	18	-	-	-
LNU800	77896,2	6,38	L	52	127,4	0,22	60
LNU794	78522,1	5,22	0,08	25	-	-	-
LNU760_H1	80127,4	4,88	0,12	16	87,1	0,16	9
CONT.	-	4,19	-	-	79,9	-	-
LNU971	78395,1	-	-	-	92,1	0,13	32
LNU971	78395,5	-	-	-	94,8	0,21	36
LNU944	79779,3	4,07	0,27	14	-	-	-
LNU944	79781,6	-	-	-	98,0	0,11	41
LNU931	79774,5	3,92	0,28	10	-	-	-
LNU930	79770,5	4,88	0,03	36	-	-	-
LNU930	79772,1	3,98	0,11	11	-	-	-
LNU928	78211,4	4,50	0,16	26	94,9	0,18	36
LNU928	78215,4	4,28	0,03	19	-	-	-
LNU917	77498,2	4,42	0,09	24	88,8	0,24	28
LNU917	77500,1	4,55	0,01	27	-	-	-
LNU906	79219,6	-	-	-	87,2	0,17	25
LNU904	78987,1	-	-	-	115,6	0,29	66
LNU904	78987,2	4,33	0,01	21	-	-	-
LNU874	78369,1	-	-	-	85,5	0,12	23
LNU870	78501,1	4,53	0,01	26	-	-	-
LNU870	78505,1	4,12	0,06	15	104,9	0,11	51
LNU870	78505,7	4,22	0,14	18	97,9	0,29	41
LNU867	79589,3	4,40	0,03	23	-	-	-
LNU862	79757,1	4,45	0,08	24	76,6	0,22	10
LNU856	79753,3	-	-	-	80,9	0,14	16
LNU856	79753,5	4,65	0,21	30	97,0	0,20	39

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU829	77912,5	4,38	0,11	22	114,0	0,26	64
LNU825	77716,4	4,03	0,20	13	-	-	-
LNU796	78235,7	4,35	0,27	22	-	-	-
LNU792	79161,2	4,33	L	21	-	-	-
LNU792	79215,1	4,15	0,14	16	-	-	-
LNU763	77588,7	-	-	-	97,1	0,26	39
LNU758	79739,5	4,00	0,18	12	-	-	-
LNU758	79740,3	-	-	-	99,3	0,29	43
CONT.	-	3,58	-	-	69,6	-	-
LNU955	80432,7	5,25	0,02	35	-	-	-
LNU953	80428,1	-	-	-	84,9	0,17	25
LNU949	80557,1	-	-	-	83,8	0,05	24
LNU949	80557,4	-	-	-	77,9	0,23	15
LNU901	80474,2	4,70	0,16	21	86,9	0,20	28
LNU901	80474,3	4,70	0,09	21	98,7	0,04	46
LNU901	80476,4	4,33	0,29	11	-	-	-
LNU892	80414,5	-	-	-	80,2	0,25	19
LNU866	80444,6	4,47	0,21	15	87,8	0,11	30
LNU843	78963,5	-	-	-	79,5	0,27	17
LNU834_H1	80402,3	-	-	-	80,6	0,12	19
LNU834_H1	80402,7	-	-	-	75,9	0,24	12
LNU798	79671,4	-	-	-	86,8	0,20	28
LNU798	79673,2	-	-	-	80,9	0,24	20
LNU787	80547,5	4,97	0,12	27	93,0	L	37
LNU766	78932,1	4,60	0,04	18	100,7	0,13	49
CONT.	-	3,90	-	-	67,7	-	-
LNU844	80344,2	-	-	-	94,6	0,13	18
CONT.	-	-	-	-	80,2	-	-

Tabela 101: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” – valor-p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 102

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições deficientes de nitrogênio (geração T2)

Nome do Gene	Evento #	Área Foliar [cm ²]			Cobertura das Raízes [cm ²]			Comprimento das Raízes [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU954	80358,5	0,434	0,02	21	10,8	0,06	40	7,19	L	16
LNU938	80352,1	-	-	-	12,4	L	60	6,92	0,02	12
LNU938	80353,1	0,440	L	22	10,2	0,01	32	7,48	L	21
LNU938	80355,5	0,400	0,18	11	12,8	0,25	66	7,22	0,05	17
LNU910	80346,1	-	-	-	-	-	-	6,80	0,28	10
LNU910	80348,1	0,403	0,08	12	-	-	-	6,82	0,04	11
LNU910	80350,1	0,461	0,02	28	11,3	0,09	47	7,18	L	16
LNU869	80083,3	-	-	-	13,0	0,16	69	7,16	L	16
LNU869	80084,3	0,424	0,09	18	10,3	L	33	6,55	0,23	6
LNU869	80084,4	0,404	0,28	12	9,92	0,16	28	-	-	-
LNU869	80085,2	0,414	0,14	15	-	-	-	-	-	-
LNU869	80085,3	0,477	L	33	13,9	0,02	80	7,69	L	25
LNU840	78676,4	0,456	L	27	-	-	-	6,82	0,28	11
LNU840	78677,1	0,415	0,08	15	8,73	0,18	13	-	-	-
LNU840	78763,2	-	-	-	9,27	0,09	20	-	-	-
LNU840	78763,6	0,432	0,11	20	-	-	-	-	-	-
LNU837	79574,5	0,433	0,09	20	11,2	0,17	44	-	-	-
LNU837	79574,7	0,434	0,02	21	10,6	0,03	38	7,16	0,02	16
LNU837	79575,2	-	-	-	-	-	-	6,54	0,18	6
LNU837	79575,4	0,437	0,19	21	-	-	-	-	-	-
LNU771	80077,2	0,490	L	36	12,9	L	67	7,53	L	22

Nome do Gene	Evento #	Área Foliar [cm²]			Cobertura das Raízes [cm²]			Comprimento das Raízes [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU771	80078,5	0,398	0,22	11	8,87	0,18	15	6,58	0,23	7
LNU771	80079,3	0,495	L	37	-	-	-	7,16	0,22	16
LNU771	80079,4	0,459	L	28	10,0	0,19	30	6,89	0,03	12
CONT.	-	0,360	-	-	7,72	-	-	6,17	-	-
LNU964	80552,4	0,460	0,05	8	12,5	L	39	7,62	0,11	11
LNU964	80552,6	0,514	0,10	21	12,2	0,11	35	8,16	L	19
LNU957	80437,1	0,478	0,16	13	11,8	L	30	7,34	0,19	7
LNU957	80437,6	-	-	-	-	-	-	7,61	0,05	11
LNU953	80428,1	0,467	0,26	10	10,9	0,02	20	7,32	0,15	7
LNU920	78509,5	-	-	-	10,8	0,05	19	7,70	0,04	12
LNU920	78510,1	-	-	-	10,7	0,17	18	7,66	0,02	12
LNU911	80420,5	-	-	-	10,8	0,26	19	7,50	0,09	9
LNU911	80424,2	0,493	0,03	16	11,8	0,19	31	7,51	0,04	10
LNU910	80350,1	-	-	-	-	-	-	7,20	0,20	5
LNU903	80417,6	-	-	-	10,7	0,11	18	7,36	0,10	7
LNU901	80474,3	-	-	-	10,6	0,17	17	-	-	-
LNU901	80476,4	0,450	0,29	6	10,9	0,27	20	7,38	0,07	8
LNU897	80448,3	-	-	-	11,1	0,22	23	-	-	-
LNU897	80449,1	-	-	-	10,8	0,14	20	7,50	0,05	9
LNU892	80412,1	-	-	-	12,5	0,07	39	7,57	0,04	10
LNU884	80407,1	0,481	0,07	13	15,0	0,05	66	7,46	0,07	9
LNU872	77724,7	-	-	-	-	-	-	7,52	0,08	10
LNU872	77725,6	-	-	-	-	-	-	7,24	0,20	6
LNU869	80084,4	0,481	0,27	13	15,0	L	66	8,19	L	19
LNU866	80443,5	0,464	0,07	9	-	-	-	-	-	-
LNU844	80341,2	-	-	-	-	-	-	7,31	0,22	7
LNU844	80342,1	0,457	0,23	8	11,6	0,06	29	7,54	0,13	10
LNU844	80342,4	-	-	-	10,1	0,19	11	7,21	0,20	5
LNU844	80344,2	-	-	-	11,3	0,06	25	7,64	0,08	12
LNU834_H1	80402,7	0,499	L	18	12,9	0,09	43	7,77	0,01	13
LNU805	80784,1	-	-	-	-	-	-	7,37	0,18	8
LNU773	80398,1	-	-	-	10,7	0,13	19	-	-	-
LNU749	80793,5	-	-	-	11,9	0,09	32	7,82	0,02	14
CONT.	-	0,424	-	-	9,05	-	-	6,85	-	-
LNU956	80856,3	0,372	0,21	12	8,68	0,23	20	7,25	0,29	7
LNU818	80919,1	-	-	-	-	-	-	7,21	0,09	6
CONT.	-	0,334	-	-	7,23	-	-	6,79	-	-
LNU975	80622,1	0,400	0,16	15	-	-	-	-	-	-
LNU975	80624,3	0,375	0,17	7	7,86	L	18	7,03	L	14
LNU832_H2	80605,6	0,407	0,02	17	8,29	0,12	25	6,82	L	11
LNU819	78133,3	0,405	0,07	16	9,58	0,01	44	6,60	L	7
LNU817	80596,2	-	-	-	7,47	0,19	12	-	-	-
LNU801	78584,7	-	-	-	7,34	0,04	11	-	-	-
LNU801	78585,5	-	-	-	7,32	0,09	10	-	-	-
LNU801	78585,7	0,427	0,09	22	8,56	0,07	29	6,47	0,26	5
LNU800	77896,2	0,433	L	24	10,00	0,02	51	-	-	-
LNU799	78672,5	-	-	-	7,39	0,24	11	-	-	-
LNU794	78522,1	-	-	-	8,83	0,21	33	6,69	0,08	9
LNU760_H1	80127,4	0,378	0,17	8	9,25	0,06	39	6,45	0,30	5
LNU760_H1	80130,1	-	-	-	7,87	0,09	19	-	-	-
LNU760_H1	80130,4	-	-	-	8,15	0,01	23	6,38	0,16	4
CONT.	-	0,350	-	-	6,64	-	-	6,14	-	-
LNU971	78393,3	-	-	-	-	-	-	7,22	0,14	7
LNU971	78395,2	-	-	-	-	-	-	7,06	0,21	5
LNU971	78395,5	0,486	0,05	19	-	-	-	7,11	0,19	5
LNU931	79774,1	-	-	-	-	-	-	7,25	0,07	7
LNU930	79770,5	-	-	-	10,3	0,30	10	7,15	0,16	6
LNU930	79772,5	-	-	-	11,8	0,02	26	7,10	0,24	5
LNU928	78211,4	0,442	0,15	8	11,0	0,18	17	7,40	0,01	10

Nome do Gene	Evento #	Área Foliar [cm ²]			Cobertura das Raízes [cm ²]			Comprimento das Raízes [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU917	77500,1	0,497	L	22	12,7	0,01	36	7,47	0,01	11
LNU904	78987,1	0,471	0,11	15	-	-	-	7,38	0,17	9
LNU904	78987,2	-	-	-	10,7	0,26	14	-	-	-
LNU904	78989,1	-	-	-	-	-	-	7,04	0,16	4
LNU899	79765,4	-	-	-	10,4	0,21	11	7,57	L	12
LNU899	79765,5	-	-	-	-	-	-	7,26	0,03	8
LNU874	78369,1	0,460	0,08	13	-	-	-	7,15	0,16	6
LNU870	78501,1	0,441	0,16	8	12,1	0,14	29	7,23	0,12	7
LNU870	78505,7	0,474	0,09	16	-	-	-	-	-	-
LNU867	79589,3	-	-	-	14,0	0,05	49	7,27	0,27	8
LNU867	79590,5	-	-	-	-	-	-	7,08	0,24	5
LNU862	79755,9	-	-	-	12,7	0,09	36	7,39	0,02	10
LNU862	79757,1	0,447	0,18	9	12,5	0,04	33	7,29	0,04	8
LNU856	79753,3	0,481	0,13	18	12,3	0,02	31	7,93	L	18
LNU829	77912,3	-	-	-	-	-	-	7,16	0,27	6
LNU829	77912,5	0,455	0,24	11	10,1	0,28	8	7,44	L	10
LNU829	77914,1	-	-	-	-	-	-	7,18	0,07	6
LNU829	77914,2	-	-	-	-	-	-	7,51	L	11
LNU796	78234,5	-	-	-	-	-	-	7,31	0,04	8
LNU796	78235,7	-	-	-	-	-	-	7,44	0,10	10
LNU792	79161,2	0,499	0,03	22	11,3	0,08	21	7,29	0,03	8
LNU792	79215,3	0,469	0,21	15	-	-	-	7,16	0,08	6
LNU763	77588,1	-	-	-	10,5	0,28	11	-	-	-
LNU763	77588,6	0,459	0,14	12	-	-	-	-	-	-
LNU753	77143,3	-	-	-	-	-	-	7,38	0,02	9
CONT.	-	0,409	-	-	9,38	-	-	6,75	-	-
LNU955	80432,7	-	-	-	-	-	-	6,81	0,27	17
LNU953	80428,1	0,458	0,06	11	9,88	0,04	32	6,52	0,07	12
LNU949	80557,1	-	-	-	9,85	0,05	32	6,31	0,15	9
LNU949	80557,2	0,468	0,10	13	8,31	0,29	11	-	-	-
LNU949	80557,4	-	-	-	9,07	0,10	21	-	-	-
LNU901	80474,2	0,525	0,10	27	10,4	0,09	39	7,03	0,02	21
LNU901	80476,4	0,454	0,25	9	10,5	0,10	40	6,40	0,15	10
LNU892	80410,1	-	-	-	9,13	0,03	22	6,37	0,09	10
LNU892	80414,7	-	-	-	9,87	0,11	32	-	-	-
LNU873	80473,6	-	-	-	12,1	0,17	61	6,45	0,26	11
LNU866	80444,6	0,467	0,05	13	9,26	0,18	24	6,23	0,29	7
LNU834_H1	80402,1	-	-	-	9,04	0,21	21	-	-	-
LNU834_H1	80402,3	-	-	-	8,88	0,21	19	-	-	-
LNU834_H1	80402,7	-	-	-	-	-	-	6,38	0,16	10
LNU834_H1	80404,5	0,466	0,17	12	11,5	0,30	54	-	-	-
LNU798	79671,4	0,465	0,09	12	9,92	0,07	32	6,56	0,04	13
LNU798	79673,2	-	-	-	-	-	-	6,61	0,04	14
LNU787	80546,5	-	-	-	8,44	0,19	13	-	-	-
LNU787	80547,4	-	-	-	8,78	0,12	17	6,83	0,01	18
LNU787	80547,5	0,484	L	17	11,8	L	58	7,34	L	27
LNU766	78932,1	0,509	0,02	23	10,3	0,14	37	7,05	L	22
CONT.	-	0,415	-	-	7,49	-	-	5,79	-	-
LNU884	80407,5	0,490	0,23	11	11,9	0,27	17	6,99	0,23	7
LNU844	80341,2	-	-	-	12,4	0,26	23	6,90	0,25	6
LNU791	77895,4	-	-	-	11,8	0,14	17	7,07	0,05	8
CONT.	-	0,440	-	-	10,1	-	-	6,53	-	-

Tabela 102: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” – valor-p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 103

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições deficientes de nitrogênio (geração T1)

Nome do Gene	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]		
	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU859	5,75	0,30	19	-	-	-
CONT.	4,84	-	-	-	-	-
LNU919	5,47	0,11	21	-	-	-
LNU886	-	-	-	113,1	0,13	29
LNU859	5,65	0,07	26	-	-	-
LNU821	-	-	-	100,6	0,23	14
CONT.	4,50	-	-	88,0	-	-
LNU936	5,53	0,22	20	-	-	-
LNU786	5,87	0,02	27	-	-	-
CONT.	4,62	-	-	-	-	-

Tabela 103: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” – valor-p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 104

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições deficientes de nitrogênio (geração T1)

Nome do Gene	Cobertura das Raízes [cm ²]			Comprimento das Raízes [cm]		
	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU818	-	-	-	6,65	0,28	11
CONT.	-	-	-	6,00	-	-
LNU956	17,2	0,17	20	-	-	-
CONT.	14,3	-	-	-	-	-
LNU946	12,3	0,25	22	-	-	-
LNU887	12,6	0,22	25	7,14	0,16	13
LNU786	13,5	0,03	34	7,03	0,19	11
CONT.	10,1	-	-	6,34	-	-

Tabela 104: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” – valor-p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

[00623] Os genes listados nas Tabelas 105-106 melhoraram a taxa de crescimento relativo da planta (taxa de crescimento relativo da área foliar, cobertura da raiz e comprimento da raiz) quando cultivados sob condições de cultivo de nitrogênio limitantes, comparados às plantas de controle (gerações T2 e T1) que foram cultivadas sob condições de cultivo idênticas. As plantas que apresentam taxa de crescimento rápido mostram um estabelecimento melhor da planta em solo sob condições de nitrogênio deficientes. O crescimento mais rápido foi observado quando a taxa de crescimento da área foliar, comprimento da raiz e cobertura da raiz foi medida,

Tabela 105

Genes mostrando a taxa de crescimento melhorada da planta sob condições deficientes de nitrogênio (geração T2)

Nome do Gene	Evento #	RGR da Área Foliar			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU954	80358,5	0,0422	0,08	22	1,29	0,01	42	0,649	0,03	22
LNU938	80352,1	-	-	-	1,48	L	63	0,640	0,03	21
LNU938	80352,2	-	-	-	-	-	-	0,613	0,08	16
LNU938	80353,1	0,0418	0,09	20	1,21	0,01	33	0,666	L	26
LNU938	80354,1	-	-	-	-	-	-	0,588	0,28	11
LNU938	80355,5	-	-	-	1,55	0,01	70	0,673	0,02	27
LNU910	80346,1	-	-	-	-	-	-	0,631	0,14	19
LNU910	80348,1	-	-	-	-	-	-	0,615	0,09	16
LNU910	80350,1	0,0445	0,04	28	1,33	0,01	47	0,646	0,03	22
LNU869	80083,3	-	-	-	1,56	L	72	0,680	0,03	28
LNU869	80084,3	0,0410	0,15	18	1,23	L	35	0,614	0,11	16
LNU869	80084,4	-	-	-	1,15	0,11	27	-	-	-
LNU869	80085,2	-	-	-	1,12	0,21	23	-	-	-
LNU869	80085,3	0,0444	0,08	28	1,66	L	82	0,673	0,05	27
LNU840	78676,4	0,0428	0,15	23	-	-	-	-	-	-
LNU840	78677,1	-	-	-	1,04	0,24	15	0,606	0,15	14
LNU840	78763,2	-	-	-	1,12	0,13	24	0,605	0,24	14
LNU840	78763,6	0,0405	0,23	17	-	-	-	0,598	0,26	13
LNU837	79574,5	-	-	-	1,35	0,02	49	0,622	0,13	17
LNU837	79574,7	0,0416	0,11	20	1,27	L	40	0,664	0,01	25
LNU837	79575,2	-	-	-	-	-	-	0,589	0,23	11
LNU837	79575,4	0,0420	0,22	21	1,13	0,19	24	-	-	-
LNU771	80077,2	0,0454	0,02	31	1,52	L	68	0,689	L	30
LNU771	80077,4	-	-	-	-	-	-	0,594	0,22	12
LNU771	80078,5	-	-	-	1,06	0,21	17	0,605	0,15	14
LNU771	80079,3	0,0451	0,07	30	1,25	0,06	38	0,656	0,08	24
LNU771	80079,4	0,0454	0,02	31	1,18	0,08	30	0,613	0,12	16
CONT.	-	0,0347	-	-	0,908	-	-	0,530	-	-
LNU964	80548,3	-	-	-	-	-	-	0,685	0,26	12
LNU964	80552,4	0,0460	0,23	13	1,49	0,01	40	0,727	0,07	19
LNU964	80552,6	0,0475	0,17	17	1,45	0,04	37	0,734	0,04	20
LNU957	80437,1	-	-	-	1,38	0,06	30	-	-	-
LNU953	80428,1	-	-	-	1,27	0,18	20	-	-	-
LNU920	78509,5	-	-	-	1,27	0,19	19	0,703	0,14	15
LNU920	78510,1	-	-	-	1,26	0,22	18	-	-	-
LNU911	80424,2	0,0463	0,23	14	1,35	0,13	27	-	-	-
LNU903	80417,6	-	-	-	1,29	0,18	21	0,693	0,18	14
LNU901	80474,3	-	-	-	1,27	0,22	19	0,709	0,15	16
LNU901	80476,4	-	-	-	1,27	0,25	19	-	-	-
LNU897	80448,3	-	-	-	1,31	0,17	23	-	-	-
LNU897	80449,1	-	-	-	1,30	0,17	22	0,696	0,17	14
LNU892	80412,1	-	-	-	1,51	0,02	42	0,701	0,15	15
LNU884	80407,1	-	-	-	1,81	L	70	-	-	-
LNU872	77724,7	-	-	-	-	-	-	0,691	0,19	13
LNU872	77725,6	-	-	-	-	-	-	0,704	0,13	15
LNU869	80084,3	-	-	-	1,26	0,28	18	-	-	-
LNU869	80084,4	0,0473	0,20	16	1,80	L	69	0,760	0,02	25
LNU844	80341,2	-	-	-	-	-	-	0,701	0,16	15
LNU844	80342,1	-	-	-	1,38	0,06	29	-	-	-
LNU844	80344,2	-	-	-	1,35	0,09	27	0,698	0,18	14
LNU834_H1	80402,7	-	-	-	1,55	0,01	46	0,765	0,02	25
LNU773	80398,1	-	-	-	1,30	0,18	22	-	-	-
LNU749	80793,5	-	-	-	1,42	0,05	33	0,722	0,08	18

Nome do Gene	Evento #	RGR da Área Foliar			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
CONT.	-	0,0407	-	-	1.06	-	-	0.610	-	-
LNU956	80854,3	-	-	-	1.06	0.29	21	-	-	-
LNU956	80856,3	0,0385	0,26	12	1.06	0.19	22	0.711	0.26	8
CONT.	-	0,0344	-	-	0.873	-	-	0.661	-	-
LNU975	80624,3	-	-	-	0.904	0.17	16	-	-	-
LNU832_H2	80605,6	0,0371	0,14	17	0.951	0.11	22	0.610	0.02	11
LNU819	78133,3	0,0361	0,26	14	1.12	L	44	-	-	-
LNU801	78585,7	0,0370	0,21	17	0.994	0.05	27	-	-	-
LNU800	77896,2	0,0377	0,09	19	1.18	L	51	-	-	-
LNU794	78522,1	-	-	-	1.03	0.06	31	-	-	-
LNU760_H1	80127,2	-	-	-	0.896	0.27	15	-	-	-
LNU760_H1	80127,4	-	-	-	1.08	L	37	-	-	-
LNU760_H1	80130,1	-	-	-	0.909	0.20	16	-	-	-
LNU760_H1	80130,4	-	-	-	0.964	0.05	23	0.600	0.05	10
CONT.	-	0,0317	-	-	0.782	-	-	0.548	-	-
LNU971	78395,2	-	-	-	-	-	-	0.658	0.21	10
LNU971	78395,5	0,0486	0,09	21	-	-	-	-	-	-
LNU930	79772,5	-	-	-	1.39	0.04	26	-	-	-
LNU928	78211,4	0,0470	0,14	17	1.30	0.19	18	0.672	0.13	12
LNU917	77500,1	0,0487	0,08	21	1.49	0.01	36	-	-	-
LNU904	78987,1	0,0469	0,19	17	-	-	-	-	-	-
LNU904	78987,2	0,0455	0,26	13	1.26	0.27	15	-	-	-
LNU874	78369,1	0,0481	0,09	20	-	-	-	-	-	-
LNU870	78501,1	-	-	-	1.45	0.04	32	0.659	0.25	10
LNU870	78505,7	0,0478	0,13	19	1.28	0.26	16	-	-	-
LNU867	79589,3	-	-	-	1.68	L	52	0.684	0.12	14
LNU862	79755,9	-	-	-	1.52	0.01	38	0.702	0.03	17
LNU862	79757,1	0,0463	0,20	15	1.51	0.01	37	0.696	0.06	16
LNU856	79753,3	0,0495	0,08	23	1.47	0.01	33	0.693	0.07	16
LNU856	79753,5	0,0453	0,29	13	1.31	0.21	19	-	-	-
LNU852	79580,2	-	-	-	-	-	-	0.654	0.24	9
LNU829	77912,3	-	-	-	-	-	-	0.658	0.25	10
LNU796	78234,5	0,0455	0,23	13	-	-	-	-	-	-
LNU796	78235,7	-	-	-	1.45	0.08	32	0.668	0.20	11
LNU792	79161,2	0,0485	0,09	21	1.37	0.06	24	0.680	0.10	14
LNU792	79215,1	-	-	-	-	-	-	0.665	0.17	11
LNU792	79215,3	-	-	-	1.38	0.12	26	-	-	-
LNU763	77588,1	-	-	-	1.26	0.26	15	-	-	-
LNU763	77588,8	-	-	-	-	-	-	0.706	0.04	18
LNU753	77141,2	-	-	-	1.46	0.07	32	0.666	0.21	11
CONT.	-	0,0402	-	-	1.10	-	-	0.599	-	-
LNU955	80432,7	-	-	-	1.61	0.01	78	0.669	0.22	19
LNU953	80428,1	-	-	-	1.19	0.04	31	-	-	-
LNU949	80557,1	-	-	-	1.18	0.05	30	-	-	-
LNU949	80557,2	0,0476	0,13	18	-	-	-	-	-	-
LNU949	80557,4	-	-	-	1.11	0.16	22	-	-	-
LNU914	80514,5	-	-	-	1.09	0.25	20	-	-	-
LNU901	80474,2	0,0513	0,06	27	1.24	0.03	37	-	-	-
LNU901	80474,3	-	-	-	1.10	0.23	21	-	-	-
LNU901	80476,4	-	-	-	1.27	0.03	39	0.632	0.30	12
LNU892	80410,1	-	-	-	1.11	0.09	23	0.649	0.14	15
LNU892	80414,7	-	-	-	1.21	0.05	34	-	-	-
LNU873	80473,6	-	-	-	1.44	L	59	-	-	-
LNU866	80444,6	-	-	-	1.12	0.16	24	0.643	0.25	14
LNU834_H1	80402,1	-	-	-	1.11	0.16	22	-	-	-
LNU834_H1	80402,3	-	-	-	1.08	0.20	19	-	-	-
LNU834_H1	80404,5	-	-	-	1.40	0.04	55	0.656	0.22	16
LNU798	79671,4	-	-	-	1.18	0.06	30	-	-	-
LNU798	79673,2	-	-	-	1.08	0.26	19	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	RGR da Área Foliar			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU787	80546,5	-	-	-	-	-	-	0.648	0.20	15
LNU787	80547,4	-	-	-	1.06	0.21	16	-	-	-
LNU787	80547,5	0,0478	0,11	18	1.41	L	56	0.686	0.08	22
LNU766	78932,1	0,0482	0,11	19	1.23	0.04	36	0.653	0.19	16
CONT.	-	0,0404	-	-	0.907	-	-	0.565	-	-
LNU884	80407,5	-	-	-	1.42	0.22	21	0.633	0.04	17
LNU872	77725,4	-	-	-	-	-	-	0.584	0.22	8
LNU844	80341,2	-	-	-	1.47	0.17	24	0.591	0.25	9
LNU791	77895,4	-	-	-	1.37	0.26	16	0.584	0.22	8
CONT.	-	-	-	-	1.18	-	-	0.541	-	-

Tabela 105: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 106

Genes mostrando a taxa de crescimento melhorada da planta sob condições deficientes de nitrogênio (geração T2)

Nome do Gene	RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU818	-	-	-	0,691	0,11	14
CONT.	-	-	-	0,606	-	-
LNU956	2,09	0,13	20	-	-	-
CONT.	1,74	-	-	-	-	-
LNU946	1,51	0,20	23	-	-	-
LNU932	-	-	-	0,739	0,23	17
LNU887	1,53	0,17	25	0,722	0,18	14
LNU786	1,65	0,04	35	0,741	0,15	17
CONT.	1,22	-	-	0,635	-	-

Tabela 106: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

[00624] Os genes listados nas Tabelas 107-110 melhoraram a NUE da planta quando cultivadas em níveis de concentração de nitrogênio padrão. Esses genes produziram biomassa de planta maior (peso fresco e seco da planta; área foliar, cobertura da raiz e comprimento da raiz) quando cultivadas sob condições de cultivo de nitrogênio padrão, comparado àquelas plantas de controle que foram cultivadas sob condições de cultivo idênticas em geração T2 (Tabelas 107-108) ou geração T1 (Tabelas 109-110). A biomassa maior da planta nessas condições de cultivo indica a alta capacidade da planta de melhor metabolizar o nitrogênio presente no meio. As plantas que produzem biomassa de raiz maior têm melhores possibilidades de absorver maior quantidade de nitrogênio do solo.

Tabela 107 Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições de cultivo de nitrogênio padrão (geração T2)

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU938	80355,5	6,80	0,27	16	140,0	0,21	43
LNU910	80348,5	-	-	-	129,1	0,21	32
LNU910	80350,1	7,17	0,12	23	118,7	0,18	21
LNU869	80083,3	7,10	0,09	21	142,9	0,12	46
LNU869	80084,4	10,3	0,10	77	184,2	L	88
LNU869	80085,3	8,25	0,01	41	158,8	0,02	63
LNU771	80077,2	-	-	-	170,8	L	75
LNU771	80079,3	-	-	-	123,8	0,26	27
CONT.	-	5,85	-	-	97,7	-	-
LNU964	80548,3	5,30	0,25	25	112,8	0,03	40
LNU964	80552,4	7,85	0,04	86	162,1	0,06	101
LNU964	80552,6	5,70	0,01	35	103,6	0,07	28
LNU955	80432,7	6,63	0,03	57	120,4	0,03	49
LNU953	80428,1	5,40	0,15	28	-	-	-
LNU953	80429,2	6,83	0,16	62	143,8	0,24	78
LNU949	80557,4	5,85	L	38	112,4	L	39
LNU914	80514,5	5,70	0,16	35	115,7	0,18	43
LNU901	80474,2	6,75	0,03	60	128,8	L	60
LNU901	80474,3	7,58	0,02	79	130,8	0,06	62
LNU901	80476,4	-	-	-	116,2	0,17	44
LNU892	80410,1	6,50	L	54	137,1	0,03	70
LNU892	80412,1	5,70	0,21	35	-	-	-
LNU892	80414,7	6,03	0,13	43	125,5	0,19	55
LNU873	80469,3	6,42	0,10	52	119,8	0,18	49
LNU873	80473,6	4,80	0,20	14	96,2	0,24	19
LNU866	80444,6	7,20	0,03	70	150,2	0,15	86
LNU843	78963,5	4,60	0,23	9	93,2	0,21	16
LNU834_H1	80402,1	6,35	0,14	50	116,8	0,08	45
LNU834_H1	80402,3	5,88	0,04	39	97,9	0,22	21
LNU834_H1	80404,5	6,05	0,05	43	113,1	0,03	40
LNU798	79669,1	5,67	0,12	34	102,2	0,04	27
LNU798	79671,4	-	-	-	132,5	L	64
LNU798	79673,2	5,62	0,13	33	106,7	0,14	32
LNU787	80546,5	6,68	0,04	58	126,0	0,01	56
LNU787	80547,5	6,70	0,07	59	139,7	0,01	73
LNU766	78931,1	6,05	L	43	117,1	L	45
LNU766	78931,10	7,52	L	78	129,5	0,02	60
LNU766	78932,1	5,47	0,20	30	102,8	0,03	27
CONT.	-	4,22	-	-	80,7	-	-
LNU952	78218,3	6,10	0,25	34	-	-	-
LNU952	78218,6	6,17	0,26	35	133,8	0,14	28
LNU905	79674,4	7,12	0,15	56	138,1	0,20	32
LNU897	80449,1	6,10	0,16	34	-	-	-
LNU884	80407,5	8,55	0,05	87	172,8	0,16	66
LNU872	77723,2	-	-	-	138,9	0,15	33
LNU872	77724,7	8,20	0,02	80	154,9	0,07	48
CONT.	-	4,57	-	-	104,4	-	-

Tabela 107: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 108

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições de cultivo de nitrogênio padrão (geração T2)

Nome Gene	Evento #	Área Foliar [cm ²]			Cobertura das Raízes [cm ²]			Comprimento das Raízes [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU954	80360,1	0,510	0,16	9	-	-	-	-	-	-
LNU938	80355,5	0,554	0,05	19	-	-	-	-	-	-
LNU910	80348,1	0,560	0,27	20	-	-	-	-	-	-
LNU910	80348,5	0,586	L	26	-	-	-	6,83	0,26	9
LNU910	80350,1	0,620	0,02	33	7,98	0,11	22	6,97	L	11
LNU869	80083,3	0,603	0,06	29	-	-	-	-	-	-
LNU869	80084,3	0,564	0,07	21	-	-	-	-	-	-
LNU869	80084,4	0,767	L	65	-	-	-	-	-	-
LNU869	80085,3	0,656	L	41	8,85	L	36	7,14	L	14
LNU840	78676,4	0,527	0,18	13	-	-	-	6,55	0,19	5
LNU840	78677,1	0,533	0,24	14	-	-	-	-	-	-
LNU840	78763,2	0,540	0,16	16	-	-	-	-	-	-
LNU771	80077,2	0,646	0,19	38	9,56	L	47	7,19	L	15
LNU771	80079,3	0,572	0,19	23	-	-	-	-	-	-
LNU771	80079,4	0,538	0,07	15	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,466	-	-	6,52	-	-	6,26	-	-
LNU964	80548,1	0,557	L	23	6,39	0,20	15	6,21	0,06	8
LNU964	80548,3	0,514	0,02	14	-	-	-	-	-	-
LNU964	80552,4	0,699	0,01	54	7,77	0,13	40	6,15	0,26	7
LNU964	80552,6	0,500	0,10	10	-	-	-	6,06	0,28	6
LNU955	80432,7	0,597	0,03	32	9,08	0,09	64	-	-	-
LNU953	80428,1	0,554	0,03	22	7,46	0,07	35	6,21	0,01	8
LNU953	80429,2	0,640	0,12	41	-	-	-	-	-	-
LNU949	80557,4	0,612	L	35	8,01	0,02	45	6,43	L	12
LNU914	80514,5	0,598	L	32	-	-	-	-	-	-
LNU914	80515,6	0,543	0,09	20	-	-	-	-	-	-
LNU901	80474,2	0,598	0,02	32	8,49	0,02	53	6,53	0,07	14
LNU901	80474,3	0,605	L	34	6,52	0,10	18	-	-	-
LNU901	80476,4	0,513	0,05	13	-	-	-	6,25	0,20	9
LNU892	80410,1	0,582	0,07	29	7,37	0,01	33	6,24	0,04	9
LNU892	80414,7	0,552	0,12	22	-	-	-	-	-	-
LNU873	80469,3	0,540	L	19	6,46	0,21	17	-	-	-
LNU873	80473,6	0,502	0,16	11	6,19	0,25	12	-	-	-
LNU866	80444,6	0,678	0,13	50	-	-	-	-	-	-
LNU834_H1	80402,1	0,597	0,03	32	8,21	0,09	48	6,67	L	16
LNU834_H1	80402,3	0,519	0,03	15	6,42	0,10	16	-	-	-
LNU834_H1	80404,5	0,588	L	30	7,17	L	30	6,30	0,21	10
LNU798	79669,1	0,517	0,02	14	-	-	-	-	-	-
LNU798	79671,4	0,681	L	51	9,55	0,29	73	6,63	0,26	16
LNU798	79673,2	0,573	0,13	27	7,55	0,29	36	6,66	0,14	16
LNU787	80546,5	0,568	0,01	26	7,62	0,19	38	6,31	0,24	10
LNU787	80547,4	-	-	-	6,11	0,29	10	6,47	0,02	13
LNU787	80547,5	0,607	0,06	34	8,87	0,03	60	6,53	0,02	14
LNU766	78931,1	0,535	0,12	18	7,02	0,09	27	-	-	-
LNU766	78931,10	0,648	0,03	43	8,84	0,01	60	6,78	0,03	18
LNU766	78932,1	0,589	0,05	30	7,38	0,17	33	6,79	0,04	19
CONT.	-	0,453	-	-	5,53	-	-	5,73	-	-
LNU952	78218,6	0,695	0,04	34	7,32	0,16	26	-	-	-
LNU920	78507,1	-	-	-	7,69	0,24	33	-	-	-
LNU920	78510,1	-	-	-	-	-	-	6,53	0,29	10
LNU905	79674,4	0,663	0,16	28	8,22	0,07	42	-	-	-
LNU905	79676,1	0,614	0,20	19	7,19	0,28	24	-	-	-
LNU897	80449,1	0,620	0,17	20	-	-	-	-	-	-
LNU884	80407,5	0,791	0,03	53	9,14	0,04	57	6,76	0,19	14
LNU872	77723,2	0,689	0,15	33	-	-	-	-	-	-

Nome Gene	Evento #	Área Foliar [cm ²]			Cobertura das Raízes [cm ²]			Comprimento das Raízes [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU872	77724,7	0,650	0,10	26	9,50	0,05	64	6,90	0,13	17
LNU791	77895,4	-	-	-	-	-	-	6,62	0,24	12
CONT.	-	0,517	-	-	5,81	-	-	5,91	-	-

Tabela 108: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 109

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições de cultivo de nitrogênio padrão (geração T1)

Nome do Gene	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]		
	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU919	-	-	-	139,8	0,19	15
CONT.	-	-	-	121,4	-	-
LNU956	9,90	0,18	24	-	-	-
LNU749	10,0	0,20	26	-	-	-
CONT.	7,97	-	-	-	-	-

Tabela 109: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, $p < 0,1$ foi considerado como significativo.

Tabela 110

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta sob condições de cultivo de nitrogênio padrão (geração T1)

Nome do Gene	Área Foliar [cm ²]			Cobertura das Raízes [cm ²]			Comprimento das Raízes [cm]		
	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU886	0,752	0,19	14	-	-	-	-	-	-
LNU821	-	-	-	6,89	0,27	18	5,89	0,19	7
CONT.	0,660	-	-	5,83	-	-	5,50	-	-

Tabela 110: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, $p < 0,1$ foi considerado como significativo.

[00625] Os genes listados nas Tabelas 111-112 melhoraram a taxa de crescimento relativo da planta (RGR da área foliar, comprimento da raiz e cobertura da raiz) quando cultivadas em níveis de concentração de nitrogênio padrão. Esses genes produziram plantas que cresceram mais rápido que as plantas de controle quando cultivadas sob condições de cultivo de nitrogênio padrão. O crescimento mais rápido foi observado quando a taxa de crescimento da área foliar, comprimento da raiz e cobertura da raiz foi medida.

Tabela 111

Genes mostrando a taxa de crescimento melhorada sob condições de cultivo de nitrogênio padrão (geração T2)

Nome do Gene	Evento #	RGR da Área Foliar			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU954	80360,4	-	-	-	-	-	-	0.583	0.23	10
LNU938	80354,1	-	-	-	-	-	-	0.588	0.21	11
LNU938	80355,5	0,0549	0,14	18	-	-	-	-	-	-
LNU910	80348,1	0,0555	0,22	19	-	-	-	-	-	-
LNU910	80348,5	0,0588	0,11	26	-	-	-	-	-	-
LNU910	80350,1	0,0617	0,02	32	0,929	0,07	23	0,611	0,06	16
LNU869	80083,3	0,0584	0,12	25	-	-	-	-	-	-
LNU869	80084,3	0,0549	0,16	18	-	-	-	-	-	-
LNU869	80084,4	0,0767	L	64	0,911	0,23	20	-	-	-
LNU869	80085,3	0,0652	L	40	1,02	L	34	0,583	0,21	10
LNU840	78677,1	0,0537	0,25	15	-	-	-	-	-	-
LNU840	78763,2	0,0529	0,30	13	-	-	-	-	-	-
LNU771	80077,2	0,0630	0,05	35	1,11	L	46	0,627	0,09	19
LNU771	80079,3	0,0537	0,30	15	0,859	0,29	13	-	-	-
LNU771	80079,4	0,0544	0,18	17	-	-	-	0,577	0,29	9
CONT.	-	0,0466	-	-	0,758	-	-	0,528	-	-
LNU964	80548,1	0,0572	0,03	23	0,773	0,24	16	0,632	0,08	11
LNU964	80548,3	0,0522	0,26	12	-	-	-	-	-	-
LNU964	80552,4	0,0733	L	58	0,917	0,03	38	-	-	-
LNU964	80552,6	0,0543	0,12	17	-	-	-	-	-	-
LNU955	80432,7	0,0607	0,02	31	1,11	L	67	-	-	-
LNU953	80428,1	0,0561	0,04	21	0,879	0,04	32	-	-	-
LNU953	80429,2	0,0662	L	42	0,787	0,27	18	-	-	-
LNU949	80557,4	0,0630	L	36	0,971	L	46	0,627	0,13	10
LNU914	80514,5	0,0596	0,03	28	-	-	-	-	-	-
LNU914	80515,6	0,0550	0,12	18	-	-	-	-	-	-
LNU901	80474,2	0,0592	0,01	27	1,01	L	52	-	-	-
LNU901	80474,3	0,0623	L	34	0,792	0,16	19	-	-	-
LNU901	80476,4	0,0534	0,15	15	-	-	-	-	-	-
LNU892	80410,1	0,0589	0,02	27	0,890	0,02	34	0,615	0,17	8
LNU892	80414,7	0,0551	0,12	19	-	-	-	-	-	-
LNU873	80469,3	0,0550	0,08	18	0,779	0,26	17	-	-	-
LNU873	80473,6	0,0522	0,24	12	-	-	-	-	-	-
LNU866	80444,6	0,0664	L	43	0,901	0,08	35	-	-	-
LNU834_H1	80402,1	0,0614	L	32	0,965	0,01	45	0,614	0,21	8
LNU834_H1	80402,3	0,0529	0,14	14	0,768	0,25	15	-	-	-
LNU834_H1	80404,5	0,0588	0,01	27	0,859	0,03	29	-	-	-
LNU798	79671,4	0,0701	L	51	1,12	L	68	-	-	-
LNU798	79673,2	0,0585	0,05	26	0,903	0,10	36	0,636	0,17	12
LNU787	80546,5	0,0572	0,03	23	0,899	0,06	35	-	-	-
LNU787	80547,4	-	-	-	-	-	-	0,609	0,25	7
LNU787	80547,5	0,0659	L	42	1,06	L	59	0,634	0,07	12
LNU766	78931,1	0,0539	0,15	16	0,830	0,09	25	-	-	-
LNU766	78931,10	0,0668	L	44	1,02	L	54	0,639	0,10	13
LNU766	78932,1	0,0584	0,04	26	0,864	0,08	30	0,612	0,30	8
CONT.	-	0,0464	-	-	0,665	-	-	0,568	-	-
LNU952	78218,6	0,0694	0,04	41	0,879	0,15	31	0,589	0,13	19
LNU920	78507,1	-	-	-	0,907	0,20	36	-	-	-
LNU905	79674,4	0,0658	0,16	33	0,960	0,06	44	-	-	-
LNU905	79676,1	0,0620	0,15	26	0,848	0,22	27	0,584	0,12	18
LNU897	80449,1	0,0618	0,17	25	-	-	-	-	-	-
LNU884	80407,5	0,0776	0,01	57	1,06	0,02	58	0,593	0,21	19
LNU872	77723,2	0,0681	0,07	38	0,834	0,26	25	0,582	0,26	17
LNU872	77724,7	0,0670	0,03	36	1,08	0,03	61	-	-	-
LNU773	80399,2	-	-	-	0,895	0,24	34	0,583	0,28	17
Nome do Gene	Evento #	RGR da Área Foliar			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
CONT.	-	0,0493	-	-	0,669	-	-	0,497	-	-

Tabela 111: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 112

Genes mostrando a taxa de crescimento melhorada sob condições de cultivo de nitrogênio padrão (geração T1)

Nome do Gene	RGR da Área Foliar			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento das Raízes		
	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU886	-	-	-	0,809	0,25	19	-	-	-
LNU821	-	-	-	0,815	0,19	20	0,590	0,18	9
CONT.	-	-	-	0,680	-	-	0,540	-	-
LNU956	0,0900	0,29	21	-	-	-	-	-	-
CONT.	0,0741	-	-	-	-	-	-	-	-

Tabela 112: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

EXEMPLO 17

AVALIAÇÃO DE NUE, PRODUÇÃO E TAXA DE CRESCIMENTO DE PLANTA DE ARABIDOPSIS TRANSGÊNICA EM FERTILIZAÇÃO DE BAIXO NITROGÊNIO OU NORMAL EM ENSAIO DE ESTUFA

[00626] Ensaio 1: Eficiência no uso do nitrogênio: Produção de semente, biomassa de planta e taxa de crescimento de planta em concentração de nitrogênio ideal e limitada em condições de estufa - Esse ensaio acompanha a produção de semente, a formação de biomassa e o crescimento de área da roseta de plantas cultivadas na estufa em condições de crescimento de nitrogênio não limitantes e limitantes. As sementes de Arabidopsis Transgênica foram semeadas em meios de ágar suplementados com ½ meio de MS e agente de seleção (Canamicina), As sementes transgênicas T₂ foram, então, transplantadas para 1,7 bandejas preenchidas com turfa e perlita em uma proporção de 1:1. As bandejas foram irrigadas com uma solução contendo condições limitantes de nitrogênio, as quais foram atingidas pela irrigação das plantas com uma solução contendo 1,5 mM de nitrogênio inorgânico na forma de KNO₃, suplementado com 1mM de KH₂PO₄, 1mM de MgSO₄, 3,6 mM de KCl, 2 mM de CaCl₂ e microelementos, enquanto níveis normais de nitrogênio foram alcançadas aplicando uma solução de 6 mM de nitrogênio inorgânico também na forma de KNO₃, com 1mM de KH₂PO₄, 1mM de MgSO₄, CaCl₂ e microelementos. Todas as plantas foram cultivadas na estufa até as sementes ficarem maduras. As sementes foram colhidas, extraídas e pesadas. A biomassa de planta restante (o tecido acima do solo) também foi colhida, e pesada imediatamente ou seguindo a secagem no forno a 50°C por 24 horas.

[00627] Cada estrutura foi validada em sua geração T₂, As plantas

transgênicas transformadas com uma estrutura conformada por um vetor vazio carregando o promotor 35S e o marcador selecionável foram utilizadas como controle.

[00628] As plantas foram analisadas por seu tamanho total, taxa de crescimento, tempo de floração, produção de semente, peso de 1.000 sementes, matéria seca e índice de colheita (HI - produção de semente/matéria seca). O desempenho das plantas transgênicas foi comparado às plantas de controle cultivadas em paralelo nas mesmas condições. As plantas transgênicas falsas que expressam o gene repórter uidA (GUS-Intron) ou sem nenhum gene, no mesmo promotor, foram utilizadas como controle.

[00629] O experimento foi planejado na distribuição de lote aleatório aninhado. Para cada gene da invenção, três a cinco eventos de transformação independentes foram analisados de cada estrutura.

[00630] Formação de imagem digital - Um sistema de aquisição de imagem de laboratório, consistindo de uma câmera de reflexo digital (Canon EOS 300D) anexada com uma lente de 55 mm de comprimento focal (Canon série EF-S), montada em um dispositivo de reprodução (Kaiser RS), que inclui 4 unidades de luz (lâmpada de 4 x 150 Watts) foi utilizada para capturar imagens das amostras de plantas.

[00631] O processo de captura de imagem foi repetido a cada 2 dias, começando do dia 1 após o transplante até o dia 15. A mesma câmara, colocada em uma montagem de ferro personalizada, foi usada para capturar as imagens de plantas maiores vistas em cubas brancas em uma estufa controlada pelo ambiente. As cubas são de formato quadrado e incluem bandejas de 1,7 litros. Durante o processo de captura, as cubas foram colocadas abaixo da montagem de ferro, enquanto evitavam a luz solar direta e fundição de sombras.

[00632] Um sistema de análise de imagem foi utilizado, consistindo de um computador (processador Intel P4 3.0 GHz) e um programa de domínio

público - ImageJ 1.39 [programa de processamento de imagem com base em Java, desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponibilizados na internet em [rsbweb \(dot\) nih \(dot\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/)]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG de baixa compressão (Joint Photographic Experts Group padrão). Em seguida, dados de análise foram salvos para arquivos de textos e processados utilizando o software de análise estatística JMP (instituto SAS).

[00633] Análise de folha - Utilizando a análise digital, os dados das folhas foram calculados, incluindo o número da folha, a área da roseta, o diâmetro de roseta e a área da lâmina foliar.

[00634] Taxa de crescimento vegetal: a taxa de crescimento relativo (RGR) do número da folha [Fórmula VIII (descrita acima)], área da roseta [Fórmula IX, descrita acima], cobertura do lote [Fórmula XI, descrita acima] e índice de colheita [Fórmula XV] foram calculadas conforme segue:

Peso médio das sementes - No final do experimento, todas as sementes foram coletadas. As sementes foram espalhadas em uma bandeja de vidro e uma foto foi tirada. Utilizando a análise digital, o número de sementes em cada amostra foi calculado.

[00635] Peso seco e produção de semente - Por volta do 80º dia, as plantas foram colhidas e deixadas para secar a 30°C em uma câmara de secagem. A biomassa e o peso da semente de cada lote foram medidos e divididos pelo número de plantas em cada lote. Peso seco = peso total da parte vegetal acima da terra (excluindo as raízes) após secagem a 30°C em uma câmara de secagem; \blacklozenge Produção de semente por planta = peso total da semente por planta (gr.), peso de 1000 sementes (o peso de 1000 sementes) (gr.).

[00636] O índice de colheita (HI) foi calculado utilizando a Fórmula XV, conforme descrito acima.

[00637] Porcentagem de óleo em sementes - No final do experimento, todas as sementes de cada lote foram coletadas. As sementes de 3 lotes foram misturadas à terra e então montadas na câmara de extração. 210 ml de n-Hexano (Cat N° 080951 Biolab Ltd.) foram utilizadas como solvente. A extração foi realizada por 30 horas em fogo médio a 50°C. Uma vez finalizada a extração, o n-Hexano foi evaporado utilizando o evaporador a 35°C e condições de vácuo. O processo foi repetido duas vezes. A informação obtida do extrator Soxhlet (Soxhlet, F, Die gewichtsanalytische Bestimmung des Milchfettes, Polytechnisches J, (Dingler's) 1879, 232, 461) foi utilizado para criar uma curva de calibração para RMN de Baixa Ressonância. O teor de óleo de todas as amostras foi determinado utilizando o RMN de Baixa Ressonância (MARAN Ultra - Oxford Instrument) e seu pacote de software MultiQuant.

[00638] Análise de comprimento de Sílqua - No dia 50 da semeadura, 30 síliquas de diferentes plantas em cada lote foram amostradas no bloco A. As síliquas escolhidas foram de cor verde-amarela e foram coletadas a partir das partes inferiores de um caule de planta cultivado. Uma fotografia digital foi tirada para determinar o comprimento da síliqua.

[00639] Análise estatística - Para identificar os genes que conferem tolerância significativamente melhorada aos estresses abióticos, os resultados obtidos das plantas transgênicas foram comparados àqueles obtidos das plantas de controle. Para identificar os genes e estruturas de alto desempenho, os resultados dos eventos de transformação independentes testados foram analisados separadamente. Os dados foram analisados pelo teste t de Student e os resultados foram considerados significativos se o valor-p fosse menor que 0.1. O pacote de software JMP estatístico foi utilizado (Versão 5.2.1, Instituto SAS Inc., Cary, NC, EUA).

[00640] As Tabelas 113-122 resumem os fenótipos observados das plantas transgênicas que expressam de forma exógena as estruturas de gene

utilizando ensaios de maturação da semente na estufa (GH-SM) em condições de baixo nitrogênio (Tabelas 113-117) ou de nitrogênio normal (Tabelas 118-122). A avaliação de cada gene foi realizada pelo teste de desempenho de diferentes números de eventos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 113

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições de cultivo de baixo nitrogênio sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Floração			Surgimento de inflorescência		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77448,4	458,1	0,03	17	-	-	-	-	-	-
LNU895	77934,1	416,9	0,10	6	-	-	-	-	-	-
LNU895	77935,3	424,4	0,05	8	-	-	-	-	-	-
LNU878	77252,1	474,4	0,21	21	-	-	-	-	-	-
LNU878	77254,3	420,6	0,07	7	-	-	-	-	-	-
LNU820	77806,2	431,9	0,02	10	-	-	-	-	-	-
LNU820	77807,2	423,8	0,05	8	-	-	-	-	-	-
LNU820	77809,1	445,6	0,22	14	-	-	-	-	-	-
LNU815	77494,1	425,6	0,08	9	-	-	-	-	-	-
LNU808	77678,3	456,9	0,03	17	-	-	-	-	-	-
LNU803	77902,2	446,9	L	14	-	-	-	-	-	-
Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Floração			Surgimento de inflorescência		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU784	77612,3	480,0	L	23	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,1	429,4	0,03	10	-	-	-	-	-	-
LNU779	77887,1	428,1	0,03	9	-	-	-	-	-	-
LNU774	77247,4	408,5	0,25	4	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	391,6	-	-	-	-	-	-	-	-
LNU895	77934,4	616,9	0,07	8	23,0	0,04	-5	18,3	0,21	-4
LNU895	77935,4	-	-	-	-	-	-	18,9	0,30	-1
LNU890	78202,1	616,9	0,18	8	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	633,1	0,19	11	23,5	0,02	-3	18,0	L	-6
LNU878	77254,2	606,9	0,12	6	-	-	-	-	-	-
LNU838	77616,2	-	-	-	23,5	0,02	-3	-	-	-
LNU838	77616,3	593,8	0,30	4	23,6	0,04	-2	-	-	-
LNU838	77617,2	-	-	-	-	-	-	18,5	0,02	-3
LNU838	77617,5	-	-	-	23,7	0,19	-2	-	-	-
LNU811	78179,1	-	-	-	23,2	0,26	-4	18,4	0,01	-4
LNU808	77677,2	-	-	-	-	-	-	18,8	0,27	-1
LNU808	77678,3	633,8	0,12	11	22,7	0,19	-6	17,4	0,21	-9
LNU808	77679,3	-	-	-	23,2	0,09	-4	17,4	L	-9
LNU803	77901,2	-	-	-	23,7	0,06	-2	-	-	-
LNU803	77902,2	676,2	L	18	-	-	-	-	-	-
LNU793	78169,2	-	-	-	22,9	L	-5	-	-	-
LNU784	77615,1	-	-	-	23,2	0,09	-4	-	-	-
LNU784	77615,12	-	-	-	23,1	0,15	-4	17,5	L	-8
LNU775	77592,3	819,8	0,06	43	23,1	0,01	-5	16,6	L	-13
LNU774	77246,3	678,1	0,23	18	21,4	L	-12	16,6	L	-13
LNU774	77247,4	587,5	0,25	3	23,1	0,17	-5	18,6	0,06	-2
LNU754	77801,2	-	-	-	23,1	0,15	-4	18,2	0,05	-5
CONT.	-	572,3	-	-	24,2	-	-	19,1	-	-

Tabela 113: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, $p < 0,1$ foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. N°: 4880). Deve-se observar que um aumento negativo (em porcentagem) quando encontrado na floração ou surgimento de inflorescência indica evasão hídrica da planta.

Tabela 114

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições de cultivo de baixo nitrogênio sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Área da Lâmina Foliar [cm ²]			Número de Folhas			Cobertura do Lote [cm ²]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU895	77933,2	-	-	-	11,8	0,15	3	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	-	-	-	107,1	0,24	19
LNU878	77252,1	2,10	0,15	40	-	-	-	125,2	0,21	39
LNU878	77254,3	1,58	0,04	5	-	-	-	94,6	0,02	5
LNU815	77492,6	-	-	-	11,8	0,15	3	104,9	0,24	17
LNU815	77495,1	1,62	0,19	8	-	-	-	99,5	0,28	11
LNU808	77678,3	1,62	0,26	8	-	-	-	95,9	0,04	7
LNU803	77902,2	-	-	-	12,2	L	8	-	-	-
LNU803	77904,4	1,78	0,15	19	-	-	-	105,6	L	18
LNU784	77615,7	-	-	-	-	-	-	101,6	0,18	13
LNU784	77615,9	1,76	0,11	17	-	-	-	101,2	0,04	13
LNU779	77887,1	-	-	-	-	-	-	93,5	0,25	4
LNU775	77593,3	-	-	-	-	-	-	93,6	0,18	4
LNU774	77246,3	-	-	-	11,8	0,18	4	-	-	-
LNU774	77247,2	-	-	-	11,9	0,11	5	-	-	-
LNU756	77581,3	-	-	-	-	-	-	99,9	0,06	11
LNU756	77585,4	1,55	0,18	3	-	-	-	94,7	0,19	5

Nome do Gene	Evento #	Área da Lâmina Foliar [cm ²]			Número de Folhas			Cobertura do Lote [cm ²]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
CONT.	-	1,50	-	-	11,4	-	-	89,8	-	-
LNU895	77934,4	1,74	0,07	21	-	-	-	108,2	0,29	19
LNU878	77251,3	1,56	0,10	8	-	-	-	-	-	-
LNU838	77616,3	1,54	0,29	7	-	-	-	-	-	-
LNU811	78179,1	1,63	0,02	13	-	-	-	98,9	0,15	9
LNU808	77677,2	1,52	0,28	5	-	-	-	-	-	-
LNU808	77677,3	1,54	0,28	7	-	-	-	-	-	-
LNU808	77678,3	1,61	0,05	12	11,9	0,09	6	104,8	0,06	15
LNU803	77902,2	-	-	-	12,2	0,15	8	-	-	-
LNU803	77904,4	-	-	-	11,9	0,09	6	-	-	-
LNU793	78169,2	1,57	0,11	9	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,1	1,63	0,12	13	-	-	-	102,1	0,05	12
LNU775	77593,1	1,55	0,22	8	-	-	-	-	-	-
LNU774	77246,3	1,96	0,04	36	-	-	-	120,5	0,03	32
LNU769	78165,2	-	-	-	11,8	0,14	5	-	-	-
CONT.	-	1,44	-	-	11,3	-	-	91,1	-	-

Tabela 114: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. Nº: 4880).

Tabela 115

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições de cultivo de baixo nitrogênio sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura de Lote			RGR do Diâmetro da Roseta		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU940	77812,1	0,886	0,08	17	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	13,8	0,13	19	-	-	-
LNU878	77252,1	-	-	-	16,2	L	39	0,597	0,03	17
LNU820	77807,2	0,838	0,28	11	-	-	-	-	-	-
LNU815	77492,6	-	-	-	13,7	0,16	17	-	-	-
LNU815	77495,1	-	-	-	-	-	-	0,562	0,15	10
LNU803	77902,2	0,905	0,04	19	-	-	-	-	-	-
LNU803	77902,3	0,855	0,22	13	-	-	-	-	-	-
LNU803	77904,4	-	-	-	13,7	0,14	18	0,570	0,09	11
LNU784	77612,3	0,905	0,08	19	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,7	-	-	-	13,2	0,27	13	-	-	-
LNU784	77615,9	-	-	-	13,1	0,30	12	-	-	-
LNU756	77581,3	-	-	-	-	-	-	0,550	0,28	7
LNU756	77584,2	0,851	0,20	12	-	-	-	-	-	-
LNU754	77805,2	0,863	0,17	14	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,758	-	-	11,7	-	-	0,513	-	-
LNU895	77934,4	-	-	-	13,3	0,20	19	0,542	0,23	13
LNU890	78204,6	0,798	0,22	14	-	-	-	-	-	-
LNU811	78179,1	-	-	-	-	-	-	0,542	0,23	13
LNU803	77901,2	-	-	-	-	-	-	0,547	0,22	14
LNU803	77902,2	0,841	0,09	20	-	-	-	-	-	-
LNU775	77591,2	0,798	0,23	14	-	-	-	-	-	-
LNU775	77593,1	-	-	-	-	-	-	0,544	0,23	13
LNU774	77246,3	-	-	-	14,9	0,03	33	0,573	0,08	19
LNU769	78165,1	0,796	0,23	13	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,703	-	-	11,2	-	-	0,481	-	-

Tabela 115: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. Nº: 4880).

Tabela 116

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições de cultivo de baixo nitrogênio sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Índice de Colheita			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU940	77811,5	0,458	0,18	7	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	13,4	0,24	19	6,05	0,10	8
LNU878	77252,1	-	-	-	15,7	0,21	39	6,61	0,19	18
LNU878	77254,3	-	-	-	11,8	0,02	5	-	-	-
LNU838	77616,2	0,476	0,11	11	-	-	-	-	-	-
LNU838	77617,2	0,472	0,07	10	-	-	-	-	-	-
LNU820	77806,6	0,471	0,08	10	-	-	-	-	-	-
LNU815	77492,2	0,484	0,03	13	-	-	-	-	-	-
LNU815	77492,6	-	-	-	13,1	0,24	17	5,91	0,28	5
LNU815	77495,1	-	-	-	12,4	0,28	11	-	-	-
LNU808	77678,3	-	-	-	12,0	0,04	7	-	-	-
LNU808	77679,3	0,466	0,11	9	-	-	-	-	-	-
LNU803	77901,2	0,497	0,01	16	-	-	-	-	-	-
LNU803	77904,4	-	-	-	13,2	L	18	6,22	L	11
LNU784	77615,12	0,458	0,18	7	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,7	-	-	-	12,7	0,18	13	5,98	0,17	6
LNU784	77615,9	-	-	-	12,7	0,04	13	6,05	L	8
LNU779	77887,1	-	-	-	11,7	0,25	4	5,78	0,20	3
LNU779	77890,3	0,464	0,17	8	-	-	-	-	-	-
LNU777	77573,3	-	-	-	-	-	-	6,02	0,14	7
LNU775	77593,3	-	-	-	11,7	0,18	4	-	-	-
LNU756	77581,3	0,469	0,26	10	12,5	0,06	11	-	-	-
LNU756	77585,3	0,452	0,28	6	-	-	-	-	-	-
LNU756	77585,4	-	-	-	11,8	0,19	5	5,86	0,03	4
CONT.	-	0,428	-	-	11,2	-	-	5,61	-	-
LNU895	77934,4	-	-	-	13,5	0,29	19	6,18	0,14	11
LNU878	77251,1	0,461	0,27	6	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	-	-	-	5,84	0,16	5
LNU838	77620,3	0,464	0,23	6	-	-	-	-	-	-
LNU811	78179,1	-	-	-	12,4	0,15	9	6,09	0,01	9
LNU811	78180,3	0,489	0,03	12	-	-	-	-	-	-
LNU808	77677,5	0,494	0,06	13	-	-	-	-	-	-
LNU808	77678,3	-	-	-	13,1	0,06	15	5,95	0,11	7
LNU797	78021,2	0,467	0,17	7	-	-	-	-	-	-
LNU797	78025,3	0,485	0,22	11	-	-	-	-	-	-
LNU793	78169,1	0,474	0,09	8	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,1	-	-	-	12,8	0,05	12	6,06	0,04	9
LNU775	77593,1	-	-	-	-	-	-	5,84	0,19	5
LNU774	77246,3	-	-	-	15,1	0,03	32	6,62	0,13	19
LNU774	77247,4	0,481	0,07	10	-	-	-	-	-	-
LNU770	77922,1	0,499	0,15	14	-	-	-	-	-	-
LNU770	77925,3	0,460	0,27	5	-	-	-	-	-	-
LNU761	78159,1	0,473	0,10	8	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,437	-	-	11,4	-	-	5,58	-	-

Tabela 116: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. N°: 4880).

Tabela 117

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições de cultivo de baixo nitrogênio sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Produção de Semente [mg]			Peso de 1000 Sementes [mg]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77448,4	-	-	-	26,4	0,09	26
LNU878	77252,1	-	-	-	25,9	0,08	23
LNU878	77254,3	-	-	-	22,6	0,19	7
LNU841	77146,1	-	-	-	21,7	L	3
LNU841	77148,1	-	-	-	21,6	0,12	3
LNU838	77616,2	187,7	0,22	12	-	-	-
LNU820	77807,2	-	-	-	22,7	0,12	8
LNU820	77809,1	-	-	-	24,4	0,21	16

LNU815	77494,1	-	-	-	23.6	0.25	12
LNU808	77678,1	180,2	0,25	8	21.5	0.25	3
LNU808	77678,3	-	-	-	22.8	L	9
LNU808	77679,3	182,7	0,21	9	-	-	-
LNU803	77901,2	182,5	0,22	9	-	-	-
LNU784	77615,1	-	-	-	22.7	0.07	8
LNU784	77615,9	-	-	-	22.3	0.13	6
LNU779	77887,1	186,2	0,10	11	-	-	-
LNU779	77890,3	187,5	0,19	12	-	-	-
LNU777	77573,3	-	-	-	22.1	L	5
LNU774	77246,3	-	-	-	23.1	0.23	10
LNU770	77922,1	183,6	0,14	10	-	-	-
LNU756	77584,6	-	-	-	23.0	0.09	10
CONT.	-	167,4	-	-	21.0	-	-
LNU890	78202,1	-	-	-	22.7	0.17	13
LNU878	77254,2	273,8	0,01	10	-	-	-
LNU878	77254,3	-	-	-	20.8	L	4
LNU838	77616,3	262,1	0,13	5	-	-	-
LNU811	78180,3	266,8	0,26	7	-	-	-
LNU808	77678,3	-	-	-	20.9	0.03	4
LNU803	77902,2	-	-	-	21.8	0.19	9
LNU797	78025,2	-	-	-	21.4	0.28	7
LNU797	78025,3	266,7	0,11	7	-	-	-
LNU793	78169,2	262,4	0,19	5	-	-	-
LNU775	77592,3	-	-	-	24.0	0.01	20
LNU774	77246,3	-	-	-	21.0	0.01	5
LNU774	77247,4	282,3	0,02	13	-	-	-
CONT.	-	249,0	-	-	20.0	-	-

Tabela 117: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, $p < 0,1$ foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. Nº: 4880).

Tabela 118

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições normais de cultivo sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Floração			Surgimento de inflorescência		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77446,1	-	-	-	17.1	0.23	-4	-	-	-
LNU947	77447,3	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Floração			Surgimento de inflorescência		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77448,3	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU947	77448,4	831,9	0,14	5	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU895	77935,4	893,8	0,19	13	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	871,2	0,06	10	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU878	77252,1	859,4	0,03	9	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU878	77254,3	884,4	L	12	-	-	-	-	-	-
LNU841	77148,4	-	-	-	17.1	0.23	-4	-	-	-
LNU820	77807,2	833,1	0,13	5	-	-	-	-	-	-
LNU815	77492,2	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU808	77678,3	904,3	0,30	14	-	-	-	-	-	-
LNU808	77679,3	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU803	77902,2	879,9	0,11	11	-	-	-	-	-	-
LNU803	77904,4	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU784	77612,3	970,6	0,21	23	-	-	-	-	-	-
LNU779	77889,3	836,2	0,12	6	-	-	-	-	-	-
LNU777	77573,3	893,1	L	13	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU777	77574,4	-	-	-	17.1	0.23	-4	-	-	-
LNU774	77246,3	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU774	77248,2	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU756	77581,3	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
LNU756	77584,2	835,7	0,11	6	-	-	-	-	-	-
LNU756	77584,6	887,9	L	12	-	-	-	-	-	-
LNU754	77801,2	-	-	-	17.0	0.15	-5	-	-	-
CONT.	-	791,6	-	-	17.9	-	-	-	-	-
LNU895	77934,4	1115,6	0,09	15	-	-	-	-	-	-
LNU890	78202,1	1017,5	0,19	5	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	1237,0	0,01	28	22.8	L	-6	18.1	L	-5
LNU878	77252,1	-	-	-	23.2	0.21	-5	17.7	0.08	-7
LNU878	77254,2	1026,6	0,24	6	23.7	0.03	-3	18.6	0.28	-2
LNU878	77254,3	1068,1	0,02	10	-	-	-	-	-	-
LNU841	77148,1	-	-	-	-	-	-	18.5	0.29	-2
LNU838	77616,2	-	-	-	-	-	-	18.7	0.10	-2
LNU838	77617,5	-	-	-	23.5	L	-4	-	-	-
LNU811	78179,1	-	-	-	23.6	0.18	-3	17.9	0.25	-6
LNU808	77678,3	-	-	-	22.9	L	-6	17.2	0.25	-9
LNU808	77679,3	-	-	-	23.7	0.02	-3	18.2	0.07	-4
LNU803	77902,2	1035,0	0,07	7	-	-	-	18.2	0.07	-4
LNU803	77904,4	-	-	-	23.7	0.03	-3	-	-	-
LNU797	78025,2	1087,7	L	12	-	-	-	-	-	-
LNU793	78168,1	1024,6	0,24	6	-	-	-	-	-	-
LNU793	78169,2	-	-	-	22.1	0.05	-9	17.3	0.06	-9

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Floração			Surgimento de inflorescência		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU784	77615,12	-	-	-	23.6	0.02	-3	17.9	0.25	-6
LNU784	77615,9	-	-	-	-	-	-	18.2	0.07	-4
LNU775	77592,3	1193,1	L	23	22.7	L	-7	16.6	L	-13
LNU775	77593,3	-	-	-	23.2	0.06	-5	18.7	0.10	-2
LNU774	77246,3	1090,6	L	13	22.0	L	-10	16.5	L	-13
LNU774	77247,2	-	-	-	-	-	-	18.8	0.27	-1
LNU774	77247,4	-	-	-	23.2	0.06	-5	-	-	-
LNU761	78159,1	1029,3	0,09	6	-	-	-	-	-	-
LNU761	78160,7	1050,0	0,23	9	-	-	-	-	-	-
LNU754	77801,2	-	-	-	23.1	0.30	-5	-	-	-
CONT.	-	967,7	-	-	24.4	-	-	19.0	-	-

Tabela 118: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob

regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. N°: 4880). Deve-se observar que um aumento negativo (em porcentagem) quando encontrado na floração ou surgimento de inflorescência indica evasão hídrica da planta.

Tabela 119

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições normais de cultivo sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Área da Lâmina Foliar [cm ²]			Número de Folhas			Cobertura do Lote [cm ²]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77448,4	-	-	-	-	-	-	107,3	0,29	13
LNU940	77812,1	-	-	-	11,6	0,19	5	-	-	-
LNU895	77935,4	1,76	0,16	7	11,7	0,11	6	106,3	0,07	11
LNU878	77251,3	1,95	0,27	19	11,8	0,05	6	-	-	-
LNU878	77252,1	2,01	0,18	22	-	-	-	117,3	0,10	23
LNU841	77146,2	-	-	-	11,9	0,13	8	-	-	-
LNU820	77807,2	-	-	-	11,7	0,07	6	-	-	-
LNU808	77677,5	-	-	-	12,1	0,20	9	-	-	-
LNU803	77901,2	1,75	0,23	7	-	-	-	-	-	-
LNU803	77902,2	-	-	-	11,9	0,02	8	-	-	-
LNU803	77904,4	-	-	-	12,1	0,20	9	-	-	-
LNU777	77573,3	1,85	0,19	12	11,6	0,11	5	108,5	0,26	14
LNU777	77574,4	-	-	-	11,8	0,29	7	-	-	-
LNU775	77593,3	-	-	-	11,6	0,19	5	-	-	-
LNU774	77247,2	-	-	-	11,6	0,19	5	-	-	-
LNU770	77922,1	-	-	-	11,4	0,30	3	-	-	-
LNU770	77925,3	-	-	-	11,4	0,30	3	-	-	-
LNU756	77585,3	-	-	-	12,1	0,05	10	-	-	-
LNU754	77801,2	-	-	-	-	-	-	102,1	0,21	7
LNU754	77802,2	-	-	-	-	-	-	105,1	0,25	10
CONT.	-	1,64	-	-	11,1	-	-	95,3	-	-
LNU878	77251,3	1,86	0,03	21	11,8	0,10	8	115,4	0,03	23
LNU878	77252,1	1,74	0,13	13	-	-	-	108,2	0,13	15
LNU838	77616,3	-	-	-	11,2	0,17	3	-	-	-
LNU838	77620,3	-	-	-	11,4	0,07	4	-	-	-
LNU808	77679,3	-	-	-	11,5	0,05	5	-	-	-
LNU803	77902,3	-	-	-	11,3	0,24	4	-	-	-
LNU784	77615,1	-	-	-	12,0	0,15	10	-	-	-
LNU775	77592,3	1,94	0,20	26	-	-	-	115,8	0,11	23
LNU774	77246,3	2,07	0,02	34	12,1	L	11	132,2	0,09	41
LNU774	77247,4	-	-	-	11,2	0,23	3	-	-	-
CONT.	-	1,54	-	-	10,9	-	-	94,0	-	-

Tabela 119: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. N°: 4880).

Tabela 120

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições normais de cultivo sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77446,1	0,846	0,15	20	-	-	-	-	-	-
LNU947	77448,4	0,879	0,09	25	-	-	-	-	-	-
LNU940	77811,2	0,810	0,28	15	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,1	0,813	0,28	16	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	15,5	0,11	25	-	-	-
LNU878	77252,1	-	-	-	15,2	0,12	23	-	-	-
LNU841	77146,2	0,845	0,16	20	-	-	-	-	-	-
LNU838	77620,3	0,818	0,24	16	-	-	-	-	-	-
LNU820	77807,2	0,889	0,06	27	-	-	-	-	-	-
LNU808	77677,5	0,854	0,13	22	-	-	-	-	-	-
LNU803	77902,2	0,913	0,03	30	-	-	-	-	-	-
LNU803	77903,1	0,827	0,21	18	-	-	-	-	-	-
LNU779	77887,3	0,817	0,25	16	-	-	-	-	-	-
LNU777	77574,4	0,843	0,15	20	-	-	-	-	-	-
LNU775	77591,2	0,818	0,26	17	-	-	-	-	-	-
LNU774	77247,2	-	-	-	15,9	0,09	28	0,632	0,21	13
LNU770	77925,3	0,811	0,26	16	-	-	-	-	-	-
LNU756	77585,3	0,859	0,12	22	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,702	-	-	12,4	-	-	0,558	-	-
LNU959	78222,8	0,790	0,23	17	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	14,2	0,22	21	-	-	-
LNU878	77254,2	0,803	0,16	19	-	-	-	-	-	-
LNU811	78179,1	0,782	0,26	16	-	-	-	-	-	-
LNU803	77901,2	0,820	0,12	21	-	-	-	-	-	-
LNU797	78022,1	0,811	0,12	20	-	-	-	-	-	-
LNU797	78025,3	0,822	0,13	22	-	-	-	-	-	-
LNU793	78168,1	0,790	0,23	17	-	-	-	-	-	-
LNU793	78169,2	-	-	-	14,3	0,28	22	-	-	-
LNU784	77612,3	0,781	0,22	16	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,1	0,784	0,25	16	-	-	-	-	-	-
LNU775	77592,3	-	-	-	14,3	0,21	22	-	-	-
LNU774	77246,3	-	-	-	16,5	0,03	40	0,588	0,20	16
LNU774	77247,2	0,812	0,13	20	-	-	-	-	-	-
LNU761	78159,1	0,775	0,27	15	-	-	-	-	-	-
LNU754	77801,2	0,799	0,19	18	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,675	-	-	11,7	-	-	0,508	-	-

Tabela 120: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. Nº: 4880).

Tabela 121

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições normais de cultivo sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Índice de Colheita			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77448,4	-	-	-	13.4	0.29	13	-	-	-
LNU940	77812,4	0,500	0,05	7	-	-	-	-	-	-
LNU895	77935,4	-	-	-	13.3	0.07	11	6.22	0.09	5
LNU878	77252,1	-	-	-	14.7	0.10	23	6.58	0.21	12
LNU838	77616,2	0,504	0,02	8	-	-	-	-	-	-
LNU815	77492,2	0,482	0,28	3	-	-	-	-	-	-
LNU808	77677,3	0,488	0,30	5	-	-	-	-	-	-
LNU808	77678,1	0,497	0,05	6	-	-	-	-	-	-
LNU803	77904,4	0,489	0,29	5	-	-	-	-	-	-
LNU784	77615,12	0,505	0,02	8	-	-	-	-	-	-
LNU779	77887,1	0,512	0,08	10	-	-	-	-	-	-
LNU777	77573,3	-	-	-	13.6	0.26	14	6.41	0.19	9
LNU775	77591,2	0,503	0,28	8	-	-	-	-	-	-
LNU775	77593,3	0,503	0,03	8	-	-	-	-	-	-
LNU775	77595,1	0,509	0,01	9	-	-	-	-	-	-
LNU770	77922,4	0,499	0,08	7	-	-	-	-	-	-
LNU756	77585,4	0,491	0,19	5	-	-	-	-	-	-
LNU754	77801,2	0,506	0,26	8	12.8	0.21	7	6.26	0.07	6

LNU754	77802,2	-	-	-	13.1	0.25	10	-	-	-
CONT.	-	0,467	-	-	11.9	-	-	5.90	-	-
LNU959	78224,4	0,527	0,08	22	-	-	-	-	-	-
LNU895	77933,2	0,483	0,07	12	-	-	-	-	-	-
LNU890	78204,4	0,508	0,07	18	-	-	-	-	-	-
LNU890	78204,8	0,519	0,12	20	-	-	-	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	14.4	0.03	23	6.46	0.03	12
LNU878	77252,1	-	-	-	13.5	0.13	15	6.18	0.08	7
LNU878	77254,2	0,480	0,14	11	-	-	-	-	-	-
LNU811	78176,8	0,481	0,04	11	-	-	-	-	-	-
LNU808	77677,5	0,498	0,07	15	-	-	-	-	-	-
LNU803	77902,3	0,471	0,08	9	-	-	-	-	-	-
LNU803	77903,1	0,464	0,21	7	-	-	-	-	-	-
LNU793	78166,4	0,483	0,03	12	-	-	-	-	-	-
LNU775	77592,3	-	-	-	14.5	0.11	23	6.46	0.27	12
LNU775	77593,1	0,500	0,19	16	-	-	-	-	-	-
LNU774	77246,3	-	-	-	16.5	0.09	41	6.75	0.03	17
LNU769	78163,4	0,467	0,19	8	-	-	-	-	-	-
LNU769	78165,1	0,481	0,04	11	-	-	-	-	-	-
LNU761	78157,1	0,533	L	23	-	-	-	-	-	-
LNU761	78157,6	0,515	L	19	-	-	-	-	-	-
LNU761	78160,7	0,471	0,09	9	-	-	-	-	-	-
LNU754	77801,1	0,490	0,08	13	-	-	-	-	-	-
LNU754	77802,2	0,492	0,02	14	-	-	-	-	-	-
LNU754	77804,1	0,491	0,20	14	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,432	-	-	11.7	-	-	5.75	-	-

Tabela 121: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, $p < 0,1$ foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. N°: 4880).

Tabela 122

Genes mostrando o desempenho melhorado da planta em condições normais de cultivo sob regulação do promotor At6669

Nome do Gene	Evento #	Produção de Semente [mg]			Peso de 1000 Sementes [mg]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU947	77447,3	409,8	0,09	11	-	-	-
LNU947	77448,4	-	-	-	25,7	0,10	16
LNU895	77933,2	-	-	-	23,5	0,06	6

Nome do Gene	Evento #	Produção de Semente [mg]			Peso de 1000 Sementes [mg]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU895	77935,3	-	-	-	23,6	0,27	6
LNU878	77251,3	-	-	-	25,2	0,24	13
LNU878	77254,3	414,6	0,21	12	25,0	L	12
LNU820	77807,2	-	-	-	25,2	L	13
LNU820	77809,1	-	-	-	25,3	0,12	13
LNU815	77494,1	-	-	-	24,7	0,03	11
LNU815	77495,3	406,0	0,14	10	-	-	-
LNU808	77678,3	-	-	-	24,5	0,22	10
LNU803	77901,2	395,8	0,20	7	-	-	-
LNU803	77902,2	-	-	-	24,9	L	12
LNU784	77612,3	-	-	-	23,4	0,04	5
LNU784	77615,1	-	-	-	25,2	L	13
LNU784	77615,9	-	-	-	23,1	0,10	4
LNU779	77887,1	407,7	0,07	10	22,8	0,25	2
LNU777	77573,3	-	-	-	27,4	L	23
LNU775	77595,1	413,4	0,10	12	-	-	-
LNU774	77246,3	-	-	-	24,0	0,02	8
LNU774	77247,2	406,2	0,08	10	-	-	-
LNU756	77584,6	-	-	-	24,5	0,01	10
CONT.	-	370,6	-	-	22,3	-	-
LNU959	78224,4	471,4	0,22	13	-	-	-
LNU895	77934,4	-	-	-	24,3	0,03	16
LNU895	77935,3	-	-	-	22,6	0,03	7
LNU890	78202,1	-	-	-	22,2	0,04	5
LNU890	78204,4	488,9	0,07	17	-	-	-
LNU890	78204,8	560,4	0,05	34	-	-	-
LNU878	77251,3	-	-	-	24,3	0,18	15
LNU878	77252,1	-	-	-	25,4	0,08	21
LNU878	77254,2	493,1	0,20	18	-	-	-
LNU878	77254,3	-	-	-	23,1	0,27	10
LNU811	78176,8	478,0	0,29	14	-	-	-
LNU797	78021,4	445,1	0,25	7	-	-	-
LNU797	78025,2	-	-	-	25,2	0,06	20
LNU797	78025,3	-	-	-	21,6	0,23	3
LNU793	78168,1	-	-	-	23,3	L	11
LNU784	77615,1	-	-	-	22,5	0,01	7
LNU775	77592,3	-	-	-	26,2	L	25
LNU774	77246,3	-	-	-	22,4	0,22	6
LNU774	77249,1	-	-	-	23,1	L	10
LNU761	78157,1	495,8	0,12	19	-	-	-
LNU761	78157,6	475,0	0,08	14	-	-	-
LNU761	78159,1	466,0	0,26	12	-	-	-
LNU761	78160,7	493,9	0,01	18	-	-	-
CONT.	-	417,6	-	-	21,0	-	-

Tabela 122: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo. Os transgenes estavam sob regulação transcricional do novo promotor At6669 (ID SEQ. Nº: 4880).

EXEMPLO 18

AValiação de NUE, PRODUÇÃO E TAXA DE CRESCIMENTO DA PLANTA DE ARABIDOPSIS TRANSGÊNICA SOB FERTILIZAÇÃO NORMAL E DE BAIXO NITROGÊNIO EM ENSAIOS DE ESTUFA

[00641] Ensaio 2: Eficiência no Uso de Nitrogênio medida até o estágio de peneiração: biomassa da planta e taxa de crescimento da planta em concentração de nitrogênio ideal e limitada sob condições da estufa – Esse ensaio segue a formação da biomassa da planta e o crescimento da área de roseta de plantas cultivadas em estufa sob condições de cultivo limitantes e não limitantes de nitrogênio. As sementes transgênicas de Arabidopsis foram semeadas em meio de ágar suplementado com ½ de meio MS e um agente de

seleção (Canamicina). As mudas transgênicas T₂ foram, então, transplantadas para bandejas de 1,7 litro preenchidas com turfa e perlita em uma proporção de 1:1. As bandejas foram irrigadas com uma solução contendo condições limitantes de nitrogênio que foram obtidas irrigando as plantas com uma solução contendo 1,5 mM de nitrogênio inorgânico na forma de KNO₃, suplementadas com 1 mM de KH₂PO₄, 1 mM de MgSO₄, 3,6 mM de KCl, 2 mM de CaCl₂ e microelementos, enquanto níveis normais de nitrogênio foram obtidos aplicando uma solução de 6 mM de nitrogênio inorgânico também na forma de KNO₃ com 1 mM de KH₂PO₄, 1 mM de MgSO₄, 2 mM de CaCl₂ e microelementos. Todas as plantas foram cultivadas em estufa até o estágio de peneiração. A biomassa da planta (o tecido acima da terra) foi pesada indiretamente após colher a roseta (peso fresco da planta [FW]). Em seguida, as plantas foram secadas em um forno a 50°C por 48 horas e pesadas (peso seco da planta [DW]).

[00642] Cada estrutura foi validada em sua

[00643] geração T₂. As plantas transgênicas transformadas com uma estrutura conformada por um vetor vazio carregando o promotor 35S e o marcador selecionável foram utilizadas como controle.

[00644] As plantas foram analisadas com relação ao seu tamanho total, taxa de crescimento, peso fresco e matéria seca. O desempenho das plantas transgênicas foi comparado para controlar as plantas cultivadas em paralelo nas mesmas condições. As plantas transgênicas falsas expressando o gene repórter uidA (GUS-Intron) ou sem nenhum gene, no mesmo promotor foram utilizadas como controle.

[00645] O experimento foi planejado na distribuição de lote aleatório aninhado. Para cada gene da invenção, três a cinco eventos de transformação independentes foram analisados a partir de cada estrutura.

[00646] Formação de imagem digital – Um sistema de aquisição de imagem de laboratório, consistindo de um câmera de reflexo digital (Canon

EOS 300D) anexada com uma lente de comprimento focal de 55 mm (Canon série EF-S), montada em um dispositivo de reprodução (Kaiser RS), o qual inclui 4 unidades de luz (lâmpadas 4 x 150 Watts) foi utilizado para capturar imagens de amostras de planta.

[00647] O processo de captura de imagem foi repetido a cada 2 dias, começando no dia 1 após transplante até o dia 15. A mesma câmera, colocada em uma montagem de ferro personalizada, foi utilizada para capturar imagens de plantas maiores encerradas em cubas brancas em uma estufa controlada pelo ambiente. As cubas eram de formato quadrado e incluem bandejas de 1,7 litro. Durante o processo de captura, as cubas foram colocadas abaixo da montagem de ferro, enquanto evitavam a luz solar direta e fundição das sombras.

[00648] Um sistema de análise de imagem foi utilizado, consistindo de um computador pessoal (processador Intel P4 3.0 GHz) e um programa de domínio público – ImageJ 1.39 [programa de processamento de imagem com base em Java, desenvolvido nos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos e livremente disponibilizado na internet em [rsbweb \(ponto\) nih \(ponto\) gov/](http://rsbweb.nih.gov/)]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em um formato JPEG de baixa compressão (Joint Photographic Experts Group standard). Em seguida, os dados analisados foram salvos em arquivos de texto e processados utilizando o software JMP de análise estatística (instituto SAS).

[00649] Análise da Folha - Utilizando a análise digital, os dados das folhas foram calculados, incluindo o número da folha, área de roseta, diâmetro da roseta e área da lâmina foliar.

[00650] Taxa de crescimento vegetal: a taxa de crescimento relativo (RGR) do número de folha (Fórmula VIII, descrita acima), área da roseta (Fórmula IX descrita acima) e cobertura de lote (Fórmula XI, descrita abaixo) foram calculados utilizando as fórmulas indicadas.

[00651] Peso seco e fresco da planta – Por volta do dia 80 a partir da semeadura, as plantas foram colhidas e diretamente pesadas para determinação do peso fresco da planta (FW) e deixadas secar a 50°C em uma câmara de secagem por cerca de 48 horas antes da prensagem para determinar o peso seco da planta (DW).

[00652] Análises Estatísticas – Para identificar os genes que conferem uma significativa melhoria na tolerância ao estresse abiótico, os resultados obtidos a partir de plantas transgênicas foram comparados àqueles obtidos a partir de plantas de controle. Para identificar os genes e estruturas de alto desempenho, os resultados dos eventos testados de transformação independentes foram analisados separadamente. Os dados foram analisados utilizando teste t de Student e os resultados são considerados significativos se o valor p for menor que 0,1. O pacote de software JMP estatístico foi utilizado (Versão 5.2.1, Instituto SAS Inc., Cary, NC, EUA).

[00653] Os genes listados nas Tabelas 123-124 melhoraram a NUE da planta quando cultivada em níveis de concentração limitantes de nitrogênio. Esses genes produziram plantas maiores com uma área fotossintética e biomassa maiores (peso fresco, peso seco, número de folhas, diâmetro da roseta, área de roseta e cobertura de lote) quando cultivadas sob condições limitantes de nitrogênio (estresse por deficiência de nutriente), comparado às plantas de controle cultivadas em condições de cultivo idênticas.

Tabela 123

Genes mostrando a produção de biomassa melhorada da planta em condições de cultivo limitantes de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU952	78218,1	-	-	-	112,5	0,05	26	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU952	78218,3	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU952	78218,6	-	-	-	100,0	0,29	12	-	-	-
LNU952	78219,3	-	-	-	118,8	0,04	33	-	-	-
LNU945	78998,2	-	-	-	-	-	-	10,9	0,13	6
LNU945	78999,1	-	-	-	100,0	0,29	12	-	-	-
LNU920	78507,1	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU920	78508,1	-	-	-	112,5	0,27	26	-	-	-
LNU920	78508,2	-	-	-	112,5	0,05	26	-	-	-
LNU916	78208,3	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU914	80516,2	-	-	-	127,7	0,18	43	-	-	-
LNU911	80420,3	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU911	80420,5	-	-	-	-	-	-	10,4	0,22	1
LNU905	79674,3	-	-	-	112,5	0,05	26	-	-	-
LNU905	79674,4	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU905	79675,3	-	-	-	118,8	0,04	33	-	-	-
LNU844	80342,4	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU840	78676,1	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU840	78676,4	11,2	L	54	131,2	0,23	47	-	-	-
LNU840	78763,6	9,38	0,09	29	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU832_H2	80602,1	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU832_H2	80604,2	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU832_H2	80605,1	-	-	-	107,1	0,19	20	10,6	0,05	3
LNU819	78133,3	8,75	0,06	20	-	-	-	-	-	-
LNU801	78585,2	-	-	-	100,0	0,29	12	-	-	-
LNU791	77893,2	-	-	-	106,2	0,18	19	-	-	-
LNU791	77895,2	-	-	-	100,0	0,29	12	-	-	-
LNU760_H1	80127,2	-	-	-	131,2	0,23	47	-	-	-
CONT.	-	7,29	-	-	89,6	-	-	10,3	-	-
LNU966	78605,5	102,5	0,01	20	968,8	0,11	16	12,6	L	13
LNU966	78605,7	94,4	0,14	10	-	-	-	11,5	0,14	3
LNU941	78611,1	-	-	-	-	-	-	11,7	0,02	5
LNU941	78613,1	105,0	L	23	1050,0	L	26	-	-	-
LNU941	78613,5	92,5	0,13	8	937,5	0,05	12	-	-	-
LNU941	78615,3	91,2	0,20	7	-	-	-	12,2	0,29	10
LNU925	78991,5	-	-	-	-	-	-	12,1	0,24	8
LNU925	78992,1	-	-	-	-	-	-	11,8	0,17	6
LNU925	78992,6	-	-	-	951,8	0,04	14	-	-	-
LNU922	78290,1	-	-	-	956,2	0,29	14	-	-	-
LNU918	78433,1	-	-	-	-	-	-	11,6	0,06	4
LNU918	78433,2	99,4	0,02	16	906,2	0,22	8	11,8	0,17	6
LNU918	78433,3	98,1	0,02	15	-	-	-	-	-	-
LNU918	78433,8	-	-	-	975,0	0,01	17	12,1	L	8
LNU918	78434,2	93,1	0,19	9	925,0	0,07	11	-	-	-
LNU915	78426,1	107,5	0,20	26	1025,0	0,03	23	-	-	-
LNU915	78427,1	101,4	0,28	19	964,3	0,07	15	-	-	-
LNU915	78428,1	108,1	0,03	26	1056,2	L	26	12,6	L	13
LNU915	78428,2	-	-	-	931,2	0,29	11	11,6	0,07	4
LNU909	78424,3	91,2	0,20	7	-	-	-	11,8	0,03	6
LNU909	78425,4	-	-	-	943,8	0,04	13	-	-	-
LNU909	78425,5	118,1	0,07	38	1062,5	L	27	12,7	L	14
LNU909	78425,7	90,6	0,24	6	-	-	-	-	-	-
LNU890	78202,1	-	-	-	-	-	-	12,4	L	12
LNU854	78236,1	93,1	0,19	9	-	-	-	-	-	-
LNU854	78236,3	-	-	-	885,7	0,28	6	-	-	-
LNU854	78238,1	91,9	0,16	7	-	-	-	11,8	0,22	6
LNU854	78240,1	-	-	-	-	-	-	11,6	0,23	4
LNU849	78498,3	-	-	-	968,8	0,02	16	-	-	-
LNU849	78498,4	-	-	-	1018,8	0,02	22	-	-	-
LNU849	78499,1	93,8	0,08	10	-	-	-	-	-	-
LNU849	78500,1	-	-	-	893,8	0,23	7	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU849	78500,3	-	-	-	-	-	-	12,2	0,29	10
LNU830	78741,1	-	-	-	918,8	0,16	10	-	-	-
LNU830	78741,3	-	-	-	925,0	0,18	11	11,4	0,15	3
LNU830	78741,5	-	-	-	-	-	-	13,2	0,27	19
LNU824	77826,1	100,0	0,02	17	956,2	0,02	14	12,6	0,28	13
LNU824	77827,2	110,2	0,12	29	974,1	0,01	17	11,6	0,07	4
LNU824	77828,4	-	-	-	925,0	0,07	11	11,8	0,22	6
LNU824	77829,3	103,1	0,28	21	950,0	0,11	14	11,5	0,08	3
LNU822	78623,2	108,8	0,14	27	1062,5	0,14	27	11,9	L	7
LNU822	78623,6	115,6	L	35	1056,2	0,03	26	12,1	L	8
LNU822	78623,7	-	-	-	-	-	-	12,2	0,06	10
LNU822	78625,7	91,2	0,19	7	-	-	-	-	-	-
LNU813	77681,3	94,4	0,14	10	918,8	0,10	10	-	-	-
LNU813	77682,3	97,5	0,02	14	881,2	0,30	5	-	-	-
LNU813	77685,1	-	-	-	918,8	0,08	10	-	-	-
LNU813	77685,2	95,6	0,19	12	-	-	-	-	-	-
LNU806	78512,7	98,1	0,20	15	918,8	0,10	10	-	-	-
LNU806	78514,2	-	-	-	987,5	0,30	18	12,8	0,16	15
LNU806	78515,3	98,8	0,15	15	-	-	-	-	-	-
LNU806	78515,4	-	-	-	950,0	0,05	14	12,5	0,19	12
LNU806	78515,5	95,6	0,27	12	1037,5	0,12	24	12,5	0,25	12
LNU802	80307,3	94,4	0,08	10	-	-	-	-	-	-
LNU802	80309,2	-	-	-	-	-	-	11,5	0,14	3
LNU802	80309,3	101,9	0,25	19	943,8	0,04	13	11,6	0,06	4
LNU802	80310,1	93,1	0,12	9	975,0	0,01	17	-	-	-
LNU779	77887,2	111,2	0,30	30	975,0	0,01	17	12,2	L	10
LNU779	77889,3	90,0	0,29	5	-	-	-	-	-	-
LNU761	78157,1	99,1	0,23	16	983,0	0,10	18	-	-	-
LNU761	78157,6	96,2	0,06	13	925,0	0,07	11	-	-	-
LNU761	78160,3	104,4	0,21	22	-	-	-	12,6	0,07	13
CONT.	-	85,5	-	-	835,7	-	-	11,1	-	-
LNU970	78389,7	-	-	-	-	-	-	9,88	0,02	6
LNU970	78389,8	-	-	-	-	-	-	10,2	0,04	9
LNU968	77919,4	-	-	-	-	-	-	9,62	0,21	3
LNU950	78913,4	-	-	-	-	-	-	9,56	0,22	3
LNU934	79007,5	-	-	-	-	-	-	9,69	0,08	4
LNU934	79008,3	-	-	-	-	-	-	9,56	0,22	3
LNU908	79736,2	-	-	-	-	-	-	9,56	0,22	3
LNU908	79738,5	-	-	-	-	-	-	9,56	0,22	3
LNU843	78962,4	-	-	-	-	-	-	9,81	0,15	5
LNU843	78963,2	-	-	-	-	-	-	9,62	0,21	3
LNU790	78886,2	-	-	-	-	-	-	10,8	0,30	15
LNU790	78886,3	-	-	-	-	-	-	9,69	0,24	4
LNU790	78890,3	-	-	-	-	-	-	9,62	0,21	3
CONT.	-	-	-	-	-	-	-	9,32	-	-
LNU966	78604,1	275,0	0,06	8	3195,8	0,05	12	-	-	-
LNU966	78605,5	-	-	-	-	-	-	11,8	0,26	8
LNU942	77243,2	-	-	-	-	-	-	11,6	L	6
LNU941	78611,1	272,1	0,14	7	3107,1	0,13	9	-	-	-
LNU941	78614,2	-	-	-	-	-	-	11,3	0,09	4
LNU941	78615,3	280,0	0,01	10	3150,0	L	11	-	-	-
LNU922	78287,3	276,6	0,19	8	3225,9	0,06	13	11,8	0,10	8
LNU922	78287,5	275,4	0,25	8	-	-	-	-	-	-
LNU922	78290,1	-	-	-	3121,4	L	10	-	-	-
LNU922	78290,7	-	-	-	3031,2	0,28	7	-	-	-
LNU915	78426,1	-	-	-	2937,5	0,23	3	-	-	-
LNU915	78427,1	-	-	-	-	-	-	11,8	0,10	8
LNU915	78428,1	-	-	-	3191,1	0,25	12	11,6	0,14	6
LNU915	78428,2	-	-	-	-	-	-	11,6	0,01	6
LNU909	78424,3	267,1	0,23	5	-	-	-	-	-	-

Nome Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU909	78425,5	266,9	0,13	5	3088,4	0,01	9	-	-	-
LNU909	78425,7	273,1	0,02	7	3031,2	0,09	7	-	-	-
LNU868	77621,5	-	-	-	-	-	-	11,5	0,02	5
LNU854	78237,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,26	8
LNU854	78238,1	-	-	-	3093,8	0,11	9	-	-	-
LNU830	78741,3	-	-	-	-	-	-	11,3	0,18	3
LNU830	78741,5	-	-	-	-	-	-	11,2	0,23	2
LNU824	77826,1	266,2	0,16	4	-	-	-	-	-	-
LNU824	77827,3	266,2	0,11	4	3000,0	0,07	6	-	-	-
LNU824	77829,3	-	-	-	2987,5	0,09	5	11,6	0,27	6
LNU822	78623,7	-	-	-	3032,1	0,04	7	-	-	-
LNU822	78625,2	-	-	-	3012,5	0,06	6	-	-	-
LNU813	77681,3	-	-	-	-	-	-	11,6	0,02	6
LNU813	77681,4	-	-	-	-	-	-	11,6	0,09	6
LNU806	78514,2	-	-	-	-	-	-	12,1	0,10	10
LNU806	78515,3	-	-	-	3031,2	0,04	7	11,6	0,02	6
LNU806	78515,5	-	-	-	2992,9	0,08	5	-	-	-
LNU759	77236,8	-	-	-	2950,0	0,18	4	-	-	-
LNU751	77477,1	-	-	-	-	-	-	12,0	0,25	10
LNU751	77480,1	-	-	-	3118,8	0,20	10	-	-	-
CONT.	-	255,1	-	-	2842,4	-	-	10,9	-	-
LNU948	78378,1	83,1	0,02	17	-	-	-	-	-	-
LNU948	78380,2	84,8	0,02	19	-	-	-	-	-	-
LNU921	79063,2	78,6	0,16	10	628,6	0,22	12	-	-	-
LNU888	78771,1	84,4	0,06	18	-	-	-	12,2	L	9
LNU888	78772,7	-	-	-	-	-	-	11,8	0,06	5
LNU881	78372,2	79,4	0,04	11	650,0	0,07	16	-	-	-
LNU857	78867,1	77,2	0,11	8	627,7	0,15	12	-	-	-
LNU816	78958,4	78,8	0,12	11	618,8	0,22	10	-	-	-
LNU816	78958,5	91,2	L	28	693,8	0,02	23	-	-	-
LNU816	78958,7	90,0	L	26	718,8	0,01	28	-	-	-
LNU809	79168,2	-	-	-	618,8	0,19	10	-	-	-
LNU809	79168,3	79,4	0,15	11	618,8	0,19	10	11,5	0,23	3
LNU807	79248,1	-	-	-	625,0	0,15	11	-	-	-
LNU788	78516,1	86,7	L	22	660,7	0,05	17	-	-	-
LNU788	78517,2	76,2	0,14	7	637,5	0,11	13	-	-	-
LNU788	78518,1	87,5	L	23	693,8	0,02	23	-	-	-
LNU783	79178,2	80,0	0,03	12	650,0	0,07	16	-	-	-
LNU778	78941,1	81,9	0,02	15	637,5	0,10	13	-	-	-
LNU778	78944,2	-	-	-	-	-	-	11,5	0,28	3
LNU762	79329,2	78,1	0,10	10	612,5	0,24	9	-	-	-
LNU752	78153,10	92,5	0,04	30	700,0	0,03	24	11,6	0,30	4
LNU752	78155,2	82,2	0,11	15	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	71,2	-	-	562,5	-	-	11,2	-	-
LNU977	78032,1	162,5	0,16	11	-	-	-	11,6	0,08	2
LNU977	78033,1	167,5	0,29	15	-	-	-	-	-	-
LNU958	77687,7	165,0	0,19	13	-	-	-	-	-	-
LNU958	77689,2	178,8	0,02	22	1450,0	0,21	12	-	-	-
LNU933	78897,1	168,1	0,19	15	-	-	-	-	-	-
LNU907	78872,8	162,1	0,17	11	-	-	-	-	-	-
LNU882	78973,1	-	-	-	-	-	-	11,8	0,10	4
LNU880	78196,1	180,6	0,01	24	1503,6	0,13	16	-	-	-
LNU880	78197,4	167,9	0,08	15	-	-	-	-	-	-
LNU880	78200,6	197,9	L	35	1456,2	0,24	13	11,6	0,19	2
LNU871	78195,4	-	-	-	-	-	-	12,2	L	7
LNU848	77909,2	170,0	0,06	16	-	-	-	-	-	-
LNU848	77909,3	178,1	0,14	22	1450,0	0,23	12	-	-	-
LNU847	78967,2	197,5	0,02	35	1543,8	0,09	19	12,2	0,22	8
LNU847	78967,4	-	-	-	-	-	-	11,9	L	5
LNU846	78436,2	-	-	-	-	-	-	12,4	0,09	9

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU846	78438,2	184,4	0,13	26	-	-	-	11,9	0,23	5
LNU846	78439,2	-	-	-	-	-	-	11,6	0,21	2
LNU846	78439,4	-	-	-	-	-	-	12,1	0,08	6
LNU845	78917,3	194,2	0,10	33	1520,8	0,19	18	-	-	-
LNU845	78917,6	173,1	0,16	18	-	-	-	-	-	-
LNU835	78186,2	204,4	0,27	40	1506,2	0,21	16	-	-	-
LNU828	77598,3	193,8	0,29	33	-	-	-	12,2	0,11	8
LNU823	78122,2	178,1	0,02	22	-	-	-	-	-	-
LNU823	78136,4	166,2	0,12	14	-	-	-	-	-	-
LNU823	78139,1	174,5	0,03	19	-	-	-	-	-	-
LNU814	78953,2	179,4	0,02	23	1500,0	0,13	16	-	-	-
LNU814	78953,3	177,5	0,02	21	-	-	-	11,9	0,05	5
LNU814	78954,1	-	-	-	-	-	-	12,1	0,23	6
LNU814	78955,4	188,8	L	29	1493,8	0,14	15	-	-	-
LNU772	78938,1	-	-	-	-	-	-	12,0	0,03	6
LNU772	78940,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,17	4
LNU757	77485,4	210,6	0,02	44	1612,5	0,06	25	-	-	-
CONT.	-	146,2	-	-	1293,4	-	-	11,4	-	-
LNU972	78907,1	-	-	-	-	-	-	11,7	0,08	6
LNU972	78908,2	-	-	-	-	-	-	11,9	0,05	9
LNU972	78909,3	-	-	-	-	-	-	11,9	0,03	9
LNU972	78910,2	-	-	-	3500,9	0,13	21	-	-	-
LNU961	79143,3	350,0	0,04	16	3556,2	0,07	23	11,6	0,14	5
LNU961	79145,3	-	-	-	3562,5	0,02	23	11,8	0,15	8
LNU958	77687,2	-	-	-	-	-	-	12,7	0,25	16
LNU958	77687,5	-	-	-	-	-	-	12,1	0,02	10
LNU958	77689,1	-	-	-	3200,0	0,20	10	12,2	L	12
LNU958	77689,2	-	-	-	-	-	-	11,6	0,28	5
LNU948	78379,4	-	-	-	-	-	-	12,1	0,04	10
LNU948	78380,2	380,6	0,04	27	3618,8	0,01	25	12,3	0,05	12
LNU948	78380,3	358,1	0,24	19	3618,8	0,12	25	-	-	-
LNU921	79061,1	-	-	-	3163,4	0,26	9	-	-	-
LNU921	79063,2	-	-	-	-	-	-	12,0	0,14	9
LNU921	79064,3	-	-	-	-	-	-	11,4	0,28	4
LNU913	78592,4	-	-	-	-	-	-	11,9	0,20	9
LNU913	78593,1	-	-	-	-	-	-	12,1	0,03	10
LNU913	78593,6	-	-	-	-	-	-	12,0	0,14	9
LNU912	78403,2	-	-	-	-	-	-	12,4	L	13
LNU912	78404,1	342,5	0,28	14	-	-	-	11,7	0,08	6
LNU888	78772,1	-	-	-	-	-	-	11,9	0,05	9
LNU888	78772,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,07	8
LNU888	78772,7	-	-	-	-	-	-	11,6	0,12	6
LNU881	78372,2	-	-	-	-	-	-	12,5	0,06	14
LNU881	78373,1	344,4	0,04	15	-	-	-	12,0	0,14	9
LNU881	78373,2	-	-	-	-	-	-	12,3	0,05	12
LNU881	78374,1	343,3	0,27	14	-	-	-	-	-	-
LNU823	78136,1	353,8	0,01	18	3318,8	0,09	15	-	-	-
LNU823	78136,4	-	-	-	-	-	-	12,4	0,04	13
LNU823	78137,3	-	-	-	-	-	-	11,5	0,27	5
LNU823	78139,1	397,1	0,08	32	-	-	-	-	-	-
LNU816	78957,1	-	-	-	-	-	-	11,6	0,12	6
LNU816	78958,4	-	-	-	-	-	-	11,9	0,03	9
LNU816	78958,7	-	-	-	-	-	-	12,8	0,04	16
LNU809	79168,3	-	-	-	-	-	-	11,6	0,14	5
LNU809	79169,2	-	-	-	3212,5	0,19	11	11,6	0,14	5
LNU782	77441,1	350,0	0,17	16	-	-	-	-	-	-
LNU782	77444,10	-	-	-	-	-	-	11,6	0,14	5
LNU782	77444,9	-	-	-	-	-	-	12,1	0,08	10
LNU772	78937,4	335,6	0,13	12	3468,8	0,05	20	-	-	-
LNU772	78938,1	433,1	L	44	3181,2	0,23	10	13,0	0,08	18

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU772	78940,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,15	8
LNU762	79329,2	-	-	-	-	-	-	11,9	0,20	9
LNU762	79330,3	-	-	-	3287,5	0,12	13	-	-	-
LNU757	77481,1	-	-	-	-	-	-	11,9	0,04	8
LNU757	77483,2	-	-	-	-	-	-	11,6	0,29	6
LNU757	77483,3	-	-	-	-	-	-	12,3	0,01	12
LNU757	77485,4	346,9	0,08	15	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	300,5	-	-	2898,0	-	-	11,0	-	-
LNU933	78897,1	-	-	-	-	-	-	12,8	L	5
LNU882	78973,1	-	-	-	-	-	-	12,9	0,18	6
LNU871	78191,1	-	-	-	1093,8	0,19	7	-	-	-
LNU871	78191,3	163,1	0,27	10	1112,5	0,11	8	-	-	-
LNU871	78195,4	-	-	-	-	-	-	13,1	L	7
LNU865	79761,7	-	-	-	1162,5	0,02	13	13,1	L	8
LNU847	78967,4	-	-	-	-	-	-	13,3	0,22	9
LNU835	78189,1	-	-	-	-	-	-	13,1	0,12	8
LNU828	77597,3	165,6	0,24	11	1131,2	0,18	10	-	-	-
LNU795	79521,6	-	-	-	1112,5	0,29	8	-	-	-
LNU766	78931,2	-	-	-	-	-	-	12,7	0,17	4
LNU766	78932,1	-	-	-	1100,0	0,20	7	-	-	-
CONT.	-	148,6	-	-	1026,5	-	-	12,2	-	-
LNU975	80622,1	-	-	-	-	-	-	10,5	0,01	8
LNU975	80624,5	-	-	-	-	-	-	10,7	L	10
LNU975	80625,5	-	-	-	-	-	-	10,2	L	5
LNU971	78391,1	9,38	0,16	22	-	-	-	-	-	-
LNU971	78391,6	-	-	-	-	-	-	10,1	0,03	4
LNU971	78395,1	-	-	-	131,2	0,12	17	10,1	0,30	3
LNU971	78395,2	10,7	0,04	39	135,7	0,09	21	-	-	-
LNU964	80552,8	-	-	-	-	-	-	10,0	0,26	3
LNU960	78599,4	-	-	-	-	-	-	10,1	0,11	4
LNU960	78600,3	-	-	-	-	-	-	10,2	0,05	5
LNU957	80435,3	-	-	-	-	-	-	10,1	0,03	4
LNU957	80437,6	-	-	-	-	-	-	10,3	L	6
LNU957	80437,8	10,0	0,26	30	-	-	-	-	-	-
LNU955	80432,1	-	-	-	-	-	-	10,1	0,30	3
LNU953	80427,1	8,75	0,23	14	-	-	-	-	-	-
LNU953	80428,1	-	-	-	-	-	-	10,1	0,08	3
LNU953	80429,1	-	-	-	-	-	-	10,0	0,26	3
LNU949	80553,7	-	-	-	-	-	-	10,3	0,12	6
LNU949	80557,4	8,75	0,23	14	-	-	-	-	-	-
LNU946	80648,1	-	-	-	-	-	-	10,2	0,05	5
LNU946	80648,2	10,0	0,02	30	-	-	-	-	-	-
LNU946	80650,2	9,29	0,21	21	-	-	-	-	-	-
LNU944	79781,2	-	-	-	-	-	-	9,94	0,27	2
LNU944	79781,6	-	-	-	-	-	-	10,1	0,03	4
LNU930	79771,1	-	-	-	-	-	-	10,0	0,13	3
LNU928	78213,1	-	-	-	-	-	-	10,1	0,30	3
LNU917	77496,2	-	-	-	-	-	-	10,2	0,05	5
LNU917	77500,2	-	-	-	137,5	0,24	22	10,1	0,11	4
LNU917	77500,4	-	-	-	137,5	0,24	22	-	-	-
LNU917	77500,6	-	-	-	-	-	-	10,6	L	8
LNU906	79219,5	-	-	-	-	-	-	10,2	0,18	4
LNU904	78986,5	-	-	-	-	-	-	9,94	0,27	2
LNU904	78987,2	-	-	-	-	-	-	10,2	0,18	4
LNU903	80417,4	10,6	0,03	38	-	-	-	-	-	-
LNU901	80474,1	-	-	-	126,8	0,13	13	-	-	-
LNU901	80474,5	-	-	-	-	-	-	10,4	0,18	6
LNU899	79765,4	9,38	0,16	22	131,2	0,12	17	-	-	-
LNU899	79765,5	-	-	-	-	-	-	10,2	0,18	4
LNU899	79766,3	-	-	-	-	-	-	10,0	0,26	3

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU897	80445,2	11,9	0,23	54	150,0	L	33	11,1	L	13
LNU897	80448,4	-	-	-	-	-	-	10,1	0,08	3
LNU892	80410,1	-	-	-	125,0	0,17	11	-	-	-
LNU892	80414,2	12,0	L	55	-	-	-	-	-	-
LNU892	80414,5	-	-	-	-	-	-	10,3	L	6
LNU884	80405,3	-	-	-	-	-	-	10,5	0,26	8
LNU884	80407,1	-	-	-	-	-	-	10,5	L	8
LNU884	80408,2	-	-	-	137,5	0,24	22	10,1	0,11	4
LNU874	78366,3	10,0	0,26	30	-	-	-	10,1	0,03	4
LNU874	78370,1	-	-	-	162,5	0,27	44	-	-	-
LNU874	78370,3	-	-	-	133,9	0,17	19	-	-	-
LNU874	78370,7	-	-	-	-	-	-	10,2	0,18	4
LNU873	80469,1	-	-	-	125,0	0,17	11	10,6	L	8
LNU870	78505,1	8,75	0,23	14	131,2	0,12	17	-	-	-
LNU870	78505,5	11,2	0,14	46	-	-	-	10,1	0,30	3
LNU867	79590,3	-	-	-	-	-	-	9,94	0,27	2
LNU866	80443,2	-	-	-	-	-	-	10,3	0,12	6
LNU862	79758,5	11,2	0,14	46	156,2	L	39	11,1	L	13
LNU856	79753,3	-	-	-	-	-	-	9,94	0,27	2
LNU856	79753,9	8,66	0,27	13	-	-	-	9,94	0,27	2
LNU852	79580,2	9,38	0,16	22	-	-	-	-	-	-
LNU831	79331,7	-	-	-	131,2	0,12	17	10,2	0,24	5
LNU831	79333,1	8,75	0,23	14	-	-	-	-	-	-
LNU831	79335,2	-	-	-	-	-	-	10,4	L	7
LNU829	77912,3	-	-	-	-	-	-	10,4	L	6
LNU829	77914,1	-	-	-	-	-	-	10,6	0,11	9
LNU825	77716,4	-	-	-	-	-	-	10,1	0,08	3
LNU825	77717,4	10,0	0,26	30	-	-	-	-	-	-
LNU817	80596,1	-	-	-	-	-	-	10,3	L	6
LNU817	80596,2	9,38	0,16	22	125,0	0,17	11	-	-	-
LNU817	80598,1	-	-	-	125,0	0,17	11	-	-	-
LNU817	80599,2	8,75	0,23	14	-	-	-	10,1	0,11	4
LNU805	80783,2	-	-	-	-	-	-	10,0	0,26	3
LNU805	80784,1	-	-	-	-	-	-	10,2	0,05	5
LNU800	77896,1	-	-	-	-	-	-	10,0	0,26	3
LNU800	77896,4	-	-	-	137,5	0,24	22	10,2	0,18	4
LNU800	77900,7	8,75	0,23	14	-	-	-	-	-	-
LNU799	78672,5	-	-	-	-	-	-	10,4	0,18	6
LNU799	78672,7	-	-	-	162,5	0,08	44	-	-	-
LNU799	78674,2	9,38	0,16	22	-	-	-	-	-	-
LNU799	78674,5	-	-	-	150,0	0,13	33	10,2	0,05	5
LNU796	78235,5	-	-	-	-	-	-	10,1	0,11	4
LNU794	78522,1	-	-	-	131,2	0,12	17	10,4	0,03	6
LNU794	78524,1	10,0	0,02	30	-	-	-	-	-	-
LNU794	78524,5	-	-	-	-	-	-	10,2	0,24	5
LNU794	78525,2	-	-	-	-	-	-	10,1	0,11	4
LNU792	79161,2	-	-	-	-	-	-	10,6	L	8
LNU792	79162,2	-	-	-	-	-	-	10,3	L	6
LNU792	79215,1	-	-	-	-	-	-	10,2	0,18	4
LNU778	78943,5	-	-	-	-	-	-	10,5	0,01	8
LNU778	78944,5	11,9	L	54	137,5	0,01	22	-	-	-
LNU773	80399,1	-	-	-	-	-	-	10,4	0,08	7
LNU771	80077,2	-	-	-	125,0	0,17	11	-	-	-
LNU763	77588,2	-	-	-	-	-	-	10,2	0,24	5
LNU763	77588,6	10,0	0,26	30	125,0	0,17	11	10,4	0,08	7
LNU758	79739,10	10,6	0,03	38	150,0	0,13	33	11,2	0,12	15
LNU758	79739,5	-	-	-	-	-	-	10,2	0,02	4
LNU758	79741,2	-	-	-	-	-	-	10,1	0,11	4
LNU753	77141,2	-	-	-	125,0	0,17	11	-	-	-
LNU753	77143,3	-	-	-	-	-	-	9,94	0,27	2

Nome Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU753	77144,1	9,38	0,16	22	131,2	0,12	17	10,2	0,24	5
LNU753	77144,2	-	-	-	-	-	-	10,0	0,26	3
LNU749	80792,2	-	-	-	125,0	0,17	11	10,0	0,26	3
CONT.	-	7,70	-	-	112,5	-	-	9,75	-	-
LNU976	78364,1	-	-	-	-	-	-	12,9	0,12	6
LNU968	77919,4	-	-	-	1231,2	0,03	8	-	-	-
LNU963	78385,1	-	-	-	-	-	-	12,8	0,07	6
LNU950	78911,3	-	-	-	1212,5	0,08	6	-	-	-
LNU934	79007,3	-	-	-	-	-	-	12,8	0,07	6
LNU934	79008,3	122,1	0,15	5	-	-	-	-	-	-
LNU908	79736,2	134,4	0,28	16	1312,5	0,10	15	-	-	-
LNU893	77154,4	-	-	-	-	-	-	13,4	L	10
LNU885	78416,5	125,0	0,05	8	1300,0	0,05	14	-	-	-
LNU858	79587,2	-	-	-	-	-	-	12,6	0,06	4
LNU790	78886,2	-	-	-	-	-	-	12,6	0,22	4
LNU790	78890,1	134,4	0,06	16	1237,5	0,07	8	12,6	0,18	4
CONT.	-	116,2	-	-	1141,1	-	-	12,1	-	-
LNU947	77448,4	-	-	-	-	-	-	12,7	0,03	6
LNU947	77449,1	-	-	-	-	-	-	12,4	0,22	3
LNU940	77811,6	-	-	-	-	-	-	12,6	0,13	5
LNU900	78851,3	-	-	-	-	-	-	12,4	0,22	3
LNU898	78981,3	-	-	-	-	-	-	12,3	0,26	2
LNU898	78983,4	-	-	-	-	-	-	12,9	0,09	7
LNU898	78985,1	-	-	-	1393,8	0,16	14	-	-	-
LNU894	78282,3	-	-	-	-	-	-	12,4	0,22	3
LNU894	78283,7	-	-	-	-	-	-	12,9	0,03	8
LNU846	78436,2	-	-	-	1368,8	0,04	12	-	-	-
LNU846	78438,2	-	-	-	-	-	-	12,4	0,22	3
LNU846	78439,4	-	-	-	1393,8	0,02	14	12,9	0,03	8
LNU820	77806,2	227,0	0,06	37	1410,7	0,11	15	-	-	-
LNU820	77807,2	-	-	-	-	-	-	12,5	0,11	4
LNU820	77809,1	-	-	-	1413,4	0,26	16	-	-	-
LNU815	77492,2	193,1	0,05	17	1343,8	0,21	10	-	-	-
LNU815	77492,6	-	-	-	1331,2	0,12	9	-	-	-
LNU815	77494,1	-	-	-	1337,5	0,07	10	12,9	0,03	8
LNU814	78953,2	-	-	-	-	-	-	12,3	0,26	2
LNU814	78955,4	-	-	-	-	-	-	12,5	0,08	4
LNU811	78179,1	-	-	-	1412,5	0,03	16	12,8	0,28	7
LNU811	78180,3	-	-	-	1300,0	0,19	6	-	-	-
LNU797	78022,1	-	-	-	-	-	-	12,5	0,25	4
LNU793	78166,4	-	-	-	1325,0	0,23	8	-	-	-
LNU759	77236,2	-	-	-	-	-	-	12,3	0,26	2
LNU756	77581,3	-	-	-	-	-	-	12,8	0,25	6
LNU756	77584,6	-	-	-	1285,7	0,28	5	-	-	-
LNU751	77477,1	-	-	-	1416,1	0,09	16	-	-	-
LNU751	77478,4	-	-	-	-	-	-	12,4	0,22	3
LNU751	77480,1	-	-	-	-	-	-	12,6	0,04	5
CONT.	-	165,1	-	-	1221,4	-	-	12,0	-	-
LNU972	78909,3	-	-	-	1531,2	0,28	5	12,4	0,09	5
LNU972	78910,2	-	-	-	1506,2	0,28	4	-	-	-
LNU965	78360,5	-	-	-	-	-	-	12,2	0,13	4
LNU961	79143,2	-	-	-	1568,8	0,30	8	-	-	-
LNU961	79145,3	-	-	-	1525,0	0,14	5	-	-	-
LNU943	78407,2	-	-	-	-	-	-	12,1	0,26	3
LNU943	78407,4	-	-	-	1581,2	0,02	9	-	-	-
LNU926	78858,8	-	-	-	-	-	-	12,1	0,26	3
LNU913	78593,1	-	-	-	-	-	-	12,4	0,09	5
LNU896	78979,5	-	-	-	1531,2	0,11	5	-	-	-
LNU876	79596,2	-	-	-	1525,0	0,18	5	-	-	-
LNU864	79339,2	195,8	0,20	7	1617,0	0,08	11	-	-	-

Nome Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU833	78184,1	-	-	-	-	-	-	12,1	0,26	3
LNU804	78950,4	-	-	-	1537,5	0,13	6	-	-	-
LNU789	78891,6	-	-	-	1766,7	0,30	22	-	-	-
LNU789	78893,3	-	-	-	1500,0	0,30	3	-	-	-
LNU768	77881,3	194,4	0,26	6	1537,5	0,21	6	-	-	-
LNU768	77883,4	198,1	0,13	8	1581,2	0,02	9	-	-	-
LNU764	78926,1	214,4	0,28	17	1618,8	0,07	11	12,4	0,17	5
CONT.	-	183,8	-	-	1453,6	-	-	11,7	-	-

Tabela 123: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

Tabela 124

Genes mostrando a produção de biomassa melhorada da planta em condições de cultivo limitantes de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNJ952	78218,1	49,8	0,02	19	6,23	0,02	19	4,62	0,02	12
LNJ952	78218,3	45,0	0,24	7	5,62	0,24	7	4,37	0,09	6
LNJ952	78218,6	46,3	0,24	11	5,79	0,24	11	4,33	0,22	5
LNJ952	78219,3	47,1	0,08	12	5,88	0,08	12	4,51	0,04	9
LNJ945	78998,2	45,8	0,20	9	5,72	0,20	9	4,45	0,12	8
LNJ920	78507,1	52,9	0,08	26	6,62	0,08	26	4,94	0,06	20
LNJ920	78507,2	45,8	0,25	9	5,73	0,25	9	4,35	0,11	6
LNJ920	78508,1	51,6	L	23	6,45	L	23	4,72	L	15
LNJ920	78508,2	53,6	L	28	6,70	L	28	4,84	L	18
LNJ916	78208,3	50,8	0,02	21	6,35	0,02	21	4,63	L	12
LNJ914	80514,5	46,2	0,15	10	5,78	0,15	10	4,36	0,15	6
LNJ914	80516,2	50,4	0,14	20	6,29	0,14	20	4,71	L	14
LNJ914	80516,4	-	-	-	-	-	-	4,50	0,03	9
LNJ911	80420,3	46,2	0,12	10	5,77	0,12	10	4,36	0,09	6
LNJ911	80424,2	46,3	0,12	10	5,78	0,12	10	4,43	0,05	7
LNJ905	79674,3	47,4	0,08	13	5,92	0,08	13	4,51	0,09	9
LNJ905	79674,4	-	-	-	-	-	-	4,40	0,08	7
LNJ905	79675,3	51,5	L	23	6,44	L	23	4,65	L	13
LNJ844	80342,3	-	-	-	-	-	-	4,27	0,27	4
LNJ844	80342,4	-	-	-	-	-	-	4,32	0,29	5
LNJ840	78676,1	49,2	0,02	17	6,15	0,02	17	4,71	L	14
LNJ840	78676,4	52,9	0,09	26	6,62	0,09	26	4,74	0,05	15
LNJ840	78763,6	46,7	0,10	11	5,83	0,10	11	4,45	0,04	8
LNJ834_H1	80402,7	47,6	0,21	14	5,95	0,21	14	4,47	0,23	8
LNJ832_H2	80604,2	48,2	0,06	15	6,03	0,06	15	4,58	0,11	11
LNJ819	78133,3	-	-	-	-	-	-	4,56	0,02	11
LNJ801	78585,2	45,6	0,29	9	5,70	0,29	9	4,42	0,20	7
LNJ791	77893,1	54,0	0,01	29	6,74	0,01	29	4,86	L	18
LNJ791	77893,2	48,8	0,03	16	6,09	0,03	16	4,52	0,04	10
LNJ760_H1	80127,2	51,7	0,17	23	6,47	0,17	23	4,65	0,05	13
CONT.	-	41,9	-	-	5,24	-	-	4,12	-	-
LNJ966	78605,5	81,2	0,03	38	10,2	0,03	38	5,22	0,05	15
LNJ966	78605,7	72,2	L	22	9,03	L	22	4,94	0,01	9
LNJ941	78611,1	67,9	L	15	8,48	L	15	4,67	0,22	3
LNJ941	78613,1	75,3	0,03	27	9,41	0,03	27	5,10	L	13
LNJ941	78615,3	75,2	L	27	9,40	L	27	5,03	L	11
LNJ925	78992,1	77,2	0,26	31	9,65	0,26	31	5,18	0,21	15
LNJ925	78992,6	62,1	0,26	5	7,76	0,26	5	-	-	-
LNJ918	78433,1	-	-	-	-	-	-	4,73	0,23	5
LNJ918	78433,2	69,7	0,21	18	8,72	0,21	18	4,90	0,23	8
LNJ918	78433,3	70,2	L	19	8,78	L	19	4,85	0,02	7

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU918	78434,2	65,6	0,02	11	8,21	0,02	11	4,82	0,03	6
LNU915	78426,1	71,3	L	21	8,91	L	21	5,05	L	12
LNU915	78427,1	69,8	0,29	18	8,73	0,29	18	-	-	-
LNU915	78428,1	78,8	L	33	9,85	L	33	5,14	L	14
LNU915	78428,2	66,3	0,27	12	8,28	0,27	12	-	-	-
LNU909	78424,3	69,3	0,29	17	8,66	0,29	17	-	-	-
LNU909	78425,4	-	-	-	-	-	-	5,10	0,05	13
LNU909	78425,5	81,3	0,25	38	10,2	0,25	38	5,29	0,20	17
LNU909	78425,7	67,8	0,14	15	8,48	0,14	15	4,83	0,15	7
LNU890	78202,1	74,4	L	26	9,30	L	26	4,84	0,08	7
LNU854	78236,1	62,9	0,14	6	7,86	0,14	6	4,67	0,22	3
LNU854	78238,1	68,7	L	16	8,59	L	16	4,74	0,11	5
LNU849	78498,4	72,6	L	23	9,08	L	23	4,93	0,09	9
LNU849	78499,1	69,3	0,04	17	8,66	0,04	17	4,84	0,29	7
LNU830	78741,5	79,8	0,17	35	9,98	0,17	35	5,18	0,20	15
LNU830	78742,8	63,8	0,20	8	7,97	0,20	8	-	-	-
LNU824	77826,1	82,9	0,20	40	10,4	0,20	40	5,40	0,11	19
LNU824	77827,3	64,6	0,20	9	8,08	0,20	9	-	-	-
LNU824	77828,4	69,4	0,04	18	8,68	0,04	18	4,73	0,11	5
LNU824	77829,3	73,8	0,05	25	9,22	0,05	25	4,97	0,10	10
LNU822	78623,2	82,2	0,27	39	10,3	0,27	39	5,29	0,22	17
LNU822	78623,6	87,8	L	49	11,0	L	49	5,56	0,04	23
LNU822	78623,7	74,0	0,21	25	9,26	0,21	25	4,96	0,14	10
LNU822	78625,2	75,9	0,29	28	9,48	0,29	28	5,12	0,25	13
LNU813	77682,3	77,3	0,16	31	9,66	0,16	31	5,20	L	15
LNU806	78514,2	87,1	0,02	47	10,9	0,02	47	5,61	L	24
LNU806	78515,3	69,3	L	17	8,66	L	17	4,75	0,10	5
LNU806	78515,4	-	-	-	-	-	-	4,87	0,26	8
LNU806	78515,5	76,4	L	29	9,55	L	29	4,98	L	10
LNU802	80307,3	65,9	0,03	12	8,24	0,03	12	4,68	0,20	3
LNU802	80309,2	67,0	0,27	13	8,38	0,27	13	-	-	-
LNU802	80309,3	67,3	0,09	14	8,41	0,09	14	4,81	0,04	6
LNU802	80310,1	67,1	0,08	14	8,39	0,08	14	4,81	0,14	6
LNU779	77887,2	77,0	0,03	30	9,63	0,03	30	5,09	0,11	13
LNU761	78157,6	67,8	0,15	15	8,48	0,15	15	4,79	0,28	6
LNU761	78159,1	66,3	0,08	12	8,29	0,08	12	4,75	0,08	5
LNU761	78160,3	84,0	0,07	42	10,5	0,07	42	5,44	0,02	20
CONT.	-	59,1	-	-	7,38	-	-	4,52	-	-
LNU976	78364,1	45,6	L	47	5,71	L	47	4,19	L	25
LNU976	78364,2	34,1	0,22	10	4,27	0,22	10	-	-	-
LNU976	78364,5	-	-	-	-	-	-	3,50	0,26	4
LNU970	78388,1	36,2	0,02	17	4,52	0,02	17	3,63	0,03	8
LNU970	78389,7	33,4	0,27	8	4,18	0,27	8	3,62	0,06	8
LNU970	78389,8	44,2	0,03	42	5,52	0,03	42	4,00	L	19
LNU968	77919,4	36,5	0,01	18	4,57	0,01	18	3,66	0,02	9
LNU963	78383,4	36,6	0,07	18	4,57	0,07	18	3,65	0,27	9
LNU950	78913,4	39,1	0,12	26	4,89	0,12	26	3,74	0,18	11
LNU950	78915,2	35,7	0,03	15	4,46	0,03	15	3,66	0,04	9
LNU949	80553,5	37,5	0,22	21	4,69	0,22	21	3,74	0,21	11
LNU949	80553,8	39,6	0,01	28	4,95	0,01	28	3,69	0,16	10
LNU934	79007,5	33,2	0,27	7	4,16	0,27	7	-	-	-
LNU934	79008,1	33,9	0,14	9	4,24	0,14	9	3,64	0,15	8
LNU902	79606,5	38,2	0,03	23	4,77	0,03	23	3,77	0,10	12
LNU875	78413,4	36,3	0,29	17	4,54	0,29	17	3,68	0,22	9
LNU873	80473,4	-	-	-	-	-	-	3,73	0,27	11
LNU843	78962,4	37,7	L	22	4,71	L	22	3,67	0,02	9
LNU843	78963,2	36,3	0,11	17	4,53	0,11	17	3,68	0,08	9
LNU790	78886,2	40,8	L	31	5,10	L	31	3,72	0,08	11
LNU790	78886,3	35,0	0,04	13	4,38	0,04	13	3,67	0,07	9
LNU790	78889,2	-	-	-	-	-	-	3,59	0,07	7

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU767	79146,1	41,6	0,09	34	5,20	0,09	34	3,85	0,15	15
LNU767	79146,2	36,5	0,01	18	4,57	0,01	18	3,72	L	11
CONT.	-	31,0	-	-	3,88	-	-	3,36	-	-
LNU941	78613,1	107,3	0,04	19	13,4	0,04	19	6,23	0,02	11
LNU941	78614,2	111,8	0,01	24	14,0	0,01	24	6,25	0,02	12
LNU941	78615,3	102,4	0,13	13	12,8	0,13	13	6,03	0,15	8
LNU918	78433,3	-	-	-	-	-	-	5,92	0,16	6
LNU915	78427,1	104,1	0,06	15	13,0	0,06	15	5,92	0,17	6
LNU915	78428,1	101,4	0,24	12	12,7	0,24	12	-	-	-
LNU909	78425,5	99,4	0,26	10	12,4	0,26	10	-	-	-
LNU868	77621,5	-	-	-	-	-	-	6,06	0,25	8
LNU854	78237,2	114,2	L	26	14,3	L	26	6,00	0,20	7
LNU849	78498,3	-	-	-	-	-	-	6,09	0,10	9
LNU849	78498,4	105,0	0,05	16	13,1	0,05	16	5,99	0,10	7
LNU830	78741,3	-	-	-	12,3	0,26	9	-	-	-
LNU830	78741,5	107,9	0,09	19	13,5	0,09	19	6,26	0,02	12
LNU813	77682,3	-	-	-	-	-	-	5,88	0,28	5
LNU813	77685,1	109,6	0,02	21	13,7	0,02	21	6,28	0,12	12
LNU806	78514,2	100,4	0,28	11	12,6	0,28	11	5,86	0,29	5
LNU806	78515,3	100,7	0,13	11	12,6	0,13	11	5,93	0,15	6
LNU806	78515,5	101,9	0,15	13	12,7	0,15	13	5,96	0,11	6
LNU780	77489,4	-	-	-	-	-	-	6,04	0,24	8
CONT.	-	90,5	-	-	11,3	-	-	5,60	-	-
LNU948	78378,1	74,9	0,04	20	9,36	0,04	20	5,02	0,18	8
LNU948	78380,2	67,9	0,07	9	8,49	0,07	9	4,84	0,22	5
LNU921	79063,2	64,6	0,28	4	8,07	0,28	4	-	-	-
LNU889	79601,4	67,5	0,08	8	8,44	0,08	8	4,83	0,19	4
LNU888	78771,1	75,6	0,22	21	9,45	0,22	21	5,13	0,29	11
LNU881	78372,2	71,0	0,07	14	8,87	0,07	14	4,95	0,07	7
LNU857	78867,2	69,8	0,27	12	8,72	0,27	12	4,95	0,27	7
LNU857	78870,1	-	-	-	-	-	-	4,77	0,22	3
LNU816	78958,5	75,0	L	20	9,37	L	20	5,17	L	12
LNU816	78958,7	76,6	0,03	23	9,58	0,03	23	5,22	L	13
LNU809	79168,2	72,6	0,24	16	9,07	0,24	16	4,98	0,20	8
LNU809	79168,3	67,9	0,26	9	8,49	0,26	9	-	-	-
LNU807	79248,1	66,3	0,13	6	8,28	0,13	6	4,81	0,10	4
LNU807	79250,2	65,0	0,22	4	8,13	0,22	4	-	-	-
LNU795	79525,1	70,5	0,01	13	8,82	0,01	13	-	-	-
LNU795	79525,5	66,0	0,15	6	8,25	0,15	6	4,80	0,11	4
LNU788	78516,1	76,3	0,07	22	9,54	0,07	22	5,11	0,30	10
LNU788	78517,2	66,7	0,07	7	8,34	0,07	7	4,86	0,06	5
LNU788	78518,1	89,3	0,11	43	11,2	0,11	43	5,59	L	21
LNU778	78941,1	72,6	0,15	16	9,07	0,15	16	4,94	0,16	7
LNU778	78944,2	70,0	0,01	12	8,75	0,01	12	4,90	0,16	6
LNU752	78153,10	75,8	0,26	22	9,48	0,26	22	5,24	0,16	13
LNU752	78155,2	64,9	0,29	4	8,11	0,29	4	4,83	0,26	4
CONT.	-	62,3	-	-	7,79	-	-	4,63	-	-
LNU977	78032,1	89,1	0,28	11	-	-	-	-	-	-
LNU933	78897,1	-	-	-	-	-	-	5,57	0,24	6
LNU880	78197,2	85,7	0,28	7	-	-	-	-	-	-
LNU871	78195,4	90,4	0,07	12	11,3	0,11	10	5,46	0,23	4
LNU848	77906,2	-	-	-	-	-	-	5,58	0,06	6
LNU847	78967,2	87,7	0,07	9	11,0	0,14	7	5,39	0,20	2
LNU846	78438,2	-	-	-	-	-	-	5,53	0,12	5
LNU846	78439,2	-	-	-	-	-	-	5,52	0,22	5
LNU846	78439,4	105,8	L	32	13,2	L	29	6,04	L	15
LNU828	77598,3	96,6	0,17	20	12,1	0,20	18	5,85	0,10	11
LNU823	78122,2	90,5	0,25	13	-	-	-	5,62	0,30	7
LNU772	78938,1	105,8	0,14	32	13,2	0,15	29	6,10	0,26	16
LNU757	77485,4	93,2	L	16	11,7	0,01	14	5,63	0,08	7

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
CONT.	-	80,4	-	-	10,2	-	-	5,26	-	-
LNU972	78907,1	79,1	0,15	21	9,89	0,15	21	5,43	0,24	9
LNU972	78908,2	77,3	0,06	18	9,66	0,06	18	5,40	L	8
LNU972	78909,3	88,0	0,12	35	11,0	0,12	35	5,78	0,09	16
LNU961	79143,3	78,3	0,01	20	9,79	0,01	20	5,51	L	10
LNU961	79143,4	72,6	0,13	11	9,07	0,13	11	5,42	0,05	9
LNU961	79145,3	79,1	0,01	21	9,89	0,01	21	5,38	L	8
LNU961	79145,6	70,6	0,24	8	8,83	0,24	8	5,14	0,19	3
LNU958	77687,2	87,1	L	33	10,9	L	33	5,75	L	15
LNU958	77687,5	83,6	L	28	10,5	L	28	5,72	L	15
LNU958	77689,1	84,4	L	29	10,6	L	29	5,76	L	16
LNU958	77689,2	76,8	0,15	17	9,59	0,15	17	5,37	0,22	8
LNU948	78378,1	83,1	L	27	10,4	L	27	5,66	L	13
LNU948	78379,4	77,8	0,19	19	9,73	0,19	19	-	-	-
LNU948	78380,2	84,5	L	29	10,6	L	29	5,64	L	13
LNU948	78380,3	71,6	0,27	9	8,95	0,27	9	5,21	0,09	5
LNU921	79063,2	82,4	L	26	10,3	L	26	5,53	L	11
LNU921	79064,2	-	-	-	-	-	-	5,25	0,05	5
LNU921	79064,3	74,3	0,14	14	9,28	0,14	14	5,34	0,07	7
LNU913	78592,1	79,5	L	22	9,94	L	22	5,36	0,01	7
LNU913	78592,3	77,5	0,14	18	9,69	0,14	18	5,39	0,21	8
LNU913	78592,4	86,6	L	32	10,8	L	32	5,73	0,07	15
LNU913	78593,1	86,4	L	32	10,8	L	32	5,63	L	13
LNU913	78593,6	92,6	L	42	11,6	L	42	5,96	L	20
LNU912	78401,3	-	-	-	-	-	-	5,25	0,18	5
LNU912	78403,2	83,9	0,06	28	10,5	0,06	28	5,70	0,06	14
LNU912	78404,1	80,3	L	23	10,0	L	23	5,44	L	9
LNU889	79601,4	76,4	0,03	17	9,55	0,03	17	5,42	L	9
LNU889	79602,4	-	-	-	-	-	-	5,27	0,21	6
LNU881	78372,2	91,4	L	40	11,4	L	40	5,88	L	18
LNU881	78373,1	73,9	0,14	13	9,24	0,14	13	-	-	-
LNU881	78373,2	91,7	L	40	11,5	L	40	5,96	0,01	19
LNU823	78136,4	87,2	L	33	10,9	L	33	5,68	0,05	14
LNU816	78957,1	76,3	0,04	17	9,54	0,04	17	5,42	0,02	9
LNU816	78958,4	86,4	L	32	10,8	L	32	5,60	L	12
LNU816	78958,7	96,1	0,02	47	12,0	0,02	47	6,27	0,01	26
LNU809	79168,3	77,9	0,14	19	9,74	0,14	19	5,46	0,18	9
LNU809	79169,2	78,2	0,17	20	9,77	0,17	20	5,32	0,21	7
LNU783	79176,3	74,1	0,14	13	9,26	0,14	13	-	-	-
LNU783	79176,6	77,0	0,03	18	9,62	0,03	18	5,44	0,08	9
LNU783	79178,4	70,3	0,27	7	8,79	0,27	7	5,54	L	11
LNU782	77441,1	84,1	L	29	10,5	L	29	5,45	L	9
LNU782	77444,10	73,5	0,15	12	9,19	0,15	12	5,17	0,23	4
LNU782	77444,9	91,8	0,07	40	11,5	0,07	40	6,19	0,03	24
LNU772	78937,4	-	-	-	-	-	-	5,22	0,26	5
LNU772	78938,1	96,4	L	47	12,1	L	47	6,07	L	22
LNU772	78938,2	73,9	0,12	13	9,23	0,12	13	5,29	0,02	6
LNU772	78940,2	78,9	0,04	21	9,87	0,04	21	5,43	0,12	9
LNU762	79329,2	80,9	L	24	10,1	L	24	5,50	L	10
LNU757	77481,1	-	-	-	-	-	-	5,12	0,23	3
LNU757	77483,3	74,8	0,05	14	9,34	0,05	14	5,40	L	8
CONT.	-	65,4	-	-	8,18	-	-	4,99	-	-
LNU907	78872,1	-	-	-	-	-	-	5,68	0,11	9
LNU907	78872,3	-	-	-	-	-	-	5,32	0,21	2
LNU882	78973,1	78,8	L	10	9,85	L	10	5,48	L	5
LNU882	78973,4	85,5	0,23	20	10,7	0,23	20	5,74	0,17	10
LNU871	78195,4	77,2	L	8	9,66	L	8	5,37	0,07	3
LNU865	79761,7	80,8	L	13	10,1	L	13	5,49	0,14	5
LNU847	78968,3	-	-	-	-	-	-	5,41	0,07	4
LNU845	78917,3	75,2	0,29	5	9,40	0,29	5	5,34	0,11	2

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNJ835	78186,2	76,3	0,10	7	9,54	0,10	7	-	-	-
LNJ835	78189,1	73,5	0,26	3	9,19	0,26	3	5,34	0,27	2
LNJ807	79250,1	81,1	0,15	13	10,1	0,15	13	5,50	L	6
LNJ766	78931,1	-	-	-	-	-	-	5,31	0,28	2
LNJ766	78931,2	-	-	-	-	-	-	5,49	0,26	5
LNJ766	78932,1	88,4	0,16	24	11,1	0,16	24	5,78	0,16	11
CONT.	-	71,6	-	-	8,94	-	-	5,21	-	-
LNJ975	80622,1	62,2	0,11	26	7,78	0,11	26	4,99	0,19	11
LNJ975	80624,5	56,3	L	14	7,04	L	14	4,62	0,14	3
LNJ971	78395,1	57,1	L	15	7,14	L	15	4,82	L	7
LNJ971	78395,2	60,4	L	22	7,55	L	22	5,02	L	12
LNJ964	80548,6	-	-	-	-	-	-	4,58	0,26	2
LNJ960	78600,3	60,4	0,06	22	7,55	0,06	22	4,91	0,03	9
LNJ957	80437,8	52,0	0,13	5	6,50	0,13	5	4,70	0,07	5
LNJ955	80432,4	53,8	0,07	9	6,72	0,07	9	4,58	0,28	2
LNJ953	80427,1	-	-	-	-	-	-	4,76	0,29	6
LNJ949	80553,7	55,9	L	13	6,99	L	13	4,64	0,15	3
LNJ949	80553,8	55,1	0,09	11	6,89	0,09	11	4,74	0,02	5
LNJ949	80557,4	-	-	-	-	-	-	4,94	0,21	10
LNJ946	80648,2	52,2	0,24	5	6,52	0,24	5	-	-	-
LNJ944	79781,6	53,2	0,03	8	6,65	0,03	8	4,68	0,02	4
LNJ928	78213,1	53,7	0,28	9	6,71	0,28	9	4,67	0,05	4
LNJ917	77500,4	-	-	-	-	-	-	4,79	0,27	7
LNJ917	77500,6	-	-	-	-	-	-	4,82	0,06	7
LNJ906	79219,1	-	-	-	-	-	-	4,61	0,15	3
LNJ906	79219,6	-	-	-	-	-	-	4,69	0,08	4
LNJ904	78987,3	-	-	-	-	-	-	4,68	0,19	4
LNJ901	80474,1	57,2	L	16	7,15	L	16	4,77	L	6
LNJ901	80474,5	53,2	0,04	8	6,65	0,04	8	4,66	0,04	4
LNJ901	80476,5	59,5	0,16	20	7,44	0,16	20	4,81	0,17	7
LNJ899	79765,4	-	-	-	-	-	-	4,75	0,13	6
LNJ899	79766,2	52,3	0,17	6	6,54	0,17	6	-	-	-
LNJ899	79766,3	55,1	0,02	11	6,89	0,02	11	-	-	-
LNJ897	80445,2	69,1	L	40	8,63	L	40	5,15	L	15
LNJ892	80410,1	54,1	0,17	9	6,77	0,17	9	-	-	-
LNJ892	80414,5	53,5	0,02	8	6,68	0,02	8	4,63	0,09	3
LNJ884	80405,3	58,0	L	17	7,25	L	17	4,74	L	6
LNJ874	78366,3	61,6	L	24	7,70	L	24	5,05	L	12
LNJ874	78370,1	56,4	L	14	7,05	L	14	4,80	0,25	7
LNJ874	78370,3	56,6	L	14	7,08	L	14	4,82	L	7
LNJ873	80469,3	53,2	0,28	8	6,65	0,28	8	-	-	-
LNJ873	80473,3	55,1	0,09	11	6,88	0,09	11	4,62	0,14	3
LNJ873	80473,6	54,4	0,10	10	6,79	0,10	10	4,68	0,24	4
LNJ870	78501,1	-	-	-	-	-	-	4,70	0,03	5
LNJ870	78505,5	53,7	0,15	9	6,72	0,15	9	4,64	0,12	3
LNJ867	79590,4	61,1	0,13	23	7,63	0,13	23	4,89	L	9
LNJ867	79590,7	58,6	L	18	7,32	L	18	4,93	0,13	10
LNJ866	80443,2	52,9	0,04	7	6,62	0,04	7	-	-	-
LNJ862	79755,6	-	-	-	-	-	-	4,69	0,28	4
LNJ862	79757,1	54,9	0,16	11	6,87	0,16	11	4,82	0,27	7
LNJ862	79758,3	-	-	-	-	-	-	4,69	0,09	4
LNJ862	79758,5	70,4	L	42	8,80	L	42	5,41	L	20
LNJ856	79753,3	55,3	L	12	6,91	L	12	4,79	L	7
LNJ831	79331,7	67,1	0,08	35	8,38	0,08	35	5,18	L	15
LNJ829	77912,3	58,6	0,23	18	7,33	0,23	18	4,98	0,22	11
LNJ829	77914,2	55,7	0,25	13	6,96	0,25	13	4,78	L	6
LNJ817	80599,2	53,0	0,03	7	6,62	0,03	7	-	-	-
LNJ800	77896,1	59,7	L	21	7,46	L	21	4,84	0,06	8
LNJ800	77896,4	53,7	0,05	8	6,71	0,05	8	4,76	0,16	6
LNJ799	78672,7	57,7	0,03	17	7,21	0,03	17	4,84	0,11	8

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU799	78674,5	60,7	0,08	23	7,59	0,08	23	4,94	0,13	10
LNU794	78522,1	61,8	0,18	25	7,73	0,18	25	4,81	0,15	7
LNU794	78524,1	-	-	-	-	-	-	4,95	0,30	10
LNU794	78524,5	58,6	0,24	18	7,33	0,24	18	4,93	0,20	10
LNU794	78525,2	56,8	L	15	7,10	L	15	4,72	L	5
LNU792	79161,2	51,6	0,28	4	6,45	0,28	4	-	-	-
LNU778	78944,5	63,7	L	29	7,96	L	29	5,16	L	15
LNU773	80399,1	57,2	0,01	16	7,16	0,01	16	4,79	0,23	7
LNU763	77588,6	64,2	L	30	8,02	L	30	4,83	0,05	8
LNU758	79739,10	63,0	0,15	27	7,88	0,15	27	-	-	-
LNU753	77141,2	56,3	L	14	7,03	L	14	4,77	L	6
LNU753	77143,3	57,6	0,02	16	7,19	0,02	16	4,79	0,07	7
LNU753	77144,1	56,0	L	13	7,00	L	13	4,80	L	7
LNU749	80792,2	-	-	-	-	-	-	4,76	0,17	6
LNU749	80792,3	54,1	0,09	9	6,76	0,09	9	4,66	0,07	4
CONT.	-	49,5	-	-	6,19	-	-	4,49	-	-
LNU970	78390,3	101,4	0,22	8	12,7	0,22	8	-	-	-
LNU893	77154,4	105,3	0,09	12	13,2	0,09	12	5,96	0,18	6
LNU885	78416,5	-	-	-	-	-	-	6,04	0,24	7
LNU790	78890,1	121,6	L	29	15,2	L	29	6,42	0,01	14
CONT.	-	94,1	-	-	11,8	-	-	5,64	-	-
LNU947	77448,4	104,8	L	33	13,1	L	31	5,95	L	12
LNU940	77811,6	90,4	0,27	15	-	-	-	-	-	-
LNU940	77813,1	96,4	0,01	23	12,0	L	21	5,73	0,03	8
LNU900	78851,3	94,7	0,07	20	11,8	0,09	19	5,60	0,10	6
LNU898	78983,4	96,3	0,10	23	12,0	0,13	21	5,81	0,05	10
LNU894	78283,4	85,5	0,25	9	10,7	0,28	7	5,49	0,25	4
LNU894	78283,7	102,3	L	30	12,8	L	28	5,96	L	13
LNU846	78436,2	87,5	0,26	11	10,9	0,30	10	-	-	-
LNU846	78439,4	103,6	0,07	32	13,0	0,09	30	6,04	0,08	14
LNU820	77807,2	89,2	0,22	14	11,2	0,26	12	-	-	-
LNU820	77809,1	86,5	0,15	10	10,8	0,15	8	-	-	-
LNU815	77492,6	85,2	0,22	8	10,7	0,23	7	-	-	-
LNU815	77494,1	103,8	0,02	32	13,0	0,03	30	5,94	L	12
LNU814	78953,2	84,6	0,25	8	10,6	0,27	6	-	-	-
LNU811	78176,8	86,8	0,22	10	10,9	0,24	9	-	-	-
LNU811	78179,1	97,6	0,22	24	12,2	0,25	22	5,78	0,25	9
LNU811	78180,3	85,4	0,21	9	10,7	0,22	7	-	-	-
LNU797	78025,3	-	-	-	-	-	-	5,59	0,16	6
LNU793	78168,1	87,7	0,11	11	11,0	0,10	10	-	-	-
LNU793	78169,1	85,3	0,21	8	10,7	0,21	7	-	-	-
LNU769	78163,4	85,6	0,23	9	10,7	0,25	7	-	-	-
LNU756	77581,3	90,6	0,06	15	11,3	0,05	14	5,51	0,18	4
LNU751	77478,3	90,0	0,10	14	11,3	0,12	13	-	-	-
CONT.	-	78,6	-	-	9,97	-	-	5,30	-	-
LNU965	78360,5	112,4	0,02	20	14,0	0,06	18	-	-	-
LNU943	78407,2	110,0	0,10	17	13,8	0,15	15	-	-	-
LNU913	78593,1	115,2	0,01	23	14,4	0,04	21	6,19	0,07	8
LNU833	78184,1	101,4	0,07	8	12,7	0,09	6	5,85	0,14	2
LNU764	78926,1	103,8	0,01	11	13,0	L	9	5,97	0,18	4
CONT.	-	93,7	-	-	11,9	-	-	5,75	-	-

Tabela 124: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

[00654] Os genes listados na Tabela 125 melhoraram a NUE da planta quando cultivada em níveis de concentração limitantes de nitrogênio. Estes genes produziram plantas com desenvolvimento mais rápido quando cultivadas sob condições de cultivo limitantes de nitrogênio, em comparação com plantas de controle cultivadas sob condições idênticas, conforme medido pela taxa de crescimento do número de folhas, diâmetro da roseta e cobertura do lote.

Tabela 125

Genes mostrando o desempenho melhorado de crescimento da roseta em

condições de cultivo limitantes de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU952	78218,1	-	-	-	5,74	0,18	17	0,354	0,12	13
LNU952	78219,3	-	-	-	-	-	-	0,345	0,23	10
LNU945	78998,2	-	-	-	-	-	-	0,347	0,20	10
LNU920	78507,1	-	-	-	6,13	0,06	25	0,377	0,03	20
LNU920	78508,1	-	-	-	5,90	0,10	20	-	-	-
LNU920	78508,2	-	-	-	6,12	0,05	25	0,372	0,02	18
LNU916	78208,3	-	-	-	5,84	0,15	19	0,349	0,19	11
LNU914	80516,2	-	-	-	5,79	0,15	18	0,356	0,09	13
LNU914	80516,4	-	-	-	-	-	-	0,344	0,24	10
LNU911	80424,2	-	-	-	-	-	-	0,349	0,16	11
LNU905	79674,3	-	-	-	5,56	0,28	13	0,349	0,21	11
LNU905	79675,3	-	-	-	6,01	0,08	23	0,369	0,03	17
LNU840	78676,1	-	-	-	5,78	0,15	18	0,368	0,04	17
LNU840	78676,4	-	-	-	6,08	0,06	24	0,346	0,21	10
LNU834_H1	80402,7	-	-	-	5,61	0,26	14	0,348	0,20	11
LNU832_H2	80605,1	-	-	-	-	-	-	0,348	0,22	11
LNU819	78133,3	-	-	-	-	-	-	0,342	0,26	9
LNU791	77893,1	-	-	-	6,26	0,04	28	0,381	0,01	21
LNU791	77893,2	-	-	-	5,77	0,16	18	0,357	0,09	14
LNU760_H1	80127,2	-	-	-	6,04	0,08	23	0,358	0,09	14
CONT.	-	-	-	-	4,90	-	-	0,314	-	-
LNU966	78604,1	0,819	0,23	12	9,03	0,03	29	-	-	-
LNU966	78605,5	0,839	0,15	15	9,63	L	38	0,374	0,25	11
LNU966	78605,7	-	-	-	8,64	0,04	24	0,375	0,23	11
LNU941	78611,1	0,833	0,13	14	8,08	0,16	16	-	-	-
LNU941	78613,1	-	-	-	8,95	0,02	28	0,381	0,17	13
LNU941	78613,5	-	-	-	8,12	0,22	16	-	-	-
LNU941	78615,3	0,812	0,28	11	8,86	0,02	27	0,376	0,22	11
LNU925	78992,1	-	-	-	9,16	0,02	31	0,385	0,16	14
LNU925	78992,6	-	-	-	-	-	-	0,371	0,29	10
LNU922	78290,1	0,833	0,18	14	8,73	0,05	25	-	-	-
LNU918	78433,1	0,805	0,22	10	-	-	-	-	-	-
LNU918	78433,2	-	-	-	8,28	0,13	18	-	-	-
LNU918	78433,3	-	-	-	8,35	0,08	20	-	-	-
LNU918	78433,8	0,841	0,08	15	-	-	-	-	-	-
LNU918	78434,2	-	-	-	7,84	0,27	12	0,375	0,22	11
LNU915	78426,1	-	-	-	8,47	0,07	21	0,375	0,24	11
LNU915	78427,1	-	-	-	8,24	0,14	18	-	-	-
LNU915	78428,1	0,880	0,03	21	9,41	L	35	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm ² /dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU915	78428,2	0,812	0,20	11	7,87	0,26	13	-	-	-
LNU909	78424,3	0,832	0,12	14	8,23	0,13	18	-	-	-
LNU909	78425,4	0,802	0,26	10	8,36	0,11	20	-	-	-
LNU909	78425,5	0,858	0,09	18	9,77	L	40	0,390	0,15	16
LNU909	78425,7	-	-	-	8,12	0,16	16	-	-	-
LNU890	78202,1	0,871	0,05	19	8,89	0,02	27	-	-	-
LNU854	78238,1	-	-	-	8,07	0,18	16	-	-	-
LNU854	78240,1	-	-	-	8,49	0,10	22	0,383	0,24	14
LNU849	78498,4	-	-	-	8,44	0,06	21	-	-	-
LNU849	78499,1	-	-	-	8,31	0,10	19	-	-	-
LNU849	78500,3	-	-	-	8,66	0,07	24	0,380	0,24	13
LNU830	78741,3	-	-	-	8,18	0,15	17	0,378	0,22	12
LNU830	78741,5	0,917	0,05	26	9,41	L	35	0,379	0,22	12
LNU824	77826,1	0,877	0,07	20	9,81	L	40	0,403	0,06	20
LNU824	77828,4	-	-	-	8,21	0,13	17	-	-	-
LNU824	77829,3	-	-	-	8,66	0,04	24	-	-	-
LNU822	78623,2	-	-	-	9,81	L	40	0,398	0,13	18
LNU822	78623,6	0,809	0,27	11	10,5	L	50	0,418	0,02	24
LNU822	78623,7	0,817	0,23	12	8,88	0,03	27	0,379	0,20	13
LNU822	78625,2	0,828	0,28	13	9,05	0,03	29	0,381	0,23	13
LNU822	78625,7	-	-	-	8,20	0,16	17	-	-	-
LNU813	77682,3	-	-	-	9,07	0,02	30	0,399	0,07	18
LNU806	78514,2	-	-	-	10,4	L	48	0,428	L	27
LNU806	78515,3	-	-	-	8,21	0,12	18	-	-	-
LNU806	78515,4	0,876	0,04	20	8,08	0,17	16	-	-	-
LNU806	78515,5	0,895	0,05	23	8,97	0,02	28	-	-	-
LNU802	80307,3	-	-	-	7,86	0,26	13	-	-	-
LNU802	80309,2	-	-	-	7,87	0,28	13	-	-	-
LNU802	80309,3	-	-	-	8,00	0,21	15	-	-	-
LNU802	80310,1	-	-	-	8,08	0,17	16	-	-	-
LNU779	77887,2	0,822	0,18	13	9,09	0,01	30	0,377	0,23	12
LNU761	78157,6	0,828	0,20	13	8,18	0,14	17	-	-	-
LNU761	78159,1	-	-	-	7,91	0,25	13	-	-	-
LNU761	78160,3	0,848	0,12	16	9,99	L	43	0,410	0,03	22
CONT.	-	0,730	-	-	6,99	-	-	0,337	-	-
LNU976	78364,1	-	-	-	5,53	L	48	0,334	0,01	27
LNU970	78388,1	-	-	-	4,43	0,15	18	-	-	-
LNU970	78389,8	0,669	0,27	14	5,28	L	41	0,299	0,20	13
LNU968	77919,4	-	-	-	4,44	0,15	19	-	-	-
LNU963	78383,4	-	-	-	4,46	0,14	19	-	-	-
LNU962	78635,8	0,666	0,27	13	-	-	-	-	-	-
LNU950	78913,4	-	-	-	4,81	0,03	29	0,297	0,24	13
LNU950	78915,2	-	-	-	4,35	0,20	16	-	-	-
LNU949	80553,5	-	-	-	4,56	0,11	22	0,299	0,23	14
LNU949	80553,8	-	-	-	4,80	0,03	28	-	-	-
LNU949	80557,4	-	-	-	4,25	0,30	14	-	-	-
LNU934	79008,1	-	-	-	-	-	-	0,297	0,22	13
LNU908	79738,5	0,670	0,28	14	-	-	-	-	-	-
LNU902	79606,5	-	-	-	4,51	0,12	21	-	-	-
LNU875	78413,4	-	-	-	4,40	0,19	18	-	-	-
LNU873	80473,4	-	-	-	4,40	0,20	18	0,300	0,21	14
LNU843	78962,4	-	-	-	4,61	0,08	23	-	-	-
LNU843	78963,2	-	-	-	4,35	0,20	16	-	-	-
LNU790	78886,2	0,697	0,16	18	4,94	0,02	32	-	-	-
LNU790	78886,3	0,677	0,27	15	4,25	0,28	14	0,292	0,30	11
LNU790	78889,2	0,686	0,21	17	-	-	-	-	-	-
LNU787	80547,7	0,721	0,09	22	-	-	-	-	-	-
LNU767	79146,1	0,695	0,20	18	5,12	L	37	0,302	0,17	15
LNU767	79146,2	-	-	-	4,43	0,15	19	0,300	0,18	14

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm ³ /dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
CONT.	-	0,589	-	-	3,74	-	-	0,263	-	-
LNU966	78605,5	0,819	0,20	17	-	-	-	-	-	-
LNU941	78614,2	-	-	-	13,8	0,19	23	-	-	-
LNU922	78287,3	0,798	0,26	14	-	-	-	-	-	-
LNU915	78428,2	0,807	0,26	15	-	-	-	-	-	-
LNU854	78237,2	-	-	-	14,2	0,14	27	-	-	-
LNU830	78741,5	-	-	-	13,3	0,28	19	-	-	-
LNU813	77685,1	-	-	-	13,6	0,21	22	-	-	-
LNU751	77477,1	0,878	0,07	25	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,702	-	-	11,2	-	-	-	-	-
LNU948	78378,1	-	-	-	10,5	0,04	22	-	-	-
LNU888	78771,1	-	-	-	10,7	0,05	25	0,481	0,05	24
LNU881	78372,2	-	-	-	9,74	0,19	13	-	-	-
LNU857	78867,2	-	-	-	9,70	0,23	13	-	-	-
LNU816	78958,5	-	-	-	10,9	0,02	26	0,481	0,02	24
LNU816	78958,7	-	-	-	10,4	0,05	21	0,449	0,10	16
LNU809	79168,2	-	-	-	10,1	0,15	17	-	-	-
LNU809	79168,3	-	-	-	9,60	0,28	11	0,430	0,26	11
LNU807	79248,1	-	-	-	-	-	-	0,430	0,24	11
LNU795	79525,1	-	-	-	9,66	0,24	12	-	-	-
LNU795	79525,5	-	-	-	-	-	-	0,429	0,23	11
LNU788	78516,1	-	-	-	10,8	0,02	25	0,454	0,14	17
LNU788	78518,1	-	-	-	12,2	L	41	0,466	0,04	20
LNU783	79178,2	-	-	-	-	-	-	0,446	0,19	15
LNU778	78941,1	-	-	-	10,0	0,15	16	-	-	-
LNU778	78944,2	-	-	-	9,86	0,16	14	0,432	0,22	12
LNU752	78153,10	-	-	-	11,1	0,03	29	0,503	0,01	30
CONT.	-	-	-	-	8,61	-	-	0,388	-	-
LNU933	78897,1	0,890	0,12	17	-	-	-	-	-	-
LNU882	78975,3	0,863	0,23	13	-	-	-	-	-	-
LNU880	78196,1	-	-	-	-	-	-	0,490	0,30	9
LNU880	78200,6	-	-	-	12,0	0,15	21	0,502	0,18	11
LNU848	77906,2	-	-	-	11,6	0,24	17	-	-	-
LNU848	77907,4	0,866	0,18	14	-	-	-	-	-	-
LNU847	78967,2	0,892	0,13	17	-	-	-	-	-	-
LNU847	78967,4	0,858	0,23	13	-	-	-	-	-	-
LNU846	78436,2	0,938	0,04	23	-	-	-	-	-	-
LNU846	78438,2	-	-	-	-	-	-	0,502	0,16	11
LNU846	78439,4	0,852	0,26	12	13,1	0,02	32	0,506	0,13	12
LNU828	77598,3	0,876	0,16	15	12,0	0,14	21	0,512	0,11	14
LNU814	78953,3	0,885	0,15	16	-	-	-	-	-	-
LNU814	78955,4	0,865	0,23	13	-	-	-	-	-	-
LNU772	78937,4	0,849	0,29	11	-	-	-	-	-	-
LNU772	78938,1	-	-	-	13,0	0,04	31	0,500	0,21	11
LNU772	78940,2	0,861	0,26	13	-	-	-	-	-	-
LNU757	77485,4	-	-	-	11,6	0,23	17	-	-	-
LNU750	78863,2	-	-	-	-	-	-	0,493	0,23	9
CONT.	-	0,762	-	-	9,91	-	-	0,451	-	-
LNU972	78907,1	-	-	-	9,59	0,11	22	-	-	-
LNU972	78908,2	0,810	0,24	14	9,30	0,17	18	0,443	0,13	13
LNU972	78909,3	0,862	0,08	22	10,8	0,01	38	0,481	0,02	23
LNU961	79143,3	-	-	-	9,64	0,10	23	0,455	0,07	16
LNU961	79143,4	-	-	-	-	-	-	0,438	0,18	12
LNU961	79145,3	0,801	0,27	13	9,44	0,14	20	0,443	0,13	13
LNU961	79145,6	0,806	0,26	14	-	-	-	-	-	-
LNU958	77687,2	0,893	0,05	26	10,5	0,02	33	0,492	L	26
LNU958	77687,5	-	-	-	9,85	0,06	25	0,448	0,10	14
LNU958	77689,1	-	-	-	10,2	0,03	30	0,479	0,02	22
LNU958	77689,2	-	-	-	9,40	0,15	20	0,440	0,17	12

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm²/área]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/área]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU948	78378,1	0,810	0,26	14	10,0	0,04	28	0,472	0,02	20
LNU948	78379,4	-	-	-	9,34	0,17	19	0,437	0,20	12
LNU948	78380,2	0,836	0,14	18	10,1	0,04	29	0,443	0,14	13
LNU921	79063,2	0,889	0,04	25	10,1	0,04	28	0,445	0,12	14
LNU921	79064,3	0,806	0,28	14	-	-	-	0,433	0,23	11
LNU913	78592,1	-	-	-	9,58	0,11	22	-	-	-
LNU913	78592,3	0,798	0,29	13	9,17	0,22	17	-	-	-
LNU913	78592,4	-	-	-	10,4	0,02	32	0,454	0,09	16
LNU913	78593,1	0,831	0,16	17	10,4	0,02	32	0,452	0,08	16
LNU913	78593,6	-	-	-	11,1	L	42	0,482	0,01	23
LNU912	78401,3	-	-	-	-	-	-	0,431	0,28	10
LNU912	78403,2	-	-	-	10,1	0,04	28	0,462	0,05	18
LNU912	78404,1	0,806	0,25	14	9,74	0,08	24	0,441	0,16	13
LNU889	79601,4	-	-	-	9,11	0,23	16	0,433	0,23	11
LNU889	79602,4	0,802	0,29	13	9,30	0,19	18	-	-	-
LNU888	78772,2	0,804	0,30	13	-	-	-	-	-	-
LNU881	78372,2	0,833	0,15	18	10,9	L	39	0,471	0,02	20
LNU881	78373,1	0,846	0,12	19	-	-	-	-	-	-
LNU881	78373,2	0,831	0,20	17	10,8	0,01	37	0,466	0,04	19
LNU823	78136,4	0,856	0,10	21	10,5	0,02	34	0,466	0,04	19
LNU816	78957,1	-	-	-	9,02	0,27	15	-	-	-
LNU816	78958,4	-	-	-	10,5	0,01	34	0,455	0,07	16
LNU816	78958,7	-	-	-	11,3	L	44	0,497	L	27
LNU809	79168,3	-	-	-	9,38	0,17	19	0,456	0,07	16
LNU809	79169,2	-	-	-	9,42	0,15	20	0,444	0,13	13
LNU783	79176,3	-	-	-	9,01	0,27	15	-	-	-
LNU783	79176,6	-	-	-	9,33	0,16	19	0,445	0,13	14
LNU783	79178,4	-	-	-	-	-	-	0,462	0,04	18
LNU782	77441,1	0,884	0,07	25	10,1	0,04	29	0,428	0,28	9
LNU782	77444,10	0,812	0,23	15	-	-	-	-	-	-
LNU782	77444,2	0,798	0,29	13	-	-	-	-	-	-
LNU782	77444,9	-	-	-	10,9	L	39	0,509	L	30
LNU772	78938,1	0,945	0,02	33	11,7	L	49	0,506	L	29
LNU772	78940,2	-	-	-	9,42	0,14	20	-	-	-
LNU762	79329,2	-	-	-	9,70	0,09	23	0,440	0,15	12
LNU757	77481,1	0,857	0,09	21	-	-	-	-	-	-
LNU757	77483,2	0,820	0,21	16	-	-	-	-	-	-
LNU757	77483,3	0,832	0,16	17	-	-	-	0,447	0,12	14
CONT.	-	0,708	-	-	7,85	-	-	0,391	-	-
LNU882	78973,4	-	-	-	10,2	0,09	18	0,449	0,25	8
LNU807	79250,1	-	-	-	9,82	0,18	14	-	-	-
LNU766	78932,1	-	-	-	10,6	0,04	22	-	-	-
CONT.	-	-	-	-	8,64	-	-	0,416	-	-
LNU975	80622,1	-	-	-	7,90	L	28	0,416	0,05	16
LNU975	80624,5	0,743	0,20	19	7,02	0,14	14	-	-	-
LNU971	78395,1	-	-	-	7,01	0,16	14	-	-	-
LNU971	78395,2	-	-	-	7,28	0,06	18	0,400	0,13	12
LNU960	78599,4	0,725	0,28	17	-	-	-	-	-	-
LNU960	78600,3	-	-	-	7,49	0,03	22	0,400	0,13	12
LNU957	80435,3	0,723	0,30	16	-	-	-	-	-	-
LNU955	80432,3	0,735	0,24	18	-	-	-	-	-	-
LNU955	80432,4	-	-	-	6,83	0,25	11	-	-	-
LNU953	80429,1	0,722	0,30	16	-	-	-	-	-	-
LNU949	80553,7	-	-	-	6,94	0,19	13	-	-	-
LNU949	80557,4	-	-	-	7,12	0,12	16	0,396	0,19	11
LNU928	78212,1	0,818	0,04	31	-	-	-	-	-	-
LNU928	78213,1	-	-	-	6,82	0,25	11	-	-	-
LNU923	77603,3	-	-	-	-	-	-	0,391	0,24	9
LNU917	77500,4	-	-	-	6,91	0,25	12	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU906	79219,5	0,743	0,21	19	-	-	-	-	-	-
LNU904	78987,2	0,775	0,11	25	-	-	-	-	-	-
LNU901	80476,5	-	-	-	7,41	0,04	20	-	-	-
LNU899	79765,4	-	-	-	6,88	0,22	12	0,395	0,18	10
LNU899	79766,2	-	-	-	-	-	-	0,390	0,28	9
LNU897	80445,2	-	-	-	8,64	L	40	0,431	0,01	20
LNU892	80410,1	-	-	-	-	-	-	0,393	0,23	10
LNU884	80405,3	-	-	-	7,35	0,04	19	-	-	-
LNU884	80407,1	-	-	-	7,09	0,13	15	-	-	-
LNU884	80408,2	-	-	-	7,12	0,15	16	-	-	-
LNU884	80408,4	-	-	-	7,10	0,13	15	0,395	0,21	10
LNU874	78366,3	-	-	-	7,47	0,03	21	0,402	0,11	12
LNU874	78370,1	-	-	-	7,03	0,13	14	-	-	-
LNU874	78370,3	-	-	-	7,05	0,12	15	0,398	0,15	11
LNU874	78370,7	0,727	0,28	17	-	-	-	-	-	-
LNU873	80469,1	0,771	0,12	24	-	-	-	-	-	-
LNU873	80473,3	-	-	-	6,91	0,19	12	-	-	-
LNU873	80473,6	-	-	-	6,88	0,21	12	0,400	0,13	12
LNU870	78501,1	-	-	-	-	-	-	0,398	0,15	11
LNU870	78505,1	-	-	-	-	-	-	0,401	0,14	12
LNU867	79589,3	-	-	-	-	-	-	0,389	0,27	9
LNU867	79590,3	0,746	0,22	20	-	-	-	-	-	-
LNU867	79590,4	-	-	-	7,30	0,07	18	-	-	-
LNU867	79590,7	-	-	-	7,30	0,05	19	0,405	0,10	13
LNU866	80442,2	0,734	0,25	18	-	-	-	-	-	-
LNU866	80443,2	0,752	0,17	21	-	-	-	-	-	-
LNU866	80444,6	-	-	-	6,87	0,24	12	-	-	-
LNU862	79757,1	-	-	-	-	-	-	0,391	0,26	9
LNU862	79758,3	-	-	-	-	-	-	0,392	0,22	10
LNU862	79758,5	-	-	-	8,82	L	43	0,459	L	28
LNU856	79753,3	-	-	-	6,80	0,26	10	-	-	-
LNU856	79753,5	0,742	0,21	19	-	-	-	-	-	-
LNU831	79331,7	-	-	-	8,43	L	37	0,428	0,01	20
LNU831	79335,2	0,783	0,10	26	-	-	-	-	-	-
LNU829	77912,3	-	-	-	7,24	0,07	18	0,399	0,16	11
LNU829	77914,1	0,774	0,11	24	-	-	-	-	-	-
LNU829	77914,2	-	-	-	6,90	0,21	12	0,398	0,15	11
LNU817	80598,1	-	-	-	6,81	0,28	11	-	-	-
LNU800	77896,1	-	-	-	7,38	0,04	20	-	-	-
LNU799	78672,5	0,725	0,29	17	-	-	-	-	-	-
LNU799	78672,7	-	-	-	7,09	0,11	15	-	-	-
LNU799	78674,2	-	-	-	7,03	0,15	14	-	-	-
LNU799	78674,5	-	-	-	7,50	0,02	22	0,406	0,10	13
LNU796	78235,5	0,755	0,16	21	-	-	-	-	-	-
LNU794	78522,1	-	-	-	7,67	0,02	25	-	-	-
LNU794	78524,1	-	-	-	7,85	0,01	28	0,399	0,18	11
LNU794	78524,5	-	-	-	7,30	0,06	19	0,392	0,24	9
LNU794	78525,2	-	-	-	7,14	0,09	16	-	-	-
LNU792	79161,2	0,778	0,11	25	-	-	-	-	-	-
LNU792	79162,2	0,720	0,30	16	-	-	-	-	-	-
LNU778	78943,5	0,778	0,10	25	-	-	-	-	-	-
LNU778	78944,1	0,841	0,03	35	-	-	-	-	-	-
LNU778	78944,5	-	-	-	8,11	L	32	0,432	L	21
LNU773	80399,1	-	-	-	6,96	0,16	13	-	-	-
LNU771	80077,2	-	-	-	6,83	0,28	11	0,403	0,12	13
LNU763	77588,6	-	-	-	7,62	0,02	24	-	-	-
LNU763	77589,3	0,725	0,28	16	-	-	-	-	-	-
LNU758	79739,10	-	-	-	7,84	L	27	0,400	0,17	12
LNU753	77141,2	-	-	-	6,90	0,20	12	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm ² /dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU753	77143,3	-	-	-	7,23	0,06	17	-	-	-
LNU753	77144,1	-	-	-	6,88	0,21	12	0,387	0,29	8
CONT.	-	0,622	-	-	6,16	-	-	0,358	-	-
LNU790	78890,1	-	-	-	14,8	0,04	29	0,510	0,25	13
CONT.	-	-	-	-	11,5	-	-	0,452	-	-
LNU947	77448,4	-	-	-	12,6	0,02	32	-	-	-
LNU940	77813,1	-	-	-	12,1	0,06	26	0,470	0,21	13
LNU900	78851,3	-	-	-	11,3	0,19	18	-	-	-
LNU898	78983,4	-	-	-	11,7	0,11	23	0,468	0,23	13
LNU894	78283,7	-	-	-	12,4	0,04	29	-	-	-
LNU846	78439,4	-	-	-	12,5	0,03	31	0,468	0,23	13
LNU815	77494,1	-	-	-	12,7	0,02	33	-	-	-
LNU811	78179,1	-	-	-	11,8	0,10	24	-	-	-
LNU756	77581,3	-	-	-	11,0	0,27	15	-	-	-
LNU751	77477,4	0,941	0,11	18	-	-	-	-	-	-
LNU751	77478,3	-	-	-	11,1	0,23	16	-	-	-
CONT.	-	0,800	-	-	9,56	-	-	0,415	-	-
LNU965	78360,5	-	-	-	13,7	0,11	20	0,534	0,16	10
LNU943	78407,2	-	-	-	13,4	0,16	17	-	-	-
LNU913	78593,1	-	-	-	14,0	0,07	23	-	-	-
CONT.	-	-	-	-	11,4	-	-	0,487	-	-

Tabela 125: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

[00655] Os genes listados nas Tabelas 126-127 melhoraram a NUE da planta quando cultivada em níveis de concentração de nitrogênio padrão. Esses genes produziram plantas maiores com uma área fotossintética maior e biomassa melhorada (peso fresco, peso seco, número de folhas, diâmetro da roseta, área de roseta e cobertura de lote) quando cultivadas sob condições de nitrogênio padrão, comparado às plantas de controle cultivadas em condições de cultivo idênticas.

Tabela 126

Genes mostrando a produção de biomassa melhorada da planta em condições de cultivo de nitrogênio padrão

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU966	78605,5	-	-	-	-	-	-	12,1	0,07	5
LNU941	78611,1	-	-	-	3018,8	0,07	7	-	-	-
LNU941	78613,1	-	-	-	2987,5	0,15	5	11,9	0,30	2
LNU941	78614,2	-	-	-	3137,5	L	11	-	-	-
LNU941	78615,3	-	-	-	-	-	-	13,1	L	13
LNU925	78991,7	-	-	-	-	-	-	12,6	0,03	8
LNU925	78992,1	230,6	0,28	4	3031,2	0,21	7	12,2	0,28	6
LNU925	78992,6	-	-	-	2957,1	0,17	4	-	-	-
LNU922	78290,1	-	-	-	2943,8	0,27	4	12,9	0,11	11

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU918	78433,3	238,6	0,23	8	-	-	-	-	-	-
LNU918	78433,8	-	-	-	3156,2	0,06	11	-	-	-
LNU918	78434,2	-	-	-	-	-	-	12,5	0,19	8
LNU915	78426,1	236,2	0,25	7	-	-	-	12,4	0,04	7
LNU915	78428,1	242,5	0,30	10	3131,2	0,13	11	12,3	0,06	6
LNU915	78428,2	-	-	-	-	-	-	12,1	0,05	5
LNU909	78424,3	236,2	0,16	7	-	-	-	12,9	L	12
LNU909	78425,4	-	-	-	-	-	-	12,6	L	9
LNU909	78425,7	-	-	-	-	-	-	12,4	L	7
LNU890	78202,1	-	-	-	-	-	-	12,3	0,01	6
LNU854	78238,1	-	-	-	-	-	-	12,0	0,15	4
LNU849	78498,4	-	-	-	-	-	-	12,4	0,10	7
LNU849	78499,1	-	-	-	2981,2	0,27	5	-	-	-
LNU849	78500,3	234,4	0,16	6	-	-	-	-	-	-
LNU830	78741,3	-	-	-	-	-	-	12,0	0,11	4
LNU830	78741,5	-	-	-	-	-	-	12,1	0,07	5
LNU824	77826,1	235,6	0,11	6	-	-	-	12,6	0,16	9
LNU822	78623,2	-	-	-	2943,8	0,22	4	12,8	0,01	11
LNU822	78623,6	-	-	-	2937,5	0,25	4	11,9	0,30	2
LNU822	78625,2	-	-	-	-	-	-	11,9	0,17	3
LNU822	78625,7	-	-	-	-	-	-	12,1	0,05	5
LNU813	77682,3	-	-	-	-	-	-	12,7	0,19	9
LNU806	78515,4	-	-	-	-	-	-	12,9	L	12
LNU806	78515,5	-	-	-	-	-	-	12,2	0,15	6
LNU802	80310,1	239,4	0,07	8	-	-	-	-	-	-
LNU779	77887,2	-	-	-	-	-	-	12,1	0,17	4
LNU779	77887,3	-	-	-	-	-	-	12,6	0,12	8
LNU761	78159,1	-	-	-	-	-	-	11,9	0,29	3
LNU761	78160,3	235,0	0,19	6	-	-	-	12,5	0,08	8
CONT.	-	221,4	-	-	2832,1	-	-	11,6	-	-
LNU976	78364,1	-	-	-	-	-	-	9,75	0,11	5
LNU976	78364,2	-	-	-	-	-	-	9,75	0,11	5
LNU976	78364,5	-	-	-	-	-	-	9,69	0,22	5
LNU843	78962,4	-	-	-	-	-	-	9,56	0,25	3
LNU790	78890,3	-	-	-	-	-	-	9,81	0,28	6
CONT.	-	-	-	-	-	-	-	9,27	-	-
LNU966	78605,5	-	-	-	-	-	-	11,9	0,02	8
LNU941	78613,1	403,2	0,03	14	5655,4	0,16	19	11,5	0,15	4
LNU941	78614,2	-	-	-	5047,3	0,24	6	12,1	0,04	10
LNU941	78615,3	377,9	0,24	7	-	-	-	-	-	-
LNU915	78427,1	-	-	-	5133,3	0,12	8	-	-	-
LNU915	78428,1	373,8	0,27	5	5237,5	0,21	10	-	-	-
LNU915	78428,2	-	-	-	5231,2	0,17	10	-	-	-
LNU854	78238,1	-	-	-	5087,5	0,15	7	11,9	0,02	8
LNU849	78499,1	-	-	-	-	-	-	11,4	0,17	4
LNU849	78500,1	-	-	-	-	-	-	11,8	0,06	7
LNU830	78741,5	-	-	-	-	-	-	12,3	L	12
LNU830	78742,6	-	-	-	-	-	-	11,8	0,02	7
LNU813	77681,4	-	-	-	-	-	-	11,5	0,15	4
LNU806	78514,2	-	-	-	5231,2	0,08	10	11,4	0,26	4
LNU806	78515,3	-	-	-	-	-	-	11,5	0,27	4
LNU780	77489,4	-	-	-	-	-	-	11,6	0,15	5
LNU751	77477,4	-	-	-	-	-	-	11,4	0,23	3
LNU751	77480,1	-	-	-	-	-	-	11,6	0,18	5
CONT.	-	354,5	-	-	4755,4	-	-	11,0	-	-
LNU948	78376,3	240,0	L	32	2737,5	L	49	-	-	-
LNU948	78378,1	226,2	0,03	24	2212,5	0,13	20	11,8	0,05	5
LNU921	79063,2	-	-	-	-	-	-	12,1	L	8
LNU921	79064,2	257,5	0,02	41	2868,8	L	56	-	-	-
LNU921	79064,3	286,2	L	57	3000,0	L	63	11,8	0,23	6

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNJ912	78402,3	231,9	0,04	27	2581,2	0,04	40	-	-	-
LNJ912	78405,2	-	-	-	-	-	-	12,3	0,19	10
LNJ889	79599,1	237,5	0,07	30	2681,2	0,04	46	12,1	0,18	8
LNJ889	79602,4	-	-	-	-	-	-	11,9	0,30	7
LNJ881	78373,1	231,2	0,02	27	2643,8	L	44	-	-	-
LNJ881	78373,2	259,4	0,06	42	3143,8	0,03	71	11,9	0,13	6
LNJ881	78374,1	-	-	-	-	-	-	12,0	0,01	7
LNJ865	79761,2	267,5	L	47	3018,8	L	64	12,0	0,10	7
LNJ865	79761,4	227,5	0,06	25	2618,8	0,17	42	12,0	L	7
LNJ865	79761,7	281,2	L	54	3112,5	L	69	-	-	-
LNJ857	78868,2	-	-	-	-	-	-	11,6	0,12	3
LNJ831	79331,2	-	-	-	-	-	-	11,7	0,14	5
LNJ831	79333,1	265,0	0,04	45	3087,5	L	68	-	-	-
LNJ831	79333,2	258,5	L	42	2945,8	L	60	-	-	-
LNJ816	78957,1	242,5	L	33	2956,2	L	61	-	-	-
LNJ816	78958,5	-	-	-	-	-	-	11,9	0,03	6
LNJ816	78958,7	-	-	-	-	-	-	11,9	0,13	6
LNJ809	79168,5	229,4	0,23	26	2550,0	0,02	38	-	-	-
LNJ807	79248,1	-	-	-	-	-	-	11,9	0,18	7
LNJ807	79250,1	-	-	-	-	-	-	11,6	0,12	3
LNJ795	79521,6	-	-	-	-	-	-	11,4	0,27	2
LNJ795	79525,1	203,1	0,21	11	-	-	-	-	-	-
LNJ795	79525,4	265,6	L	46	2950,0	L	60	-	-	-
LNJ788	78516,1	225,6	0,03	24	2437,5	0,03	32	-	-	-
LNJ788	78517,1	-	-	-	-	-	-	12,4	0,08	11
LNJ788	78517,2	-	-	-	-	-	-	11,9	0,03	6
LNJ788	78518,1	238,8	0,17	31	2331,2	0,07	27	12,4	0,04	11
LNJ788	78520,4	-	-	-	-	-	-	11,9	0,01	7
LNJ783	79178,4	-	-	-	-	-	-	11,8	0,23	6
LNJ778	78944,1	-	-	-	-	-	-	11,8	0,02	6
LNJ778	78944,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,05	5
LNJ762	79328,3	-	-	-	-	-	-	12,2	0,11	9
LNJ762	79329,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,02	6
LNJ752	78153,1	264,4	L	45	3043,8	L	65	12,1	L	8
LNJ752	78155,2	-	-	-	-	-	-	12,0	0,10	7
CONT.	-	182,3	-	-	1841,3	-	-	11,2	-	-
LNJ977	77991,4	-	-	-	4112,5	0,14	10	-	-	-
LNJ977	78033,1	365,0	0,24	19	4481,2	0,24	20	-	-	-
LNJ880	78196,1	342,5	0,02	12	4043,8	0,02	9	-	-	-
LNJ880	78197,4	-	-	-	3981,2	0,03	7	-	-	-
LNJ871	78191,1	319,4	0,24	5	-	-	-	-	-	-
LNJ871	78191,3	326,2	0,20	7	4243,8	L	14	-	-	-
LNJ848	77906,2	-	-	-	4100,0	0,29	10	-	-	-
LNJ848	77909,2	-	-	-	3987,5	0,08	7	-	-	-
LNJ848	77909,5	-	-	-	4031,2	0,09	8	-	-	-
LNJ846	78438,1	322,1	0,18	5	-	-	-	-	-	-
LNJ845	78920,1	-	-	-	4000,0	0,02	7	-	-	-
LNJ828	77600,4	331,9	0,23	9	4100,0	0,07	10	-	-	-
LNJ823	78122,2	321,2	0,19	5	3918,8	0,10	5	-	-	-
LNJ823	78136,1	327,5	0,28	7	-	-	-	-	-	-
LNJ823	78136,4	320,8	0,30	5	-	-	-	-	-	-
LNJ823	78137,3	-	-	-	-	-	-	12,3	0,11	6
LNJ772	78937,4	-	-	-	-	-	-	11,9	0,03	3
LNJ772	78938,1	331,9	0,06	9	-	-	-	12,8	0,01	10
LNJ757	77481,1	-	-	-	4098,2	0,13	10	-	-	-
LNJ757	77485,2	335,6	0,19	10	4081,2	0,28	10	-	-	-
LNJ757	77485,4	338,1	0,02	11	4250,0	0,08	14	-	-	-
LNJ750	78863,2	-	-	-	-	-	-	11,9	0,23	2
CONT.	-	305,5	-	-	3722,0	-	-	11,6	-	-
LNJ972	78907,1	386,2	0,29	7	5068,8	0,04	10	11,9	0,02	6

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU972	78909,3	-	-	-	-	-	-	12,5	0,29	11
LNU961	79143,3	-	-	-	-	-	-	11,6	0,24	2
LNU961	79145,3	396,9	0,24	9	5556,2	L	20	-	-	-
LNU961	79145,8	-	-	-	5037,5	0,05	9	-	-	-
LNU958	77687,2	-	-	-	-	-	-	12,4	L	9
LNU958	77687,5	-	-	-	-	-	-	12,5	0,05	11
LNU958	77689,1	-	-	-	-	-	-	12,0	0,02	6
LNU958	77689,2	-	-	-	5093,8	0,04	10	-	-	-
LNU948	78379,4	-	-	-	-	-	-	12,1	L	7
LNU948	78380,2	-	-	-	5275,0	0,16	14	12,3	L	9
LNU921	79063,2	-	-	-	-	-	-	12,5	L	11
LNU921	79064,3	-	-	-	-	-	-	11,9	0,05	5
LNU913	78592,1	-	-	-	-	-	-	12,1	L	7
LNU913	78592,3	-	-	-	-	-	-	12,4	0,16	9
LNU913	78592,4	-	-	-	-	-	-	13,1	0,26	16
LNU913	78593,6	-	-	-	-	-	-	13,1	L	16
LNU912	78403,2	-	-	-	-	-	-	12,0	0,02	6
LNU912	78404,1	406,9	L	12	5300,0	0,07	15	-	-	-
LNU888	78772,7	-	-	-	-	-	-	12,3	0,02	9
LNU881	78372,2	-	-	-	5393,8	0,19	17	-	-	-
LNU881	78373,1	406,2	L	12	5431,2	L	18	-	-	-
LNU881	78373,2	-	-	-	-	-	-	12,6	0,08	11
LNU881	78374,1	398,0	L	10	5265,2	L	14	12,4	0,06	9
LNU881	78374,4	-	-	-	5157,1	0,03	12	-	-	-
LNU823	78136,1	-	-	-	5000,0	0,06	8	-	-	-
LNU823	78136,4	391,2	0,03	8	5093,8	0,03	10	-	-	-
LNU823	78137,3	390,3	0,24	8	5273,2	0,01	14	-	-	-
LNU816	78957,1	-	-	-	5250,0	0,12	14	12,1	0,18	7
LNU816	78958,7	-	-	-	-	-	-	12,7	0,28	12
LNU809	79168,3	-	-	-	-	-	-	11,9	0,24	6
LNU782	77441,1	-	-	-	-	-	-	12,2	0,04	8
LNU782	77443,3	-	-	-	4943,8	0,12	7	-	-	-
LNU782	77444,9	-	-	-	-	-	-	12,6	0,20	12
LNU772	78937,4	-	-	-	4962,5	0,08	8	-	-	-
LNU772	78938,1	387,5	0,16	7	-	-	-	12,4	L	9
LNU772	78940,2	-	-	-	-	-	-	12,6	0,04	12
LNU762	79330,3	-	-	-	5019,6	0,22	9	-	-	-
LNU757	77481,1	-	-	-	-	-	-	12,5	0,05	11
LNU757	77483,2	-	-	-	-	-	-	11,8	0,14	5
LNU757	77485,2	-	-	-	4937,5	0,13	7	-	-	-
LNU757	77485,4	-	-	-	-	-	-	12,2	0,04	8
CONT.	-	362,5	-	-	4614,3	-	-	11,3	-	-
LNU933	78900,5	-	-	-	2568,8	0,23	6	-	-	-
LNU907	78872,3	-	-	-	2850,0	0,08	17	-	-	-
LNU907	78872,8	-	-	-	2662,5	0,04	9	-	-	-
LNU882	78973,4	-	-	-	-	-	-	13,8	0,11	8
LNU871	78195,4	286,2	0,13	13	2625,0	0,21	8	-	-	-
LNU865	79761,2	271,9	0,25	7	-	-	-	-	-	-
LNU857	78867,2	-	-	-	2622,3	0,08	8	-	-	-
LNU848	77909,3	-	-	-	-	-	-	13,2	0,08	4
LNU847	78967,4	-	-	-	2687,5	0,30	10	-	-	-
LNU835	78186,6	-	-	-	2731,2	0,29	12	-	-	-
LNU835	78187,2	-	-	-	2706,2	0,12	11	-	-	-
LNU835	78189,1	-	-	-	2637,5	0,06	8	-	-	-
LNU828	77600,4	-	-	-	2718,8	0,05	12	-	-	-
LNU807	79250,1	-	-	-	-	-	-	13,3	0,12	4
LNU798	79671,4	-	-	-	-	-	-	13,1	0,20	2
LNU795	79521,3	295,6	0,03	17	2650,0	0,05	9	-	-	-
LNU795	79525,4	-	-	-	2556,2	0,24	5	-	-	-
LNU766	78931,2	-	-	-	-	-	-	13,1	0,20	2

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU766	78932,1	291,9	0,03	15	2937,5	L	21	13,3	0,03	4
LNU752	78153,1	-	-	-	2662,5	0,04	9	-	-	-
LNU750	78863,3	-	-	-	2650,0	0,13	9	-	-	-
CONT.	-	253,4	-	-	2433,9	-	-	12,8	-	-
LNU976	78364,1	-	-	-	3637,5	0,27	11	-	-	-
LNU976	78364,2	-	-	-	-	-	-	12,2	0,14	3
LNU970	78389,8	276,2	0,11	12	3700,0	L	13	-	-	-
LNU968	77917,3	-	-	-	3470,5	0,12	6	-	-	-
LNU967	79001,1	-	-	-	3493,8	0,14	7	-	-	-
LNU967	79002,4	258,1	0,07	5	3511,6	0,24	8	-	-	-
LNU963	78383,4	255,0	0,22	4	3668,8	L	12	-	-	-
LNU963	78384,2	268,8	0,02	9	3493,8	0,11	7	-	-	-
LNU950	78915,2	263,1	0,06	7	3581,2	0,06	10	-	-	-
LNU934	79007,5	-	-	-	-	-	-	12,2	0,09	3
LNU908	79734,4	-	-	-	3443,8	0,14	6	12,1	0,29	2
LNU908	79736,2	-	-	-	3525,0	0,18	8	-	-	-
LNU908	79736,4	258,1	0,21	5	-	-	-	-	-	-
LNU902	79604,2	256,2	0,24	4	3600,0	0,11	10	-	-	-
LNU902	79604,4	-	-	-	-	-	-	12,5	0,03	5
LNU902	79606,1	-	-	-	3518,8	0,05	8	-	-	-
LNU885	78416,1	-	-	-	3481,2	0,08	7	-	-	-
LNU885	78416,5	-	-	-	3437,5	0,14	5	-	-	-
LNU885	78419,3	261,9	0,04	6	3475,0	0,15	7	-	-	-
LNU885	78420,1	265,6	0,01	8	3718,8	L	14	-	-	-
LNU879	77799,2	-	-	-	3481,2	0,08	7	-	-	-
LNU879	77799,3	259,4	0,24	5	-	-	-	-	-	-
LNU875	78413,4	-	-	-	-	-	-	12,4	0,07	4
LNU875	78415,1	-	-	-	3562,5	0,24	9	-	-	-
LNU858	79584,2	-	-	-	3625,0	0,15	11	-	-	-
LNU858	79585,1	263,3	0,02	7	3747,3	0,05	15	-	-	-
LNU858	79586,3	275,0	0,28	12	-	-	-	12,4	0,22	4
LNU790	78889,2	-	-	-	-	-	-	12,5	0,16	5
LNU790	78890,1	268,1	0,11	9	3662,5	0,08	12	-	-	-
LNU790	78890,3	-	-	-	3400,0	0,25	4	12,6	0,07	6
LNU767	79146,1	-	-	-	-	-	-	12,3	0,06	4
LNU767	79146,2	263,1	0,02	7	3506,2	0,08	7	12,3	0,18	4
CONT.	-	246,0	-	-	3262,5	-	-	11,9	-	-
LNU947	77446,1	318,8	0,02	8	3731,2	0,11	5	-	-	-
LNU947	77447,3	318,1	0,02	8	3737,5	0,03	5	12,5	0,07	4
LNU940	77812,4	-	-	-	3737,5	0,03	5	-	-	-
LNU900	78851,3	317,5	0,11	8	3800,0	0,03	7	-	-	-
LNU900	78852,5	-	-	-	3678,6	0,11	3	-	-	-
LNU900	78854,3	314,4	0,09	7	-	-	-	-	-	-
LNU898	78981,3	322,1	0,01	9	3873,2	0,11	9	12,4	0,14	3
LNU898	78983,4	325,6	0,01	10	3843,8	L	8	12,4	0,05	3
LNU898	78985,1	308,1	0,14	5	3750,0	0,07	5	-	-	-
LNU898	78985,4	-	-	-	3656,2	0,18	3	-	-	-
LNU894	78282,3	-	-	-	3750,0	0,07	5	12,6	0,20	5
LNU894	78283,4	316,2	0,13	7	3718,8	0,18	5	-	-	-
LNU894	78283,7	322,5	0,10	9	3775,0	0,16	6	12,8	L	6
LNU846	78436,2	323,8	L	10	3825,0	0,02	8	-	-	-
LNU820	77807,2	325,0	0,19	10	3737,5	0,05	5	-	-	-
LNU815	77492,2	-	-	-	3712,5	0,06	4	-	-	-
LNU815	77492,6	315,6	0,24	7	3818,8	0,10	7	12,5	0,07	4
LNU815	77494,1	-	-	-	-	-	-	13,1	0,14	9
LNU815	77495,3	-	-	-	-	-	-	12,5	0,02	4
LNU814	78953,2	-	-	-	-	-	-	12,7	0,09	5
LNU814	78953,3	311,9	0,13	6	-	-	-	-	-	-
LNU814	78955,4	-	-	-	-	-	-	12,6	0,14	4
LNU811	78176,1	-	-	-	3775,0	0,02	6	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco [mg]			Peso Fresco [mg]			Número de Folhas		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU811	78176,8	-	-	-	-	-	-	12,4	0,05	3
LNU797	78025,2	-	-	-	3916,1	L	10	-	-	-
LNU797	78025,3	-	-	-	3812,5	0,05	7	-	-	-
LNU793	78166,4	303,8	0,29	3	-	-	-	-	-	-
LNU793	78167,2	-	-	-	-	-	-	12,4	0,14	3
LNU793	78169,1	-	-	-	-	-	-	12,5	0,27	4
LNU780	77489,4	-	-	-	3689,6	0,28	4	-	-	-
LNU776	79747,1	-	-	-	3834,5	0,28	8	-	-	-
LNU769	78163,8	308,1	0,27	5	-	-	-	-	-	-
LNU769	78165,2	327,5	0,13	11	3681,2	0,13	4	-	-	-
LNU759	77236,2	-	-	-	3632,1	0,30	2	-	-	-
LNU759	77236,8	312,5	0,06	6	3825,0	0,08	8	-	-	-
LNU751	77477,1	-	-	-	3806,2	L	7	-	-	-
LNU751	77478,3	308,1	0,14	5	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	294,8	-	-	3555,4	-	-	12,0	-	-
LNU972	78907,1	-	-	-	4868,8	0,04	12	-	-	-
LNU943	78407,1	-	-	-	-	-	-	12,4	0,13	3
LNU943	78407,2	-	-	-	-	-	-	12,2	0,29	2
LNU913	78592,1	-	-	-	-	-	-	12,4	0,03	3
LNU913	78592,4	432,5	0,25	17	4681,2	0,21	8	-	-	-
LNU864	79339,2	-	-	-	4718,8	0,12	9	-	-	-
LNU850	78638,7	-	-	-	4837,5	0,05	11	-	-	-
LNU768	77883,4	-	-	-	4587,5	0,30	6	-	-	-
CONT.	-	368,8	-	-	4341,1	-	-	12,0	-	-

Tabela 126: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, $p < 0,1$ foi considerado como significativo.

Tabela 127

Genes mostrando a produção de biomassa melhorada da planta em condições de cultivo de nitrogênio padrão

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU966	78604,1	87,4	0,28	11	10,9	0,28	11	5,52	0,28	7
LNU966	78605,5	87,3	0,17	11	10,9	0,17	11	-	-	-
LNU941	78615,3	87,8	0,29	12	11,0	0,29	12	-	-	-
LNU918	78434,2	-	-	-	-	-	-	5,48	0,19	6
LNU915	78426,1	91,7	0,26	17	11,5	0,26	17	5,74	0,21	11
LNU915	78428,1	94,7	0,03	20	11,8	0,03	20	5,69	0,06	10
LNU909	78424,3	96,2	0,24	22	12,0	0,24	22	5,78	0,11	12
LNU830	78741,5	-	-	-	-	-	-	5,51	0,24	7
LNU824	77826,1	87,0	0,18	11	10,9	0,18	11	-	-	-
LNU822	78623,7	91,8	0,28	17	11,5	0,28	17	5,61	0,29	8
LNU806	78515,4	86,7	0,19	10	10,8	0,19	10	5,49	0,17	6
LNU806	78515,5	100,9	0,19	28	12,6	0,19	28	5,96	0,27	15
CONT.	-	78,6	-	-	9,83	-	-	5,17	-	-
LNU976	78364,1	42,6	L	44	5,33	L	44	4,05	L	24
LNU976	78364,5	35,5	0,01	20	4,44	0,01	20	3,64	0,02	11
LNU970	78388,1	35,7	0,02	21	4,46	0,02	21	3,70	0,15	13
LNU970	78389,2	-	-	-	-	-	-	3,39	0,16	3
LNU970	78389,8	36,1	0,18	22	4,81	L	30	3,80	L	16
LNU970	78390,3	-	-	-	-	-	-	3,41	0,10	4
LNU968	77918,3	33,3	0,15	13	4,17	0,15	13	3,46	0,26	6
LNU968	77919,4	35,9	L	21	4,49	L	21	3,64	L	11
LNU963	78383,4	32,2	0,07	9	4,03	0,07	9	3,43	0,18	5
LNU963	78385,1	34,1	0,20	15	4,26	0,20	15	3,53	0,21	8
LNU950	78913,4	-	-	-	-	-	-	3,46	0,29	6
LNU949	80557,4	33,2	0,15	12	4,15	0,15	12	3,51	0,23	7

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU934	79007,5	32,9	0,10	11	4,11	0,10	11	-	-	-
LNU934	79008,1	32,7	0,22	10	4,09	0,22	10	3,48	0,20	6
LNU902	79606,5	-	-	-	-	-	-	3,77	0,26	15
LNU843	78962,4	33,8	0,24	14	4,23	0,24	14	-	-	-
LNU790	78886,3	31,7	0,19	7	3,96	0,19	7	3,39	0,16	4
LNU790	78890,1	35,0	L	18	4,38	L	18	3,62	L	10
LNU787	80547,3	31,4	0,21	6	3,92	0,21	6	3,43	0,07	5
LNU785	79616,8	35,5	0,01	20	4,43	0,01	20	3,49	0,02	7
LNU767	79146,1	35,0	0,27	18	4,38	0,27	18	-	-	-
LNU767	79146,2	33,5	0,03	13	4,18	0,03	13	3,49	0,02	7
CONT.	-	29,6	-	-	3,70	-	-	3,27	-	-
LNU941	78613,1	105,6	0,15	14	13,2	0,15	13	6,16	0,13	7
LNU915	78428,1	-	-	-	-	-	-	6,18	0,26	7
LNU909	78425,4	-	-	-	-	-	-	6,08	0,25	6
LNU830	78741,3	123,8	0,21	34	16,5	0,01	41	6,88	L	19
LNU830	78741,5	127,1	L	38	15,9	L	36	6,74	0,01	17
LNU830	78742,6	103,8	0,23	12	13,0	0,25	11	6,03	0,29	5
LNU813	77681,4	115,6	0,16	25	14,4	0,18	24	6,63	0,03	15
CONT.	-	92,4	-	-	11,7	-	-	5,76	-	-
LNU948	78376,3	94,8	0,03	23	11,9	0,03	23	5,98	0,17	11
LNU948	78378,1	103,6	0,11	34	13,0	0,11	34	6,04	0,15	12
LNU921	79063,2	93,0	0,02	20	11,6	0,02	20	5,65	0,14	5
LNU921	79064,2	97,5	L	26	12,2	L	26	6,27	L	16
LNU921	79064,3	109,9	L	42	13,7	L	42	6,10	L	13
LNU889	79599,1	91,9	0,01	19	11,5	0,01	19	5,75	0,05	7
LNU889	79602,4	86,1	0,08	11	10,8	0,08	11	5,58	0,29	3
LNU888	78771,1	84,6	0,27	9	10,6	0,27	9	-	-	-
LNU881	78372,2	94,2	L	22	11,8	L	22	5,94	L	10
LNU881	78373,1	95,7	0,03	24	12,0	0,03	24	5,81	0,04	8
LNU881	78373,2	108,9	0,08	41	13,6	0,08	41	6,31	0,14	17
LNU881	78374,1	95,8	0,03	24	12,0	0,03	24	5,93	0,01	10
LNU865	79761,2	129,8	L	68	16,2	L	68	6,89	L	28
LNU865	79761,4	111,1	L	44	13,9	L	44	6,58	0,03	22
LNU865	79761,7	95,8	0,23	24	12,0	0,23	24	5,92	0,12	10
LNU831	79333,1	93,5	0,11	21	11,7	0,11	21	5,88	0,12	9
LNU816	78957,1	101,1	0,27	31	12,6	0,27	31	6,04	0,02	12
LNU816	78958,5	100,6	0,09	30	12,6	0,09	30	5,99	0,03	11
LNU816	78958,7	95,0	L	23	11,9	L	23	5,82	0,02	8
LNU809	79168,3	84,4	0,14	9	10,5	0,14	9	5,72	0,07	6
LNU809	79169,5	87,1	0,20	13	10,9	0,20	13	5,67	0,14	5
LNU795	79525,1	92,3	0,07	19	11,5	0,07	19	5,85	0,02	8
LNU795	79525,4	92,7	0,20	20	11,6	0,20	20	-	-	-
LNU795	79525,5	-	-	-	-	-	-	5,61	0,17	4
LNU788	78516,1	110,6	0,06	43	13,8	0,06	43	6,25	L	16
LNU788	78517,1	97,7	L	26	12,2	L	26	5,88	0,01	9
LNU788	78518,1	125,2	0,06	62	15,6	0,06	62	6,62	L	23
LNU783	79178,2	85,4	0,15	10	10,7	0,15	10	5,58	0,24	3
LNU783	79178,4	84,9	0,22	10	10,6	0,22	10	5,95	0,02	10
LNU778	78944,1	109,0	0,16	41	13,6	0,16	41	6,16	0,18	14
LNU778	78944,2	87,1	0,06	13	10,9	0,06	13	5,61	0,22	4
LNU762	79328,3	86,0	0,15	11	10,7	0,15	11	-	-	-
LNU762	79330,3	82,6	0,26	7	10,3	0,26	7	-	-	-
LNU752	78153,1	-	-	-	-	-	-	6,16	0,22	14
LNU752	78155,2	84,2	0,23	9	10,5	0,23	9	5,69	0,11	5
CONT.	-	77,4	-	-	9,67	-	-	5,40	-	-
LNU882	78973,4	105,5	0,10	7	13,2	0,10	7	6,07	0,11	4
LNU848	77906,2	112,2	0,07	13	14,0	0,07	13	6,37	L	9
LNU846	78439,4	120,8	0,20	22	15,1	0,20	22	6,53	L	12
LNU823	78122,2	-	-	-	-	-	-	6,04	0,19	3
LNU823	78137,3	109,4	0,19	10	13,7	0,19	10	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU814	78955,4	-	-	-	-	-	-	5,99	0,28	2
LNU772	78938,1	122,1	L	23	15,3	L	23	6,48	0,11	11
LNU757	77485,4	103,0	0,28	4	12,9	0,28	4	-	-	-
CONT.	-	99,0	-	-	12,4	-	-	5,84	-	-
LNU972	78907,1	77,6	0,27	10	9,69	0,27	10	-	-	-
LNU972	78909,3	87,4	L	23	10,9	L	23	5,90	0,09	13
LNU961	79143,4	-	-	-	-	-	-	5,57	0,20	7
LNU961	79145,3	80,9	0,10	14	10,1	0,10	14	5,50	0,20	5
LNU958	77687,2	86,2	0,08	22	10,8	0,08	22	-	-	-
LNU958	77687,5	88,0	0,05	24	11,0	0,05	24	6,04	0,05	16
LNU958	77689,1	81,8	L	16	10,2	L	16	5,53	0,02	6
LNU948	78378,1	84,7	0,28	20	10,6	0,28	20	5,76	0,24	10
LNU948	78379,4	75,6	0,14	7	9,45	0,14	7	-	-	-
LNU948	78380,2	81,3	0,25	15	10,2	0,25	15	5,54	0,16	6
LNU921	79063,2	83,6	0,19	18	10,4	0,19	18	-	-	-
LNU921	79064,3	83,6	L	18	10,5	L	18	5,65	0,02	8
LNU913	78592,1	90,3	0,03	28	11,3	0,03	28	5,91	L	13
LNU913	78592,3	83,4	0,03	18	10,4	0,03	18	5,58	0,15	7
LNU913	78592,4	90,8	L	28	11,4	L	28	5,79	0,03	11
LNU913	78593,1	85,4	L	21	10,7	L	21	5,68	L	9
LNU913	78593,6	95,2	L	35	11,9	L	35	5,88	L	13
LNU912	78403,2	81,4	L	15	10,2	L	15	5,70	L	9
LNU912	78404,1	80,8	0,17	14	10,1	0,17	14	-	-	-
LNU889	79599,1	74,2	0,29	5	9,28	0,29	5	-	-	-
LNU889	79601,4	75,9	0,16	7	9,49	0,16	7	5,46	0,14	5
LNU889	79602,4	74,8	0,21	6	9,35	0,21	6	5,43	0,14	4
LNU881	78372,2	86,7	0,08	22	10,8	0,08	22	5,84	L	12
LNU881	78373,2	92,0	L	30	11,5	L	30	5,81	L	11
LNU881	78374,1	79,5	0,14	12	9,94	0,14	12	-	-	-
LNU823	78136,4	80,5	0,01	14	10,1	0,01	14	5,50	0,03	5
LNU816	78957,1	86,7	0,03	22	10,8	0,03	22	5,78	0,11	11
LNU816	78958,7	96,7	L	37	12,1	L	37	6,13	L	17
LNU809	79168,3	80,8	0,14	14	10,1	0,14	14	5,48	0,12	5
LNU809	79169,2	80,4	0,01	14	10,1	0,01	14	5,48	0,04	5
LNU782	77441,1	87,6	0,04	24	10,9	0,04	24	5,72	0,02	10
LNU782	77444,2	76,2	0,26	8	9,53	0,26	8	-	-	-
LNU782	77444,9	87,9	0,19	24	11,0	0,19	24	5,66	0,07	8
LNU772	78937,4	75,5	0,14	7	9,44	0,14	7	-	-	-
LNU772	78938,1	99,5	L	41	12,4	L	41	6,35	0,03	22
LNU772	78940,2	85,8	L	21	10,7	L	21	5,86	L	12
LNU762	79329,2	75,6	0,24	7	9,45	0,24	7	-	-	-
CONT.	-	70,8	-	-	8,85	-	-	5,22	-	-
LNU882	78973,1	89,3	L	19	11,2	L	19	5,94	0,20	12
LNU882	78973,4	92,0	0,02	23	11,5	0,02	23	5,91	L	11
LNU871	78195,4	78,1	0,18	4	9,77	0,18	4	5,45	0,24	3
LNU865	79761,2	83,8	0,11	12	10,5	0,11	12	5,69	0,06	7
LNU865	79761,7	87,1	0,23	16	10,9	0,23	16	5,89	0,21	11
LNU857	78967,1	84,7	0,17	13	10,6	0,17	13	5,79	0,20	9
LNU835	78186,2	84,2	L	12	10,5	L	12	5,78	0,02	9
LNU807	79250,1	81,1	0,08	8	10,1	0,08	8	-	-	-
LNU798	79671,4	88,0	0,03	17	11,0	0,03	17	5,72	0,08	8
LNU795	79525,4	80,8	0,09	8	10,1	0,09	8	5,48	0,18	3
LNU766	78931,2	84,1	0,07	12	10,5	0,07	12	5,71	L	8
LNU766	78932,1	94,9	0,14	27	11,9	0,14	27	5,91	0,06	11
CONT.	-	74,9	-	-	9,36	-	-	5,30	-	-
LNU976	78362,2	-	-	-	-	-	-	6,38	0,08	6
LNU976	78364,2	116,5	0,10	14	14,6	0,08	12	6,57	0,02	10
LNU970	78389,8	140,6	L	38	17,6	L	36	6,84	L	14
LNU970	78390,3	119,1	0,06	16	14,9	0,05	15	6,53	0,11	9
LNU963	78383,1	-	-	-	-	-	-	6,31	0,12	5

Nome do Gene	Evento #	Cobertura do Lote [cm ²]			Área da Roseta [cm ²]			Diâmetro da Roseta [cm]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU963	78383,3	-	-	-	-	-	-	6,28	0,22	5
LNU963	78384,2	119,9	0,05	17	15,0	0,03	16	6,38	0,07	6
LNU934	79007,5	127,0	0,17	24	15,9	0,19	23	-	-	-
LNU902	79606,1	110,6	0,29	8	13,8	0,30	7	6,32	0,11	5
LNU885	78416,1	110,6	0,28	8	13,8	0,28	7	6,28	0,16	5
LNU885	78419,3	111,5	0,24	9	13,9	0,24	8	6,42	0,24	7
LNU879	77799,2	-	-	-	-	-	-	6,25	0,29	4
LNU858	79586,3	113,6	0,22	11	14,2	0,24	10	6,41	0,06	7
LNU858	79587,2	-	-	-	-	-	-	6,29	0,16	5
LNU790	78890,1	119,7	0,08	17	15,0	0,08	16	6,50	0,14	8
CONT.	-	102,2	-	-	12,9	-	-	5,99	-	-
LNU947	77446,1	89,3	0,29	7	11,2	0,29	7	-	-	-
LNU947	77447,3	96,7	0,01	16	12,1	0,01	16	5,74	0,16	6
LNU947	77448,4	125,6	L	50	15,7	L	50	6,93	0,09	28
LNU940	77812,4	95,1	0,04	14	11,9	0,04	14	5,79	0,05	7
LNU940	77813,1	106,9	L	28	13,4	L	28	6,02	L	11
LNU900	78851,3	101,5	0,03	21	12,7	0,03	21	5,85	0,07	8
LNU900	78854,3	95,3	0,05	14	11,9	0,05	14	6,01	0,07	11
LNU898	78983,4	104,6	L	25	13,1	L	25	6,00	0,02	11
LNU898	78985,1	97,5	0,30	16	12,2	0,30	16	-	-	-
LNU898	78985,4	92,5	0,09	10	11,6	0,09	10	5,65	0,18	4
LNU894	78283,7	106,3	0,28	27	13,3	0,28	27	-	-	-
LNU846	78439,4	114,8	0,19	37	14,4	0,19	37	6,41	0,17	18
LNU820	77807,2	100,2	L	20	12,5	L	20	6,00	L	11
LNU815	77494,1	113,0	L	35	14,1	L	35	6,26	L	15
LNU815	77495,3	91,5	0,07	9	11,4	0,07	9	5,77	0,13	6
LNU814	78953,2	100,2	0,12	20	12,5	0,12	20	5,94	0,19	10
LNU814	78953,3	97,3	0,23	16	12,2	0,23	16	5,79	0,22	7
LNU811	78176,3	-	-	-	-	-	-	5,66	0,18	4
LNU811	78176,8	95,2	0,21	14	11,9	0,21	14	-	-	-
LNU811	78179,1	119,1	0,09	42	14,9	0,09	42	6,49	0,17	20
LNU797	78021,4	-	-	-	-	-	-	5,70	0,10	5
LNU797	78025,3	100,3	0,15	20	12,5	0,15	20	5,96	0,08	10
LNU793	78166,4	-	-	-	-	-	-	5,96	0,27	10
LNU793	78168,1	97,7	0,02	17	12,2	0,02	17	5,88	0,08	8
LNU793	78169,2	97,8	0,04	17	12,2	0,04	17	5,80	0,07	7
LNU769	78163,8	-	-	-	-	-	-	5,78	0,08	6
LNU756	77581,3	98,6	0,26	18	12,3	0,26	18	5,89	0,20	9
LNU751	77478,3	95,4	0,02	14	11,9	0,02	14	-	-	-
CONT.	-	83,7	-	-	10,5	-	-	5,43	-	-
LNU972	78909,3	122,2	0,04	11	15,3	0,04	11	-	-	-
LNU943	78407,2	123,5	0,23	12	15,4	0,23	12	-	-	-
LNU913	78592,1	121,9	0,05	11	15,2	0,05	11	6,47	0,10	4
LNU913	78593,1	134,7	0,15	22	16,8	0,15	22	6,91	L	11
LNU864	79339,2	118,0	0,13	7	14,7	0,13	7	-	-	-
LNU833	78184,1	117,7	0,11	7	14,7	0,11	7	6,52	0,18	5
LNU764	78926,1	116,1	0,16	5	14,5	0,16	5	-	-	-
LNU764	78929,1	118,2	0,07	7	14,8	0,07	7	-	-	-
CONT.	-	110,3	-	-	13,8	-	-	6,21	-	-

Tabela 127: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

[00656] Os genes listados na Tabela 128 melhoraram a NUE da planta quando cultivada em níveis de concentração de nitrogênio padrão. Estes genes produziram plantas com desenvolvimento mais rápido quando cultivadas sob condições de cultivo limitantes de nitrogênio, em comparação com plantas de controle cultivadas sob condições idênticas, conforme medido pela taxa de crescimento do número de folhas, diâmetro da roseta e cobertura do lote.

Tabela 128

Genes mostrando o desempenho melhorado de crescimento da roseta em condições de cultivo de nitrogênio padrão

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /área]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/área]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU941	78613,5	0,870	0,22	18	-	-	-	-	-	-
LNU941	78615,3	0,902	0,14	23	-	-	-	-	-	-
LNU922	78290,1	0,916	0,11	25	-	-	-	-	-	-
LNU918	78433,8	0,889	0,16	21	-	-	-	-	-	-
LNU918	78434,2	0,864	0,27	18	-	-	-	-	-	-
LNU915	78426,1	-	-	-	11,0	0,28	18	0,454	0,29	16
LNU915	78428,1	-	-	-	11,4	0,19	22	-	-	-
LNU915	78428,2	0,871	0,20	19	-	-	-	-	-	-
LNU909	78424,3	0,919	0,09	25	11,4	0,19	23	0,463	0,23	18
LNU909	78425,4	0,881	0,19	20	-	-	-	-	-	-
LNU849	78498,4	0,880	0,19	20	-	-	-	-	-	-
LNU830	78741,3	0,859	0,25	17	-	-	-	-	-	-
LNU830	78741,5	0,851	0,29	16	-	-	-	-	-	-
LNU822	78623,2	0,859	0,28	17	-	-	-	-	-	-
LNU813	77682,3	0,862	0,27	17	-	-	-	-	-	-
LNU806	78515,4	0,921	0,10	25	-	-	-	-	-	-
LNU806	78515,5	-	-	-	12,0	0,09	30	0,460	0,27	18
LNU779	77887,3	0,887	0,16	21	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,734	-	-	9,29	-	-	0,391	-	-
LNU976	78364,1	-	-	-	5,11	L	43	0,312	0,02	22
LNU976	78364,5	-	-	-	4,32	0,07	21	0,297	0,07	17
LNU970	78388,1	-	-	-	4,32	0,07	21	-	-	-
LNU970	78389,8	-	-	-	4,21	0,12	18	0,293	0,10	15
LNU968	77918,3	-	-	-	4,01	0,28	13	-	-	-
LNU968	77919,4	-	-	-	4,37	0,06	23	-	-	-
LNU963	78385,1	-	-	-	4,07	0,22	14	-	-	-
LNU949	80553,8	-	-	-	4,22	0,12	19	0,286	0,20	12
LNU949	80557,4	-	-	-	4,05	0,24	14	0,282	0,25	11
LNU902	79606,5	-	-	-	4,36	0,09	23	0,288	0,21	13
LNU843	78962,4	-	-	-	4,08	0,20	15	-	-	-
LNU790	78890,1	-	-	-	4,16	0,14	17	0,284	0,22	11
LNU785	79616,8	-	-	-	4,26	0,09	20	-	-	-
LNU767	79146,1	-	-	-	4,20	0,14	18	-	-	-
LNU767	79146,2	-	-	-	4,01	0,27	13	-	-	-
CONT.	-	-	-	-	3,56	-	-	0,255	-	-
LNU918	78433,1	0,818	0,28	15	-	-	-	-	-	-
LNU854	78238,1	0,816	0,30	15	-	-	-	-	-	-
LNU849	78500,1	0,819	0,29	15	-	-	-	-	-	-
LNU830	78741,3	-	-	-	15,4	0,09	35	0,615	0,12	24
LNU830	78741,5	-	-	-	15,3	0,11	34	-	-	-
LNU813	77681,4	-	-	-	14,3	0,21	25	-	-	-
LNU780	77489,4	-	-	-	14,3	0,23	25	-	-	-
CONT.	-	0,712	-	-	11,5	-	-	0,497	-	-
LNU948	78376,3	-	-	-	13,9	0,13	26	0,579	0,29	15

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /área]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/área]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU948	78378,1	-	-	-	15,2	0,04	38	-	-	-
LNU948	78380,3	0,791	0,04	41	-	-	-	-	-	-
LNU921	79061,1	0,796	0,05	42	-	-	-	-	-	-
LNU921	79063,2	-	-	-	13,8	0,14	25	-	-	-
LNU921	79064,2	-	-	-	14,4	0,06	31	0,632	0,06	25
LNU921	79064,3	-	-	-	16,4	L	49	0,597	0,16	18
LNU921	79065,1	0,781	0,05	39	-	-	-	-	-	-
LNU912	78401,4	-	-	-	-	-	-	0,582	0,27	15
LNU912	78402,3	0,711	0,23	27	-	-	-	-	-	-
LNU912	78405,2	0,905	0,01	61	-	-	-	-	-	-
LNU889	79599,1	0,863	0,03	54	13,8	0,14	25	-	-	-
LNU889	79601,4	0,686	0,28	22	-	-	-	-	-	-
LNU888	78771,1	0,699	0,25	25	-	-	-	-	-	-
LNU881	78372,2	0,740	0,22	32	13,4	0,18	22	-	-	-
LNU881	78373,1	0,688	0,24	23	14,6	0,06	33	0,584	0,22	16
LNU881	78373,2	-	-	-	16,3	0,01	48	0,639	0,06	27
LNU881	78374,1	-	-	-	13,9	0,13	26	-	-	-
LNU881	78374,4	0,725	0,16	29	-	-	-	-	-	-
LNU865	79759,4	0,829	0,03	48	-	-	-	-	-	-
LNU865	79761,2	-	-	-	19,3	L	76	0,680	0,01	35
LNU865	79761,4	-	-	-	16,5	L	50	0,663	0,02	31
LNU865	79761,7	-	-	-	14,1	0,12	28	0,583	0,25	16
LNU857	78866,1	0,755	0,09	35	-	-	-	-	-	-
LNU857	78867,1	0,789	0,08	41	-	-	-	-	-	-
LNU857	78868,2	0,717	0,21	28	-	-	-	-	-	-
LNU857	78870,1	0,704	0,25	25	-	-	-	-	-	-
LNU831	79331,2	0,720	0,21	28	-	-	-	-	-	-
LNU831	79331,5	0,704	0,24	25	-	-	-	-	-	-
LNU831	79333,1	-	-	-	14,1	0,11	28	0,615	0,11	22
LNU831	79333,2	-	-	-	13,4	0,25	21	-	-	-
LNU816	78957,1	-	-	-	15,2	0,05	38	0,603	0,15	20
LNU816	78958,2	0,692	0,25	23	-	-	-	-	-	-
LNU816	78958,4	0,768	0,10	37	-	-	-	-	-	-
LNU816	78958,5	-	-	-	14,8	0,05	35	0,576	0,28	14
LNU816	78958,7	-	-	-	13,7	0,14	25	-	-	-
LNU809	79167,2	0,762	0,08	36	-	-	-	-	-	-
LNU809	79168,5	0,831	0,03	48	-	-	-	-	-	-
LNU807	79248,1	0,773	0,10	38	-	-	-	-	-	-
LNU807	79250,1	0,688	0,26	23	-	-	-	-	-	-
LNU795	79521,6	0,766	0,07	37	-	-	-	-	-	-
LNU795	79525,1	-	-	-	13,3	0,21	21	-	-	-
LNU795	79525,4	-	-	-	14,1	0,11	28	0,606	0,15	20
LNU788	78516,1	-	-	-	16,2	L	47	0,594	0,17	18
LNU788	78517,1	-	-	-	14,3	0,08	30	-	-	-
LNU788	78517,2	-	-	-	13,3	0,25	21	-	-	-
LNU788	78518,1	-	-	-	17,8	L	62	0,575	0,29	14
LNU788	78520,4	0,791	0,07	41	-	-	-	-	-	-
LNU783	79178,2	0,720	0,19	28	-	-	-	-	-	-
LNU783	79178,4	-	-	-	-	-	-	0,587	0,21	16
LNU778	78944,1	-	-	-	16,3	0,01	48	0,593	0,21	18
LNU778	78944,2	0,719	0,23	28	-	-	-	-	-	-
LNU762	79326,1	0,697	0,29	24	-	-	-	-	-	-
LNU752	78151,2	0,686	0,26	22	-	-	-	-	-	-
LNU752	78153,1	0,684	0,28	22	15,3	0,05	39	0,618	0,12	22
CONT.	-	0,561	-	-	11,0	-	-	0,504	-	-
LNU846	78439,4	-	-	-	15,1	0,13	22	-	-	-
LNU814	78955,5	0,958	0,09	17	-	-	-	-	-	-
LNU772	78938,1	-	-	-	15,1	0,13	22	-	-	-
LNU757	77483,2	0,925	0,19	13	-	-	-	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm²/dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
CONT.	-	0,818	-	-	12,4	-	-	-	-	-
LNJ972	78907,1	0,923	0,01	20	-	-	-	-	-	-
LNJ972	78909,3	-	-	-	10,4	0,06	23	0,484	0,08	16
LNJ961	79143,3	0,835	0,26	8	-	-	-	-	-	-
LNJ961	79143,4	-	-	-	-	-	-	0,458	0,28	10
LNJ958	77687,2	-	-	-	10,2	0,09	21	-	-	-
LNJ958	77687,5	-	-	-	10,5	0,05	24	0,491	0,06	17
LNJ958	77689,1	-	-	-	9,75	0,21	15	-	-	-
LNJ948	78378,1	-	-	-	9,85	0,21	17	0,469	0,19	12
LNJ948	78380,2	-	-	-	9,66	0,26	14	-	-	-
LNJ921	79063,2	-	-	-	10,0	0,15	18	-	-	-
LNJ921	79064,3	-	-	-	9,89	0,17	17	-	-	-
LNJ913	78592,1	-	-	-	10,8	0,04	27	0,471	0,16	13
LNJ913	78592,3	0,874	0,09	13	10,1	0,12	19	-	-	-
LNJ913	78592,4	0,887	0,14	15	10,8	0,03	27	0,462	0,24	10
LNJ913	78593,1	-	-	-	10,2	0,09	21	-	-	-
LNJ913	78593,6	0,923	0,04	20	11,2	0,01	33	0,460	0,25	10
LNJ912	78403,2	0,846	0,22	10	9,68	0,24	15	0,471	0,17	13
LNJ912	78404,1	-	-	-	9,60	0,27	14	-	-	-
LNJ888	78772,1	0,847	0,26	10	-	-	-	-	-	-
LNJ888	78772,7	0,877	0,14	14	-	-	-	-	-	-
LNJ881	78372,2	-	-	-	10,1	0,12	20	0,467	0,19	12
LNJ881	78373,2	0,856	0,21	11	11,0	0,02	31	0,466	0,19	11
LNJ881	78374,1	0,890	0,08	16	-	-	-	-	-	-
LNJ823	78136,4	-	-	-	9,63	0,26	14	-	-	-
LNJ816	78957,1	-	-	-	10,3	0,09	22	0,472	0,16	13
LNJ816	78958,7	-	-	-	11,5	L	36	0,500	0,03	20
LNJ809	79168,3	0,844	0,26	10	9,74	0,22	15	-	-	-
LNJ809	79169,2	-	-	-	9,59	0,27	13	-	-	-
LNJ782	77441,1	-	-	-	10,4	0,07	23	-	-	-
LNJ782	77444,9	-	-	-	10,4	0,08	22	-	-	-
LNJ772	78938,1	-	-	-	11,9	L	41	0,524	L	25
LNJ772	78940,2	-	-	-	10,2	0,10	21	0,482	0,09	15
LNJ757	77481,1	0,911	0,05	18	-	-	-	-	-	-
LNJ757	77483,3	0,841	0,29	9	-	-	-	-	-	-
LNJ757	77485,4	0,925	0,01	20	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,770	-	-	8,45	-	-	0,418	-	-
LNJ882	78973,1	-	-	-	10,8	0,06	21	0,469	0,09	14
LNJ882	78973,4	-	-	-	11,1	0,03	24	0,456	0,16	11
LNJ865	79761,2	-	-	-	10,0	0,24	13	0,461	0,12	12
LNJ865	79761,7	-	-	-	10,4	0,13	17	0,466	0,10	14
LNJ857	78867,1	-	-	-	10,3	0,17	15	0,459	0,15	12
LNJ848	77909,3	-	-	-	10,2	0,21	15	-	-	-
LNJ835	78186,2	-	-	-	10,1	0,23	13	0,461	0,12	13
LNJ828	77598,3	-	-	-	10,3	0,18	15	-	-	-
LNJ807	79248,5	0,998	0,24	14	-	-	-	-	-	-
LNJ798	79671,4	-	-	-	10,7	0,06	20	0,450	0,22	10
LNJ766	78931,2	-	-	-	10,0	0,24	13	0,444	0,30	8
LNJ766	78932,1	-	-	-	11,3	0,02	26	0,456	0,18	11
LNJ752	78153,1	1,02	0,16	17	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,873	-	-	8,92	-	-	0,410	-	-
LNJ976	78364,2	-	-	-	-	-	-	0,579	0,14	15
LNJ970	78389,8	-	-	-	17,5	0,01	38	0,578	0,14	15
LNJ970	78390,3	-	-	-	14,8	0,25	17	0,560	0,28	11
LNJ963	78384,2	-	-	-	15,0	0,20	19	-	-	-
LNJ934	79007,5	-	-	-	15,5	0,14	23	-	-	-
LNJ924	77608,3	-	-	-	-	-	-	0,558	0,30	11
LNJ902	79604,4	0,894	0,11	19	-	-	-	-	-	-
LNJ790	78890,1	-	-	-	14,7	0,26	16	-	-	-

Nome do Gene	Evento #	RGR do Número de Folhas			RGR da Cobertura do Lote [cm ² /dia]			RGR do Diâmetro da Roseta [cm/dia]		
		Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.	Méd.	Val-p	% Aum.
LNU790	78890,3	0,881	0,16	17	-	-	-	-	-	-
LNU767	79146,1	0,862	0,21	15	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,750	-	-	12,6	-	-	0,503	-	-
LNU947	77447,3	-	-	-	11,7	0,23	15	-	-	-
LNU947	77448,4	-	-	-	15,2	L	50	0,552	L	28
LNU940	77812,4	-	-	-	11,7	0,25	15	-	-	-
LNU940	77813,1	-	-	-	13,0	0,03	28	0,482	0,18	12
LNU900	78851,3	-	-	-	12,2	0,11	21	-	-	-
LNU900	78854,3	-	-	-	11,6	0,26	14	0,511	0,04	19
LNU898	78983,4	-	-	-	12,7	0,05	26	0,482	0,17	12
LNU898	78985,1	-	-	-	12,0	0,17	18	0,480	0,21	12
LNU894	78282,3	-	-	-	12,0	0,20	18	-	-	-
LNU894	78283,4	0,909	0,18	16	12,4	0,11	22	-	-	-
LNU894	78283,7	-	-	-	12,8	0,07	27	0,485	0,28	13
LNU846	78438,2	-	-	-	-	-	-	0,476	0,26	11
LNU846	78439,4	-	-	-	13,8	0,01	36	0,499	0,13	16
LNU820	77807,2	-	-	-	12,2	0,11	21	0,502	0,06	17
LNU815	77492,6	-	-	-	12,5	0,11	23	0,479	0,28	11
LNU815	77494,1	-	-	-	13,8	L	36	0,510	0,04	19
LNU815	77495,3	-	-	-	-	-	-	0,476	0,23	11
LNU814	78953,2	-	-	-	12,1	0,13	20	0,490	0,13	14
LNU814	78953,3	-	-	-	11,8	0,23	16	-	-	-
LNU811	78176,8	-	-	-	11,6	0,25	15	-	-	-
LNU811	78179,1	-	-	-	14,2	L	41	0,517	0,05	20
LNU797	78025,3	-	-	-	12,2	0,14	20	0,487	0,16	13
LNU793	78166,4	-	-	-	12,1	0,15	19	0,479	0,24	11
LNU793	78168,1	-	-	-	12,1	0,13	19	0,493	0,11	15
LNU793	78169,2	-	-	-	11,9	0,19	17	-	-	-
LNU769	78163,4	-	-	-	-	-	-	0,488	0,20	14
LNU769	78163,8	-	-	-	-	-	-	0,480	0,22	12
LNU756	77581,3	-	-	-	12,1	0,14	20	0,483	0,19	12
LNU751	77477,1	0,878	0,25	12	-	-	-	-	-	-
LNU751	77477,4	0,914	0,19	16	-	-	-	-	-	-
LNU751	77478,3	-	-	-	11,7	0,23	15	-	-	-
CONT.	-	0,786	-	-	10,1	-	-	0,430	-	-
LNU913	78593,1	-	-	-	16,7	0,09	23	-	-	-
LNU896	78978,1	0,887	0,26	14	-	-	-	-	-	-
CONT.	-	0,777	-	-	13,6	-	-	-	-	-

Tabela 128: “CONT” - Controle; “Méd.” - Média; “% Aum.” = % de aumento; “Val-p” - valor p; L significa que o valor-p é menor que 0,01, p<0,1 foi considerado como significativo.

EXEMPLO 19

AVALIAÇÃO DA NUE E PRODUÇÃO DE BRACHYPODIUM TRANSGÊNICA SOB FERTILIZAÇÃO NORMAL E DE BAIXO NITROGÊNIO EM ENSAIOS DE ESTUFA

[00657] Ensaio 1: Eficiência no Uso de Nitrogênio medida da biomassa e da produção da planta em concentração de nitrogênio limitada e ideal sob condições de estufa até o florescimento - Este ensaio segue a formação da biomassa e o crescimento da planta (medido por altura) das plantas que são cultivadas na estufa em condições limitantes e não limitantes (p.ex, normais) de nitrogênio. Sementes transgênicas de *Brachypodium* foram semeadas em plugues de turfa. As mudas transgênicas T₁ foram, então, transplantadas para bandejas de 27,8 X 11,8 X 8,5 cm cheias com turfa e perlite na proporção de 1:1. As bandejas foram irrigadas com uma solução contendo condições

limitantes de nitrogênio, as quais foram alcançadas irrigando as plantas com uma solução contendo 3 mM de nitrogênio inorgânico sob a forma de NH_4NO_3 , suplementado com 1 mM de KH_2PO_4 , 1 mM de MgSO_4 , 3,6 mM de KCl , 2 mM de CaCl_2 e microelementos, enquanto que os níveis normais de nitrogênio foram alcançados por meio da aplicação de uma solução de 6 mM de nitrogênio inorgânico, também sob a forma de NH_4NO_3 com 1 mM de KH_2PO_4 , 1 mM de MgSO_4 , 2 mM de CaCl_2 , 3,6 mM de KCl e microelementos. Todas as plantas foram cultivadas na estufa até brotarem. A biomassa da planta (o tecido acima do solo) foi pesada logo após a colheita dos brotos (peso fresco [FW] da planta). Em seguida, as plantas foram secadas em um forno a 70°C durante 48 horas e pesadas (peso seco [DW] da planta).

[00658] Cada estrutura foi validada em sua geração T_1 . As plantas transgênicas transformadas com uma estrutura formada por um vetor vazio que transporta o marcador selecionável BASTA foram utilizadas como controle (Figura 9B).

[00659] As plantas foram analisadas quanto à sua dimensão total, ao seu peso fresco e à sua matéria seca. O desempenho das plantas transgênicas foi comparado às plantas de controle cultivadas em paralelo sob mesmas condições. Plantas transgênicas falsas sem gene e nenhum promotor foram utilizadas como controle (Figura 9B).

[00660] O experimento foi planejado em blocos e com distribuição de lotes aninhados randomizados dentro deles. Para cada gene da invenção, cinco eventos de transformação independentes foram analisados a partir de cada estrutura.

Fenotipagem

[00661] Peso Fresco e Seco da Planta e do Broto - Em ensaios de florescimento, quando o estágio de florescimento foi concluído (cerca de 30 dias após a semeadura), as plantas foram colhidas e pesadas diretamente para

a determinação do peso fresco da planta em escalas semianalíticas (0,01 g.) (FW) e deixadas secar a 70°C em uma câmara de secagem por cerca de 48 horas antes do peso para determinar o peso seco da planta (DW).

[00662] Tempo até o Florescimento – Em ambos os ensaios, Maturação de Semente e Florescimento, o florescimento foi definido como a aparência total da primeira espiguetta na planta. O tempo até a ocorrência do florescimento é definido pela data em que o florescimento é completamente visível. O tempo para a data de ocorrência do florescimento foi documentado para todas as plantas e, então, o tempo a partir do plantio até o florescimento foi calculado.

[00663] Espessura da folha - Em ensaios de Florescimento, quando um mínimo de 5 plantas por lote em, pelo menos, 90% dos lotes em um experimento foi documentado no florescimento, a medição da espessura da folha foi realizada utilizando um micrômetro na segunda folha abaixo da folha bandeira.

[00664] Altura da Planta - Em ambos os ensaios, Maturação da Semente e Florescimento, uma vez que o florescimento estava completamente visível, a altura da primeira espiguetta foi medida a partir do nível do solo até a parte inferior da espiguetta.

[00665] Número de perfilhos - Em ensaios de Florescimento, a contagem manual de perfilhos foi realizada por planta após a colheita, antes da ponderação.

EXEMPLO 20

AVALIAÇÃO DA NUE E PRODUÇÃO DE BRACHYPODIUM TRANSGÊNICA SOB FERTILIZAÇÃO NORMAL E DE BAIXO NITROGÊNIO EM ENSAIOS DE ESTUFA

[00666] Ensaio 2: Eficiência no Uso de Nitrogênio medida da biomassa e da produção da planta em concentração de nitrogênio limitada e ideal sob condições de estufa até a Maturação de Sementes - Este ensaio segue a

produção da biomassa e produção das plantas que foram cultivadas em estufa sob condições de cultivo limitantes e não limitantes de nitrogênio. Sementes de *Brachypodium* transgênicas foram semeadas em plugues de turfa. As mudas transgênicas T₁ foram, então, transplantadas para bandejas de 27,8 X 11,8 X 8,5 cm cheias com turfa e perlite na proporção de 1:1. As bandejas foram irrigadas com uma solução contendo condições limitantes de nitrogênio, as quais foram alcançadas pela irrigação das plantas com uma solução contendo 3 mM de nitrogênio inorgânico sob a forma de NH₄NO₃, suplementado com 1 mM de KH₂PO₄, 1 mM de MgSO₄, 3,6 mM de KCl, 2 mM de CaCl₂ e microelementos, enquanto que os níveis normais de nitrogênio foram alcançados por meio da aplicação de uma solução de 6 mM de nitrogênio inorgânico, também sob a forma de NH₄NO₃ com 1 mM de KH₂PO₄, 1 mM de MgSO₄, 2 mM de CaCl₂, 3,6 mM de KCl e microelementos. Todas as plantas foram cultivadas na estufa até a maturação da semente. Cada estrutura foi validada em sua geração T₁. As plantas transgênicas transformadas com uma estrutura formada por um vetor vazio que transporta o marcador selecionável BASTA foram utilizadas como controle (Figura 9B).

[00667] As plantas foram analisadas quanto à sua biomassa total, ao seu peso fresco e à sua matéria seca, assim como a um grande número de parâmetros relacionados aos componentes de produção e produção. O desempenho das plantas transgênicas foi comparado para controlar plantas cultivadas em paralelo sob as mesmas condições. Plantas transgênicas falsas sem gene e nenhum promotor (Figura 9B). O experimento foi planejado em blocos com distribuição de lotes aninhados randomizados dentro deles. Para cada gene da invenção, cinco eventos de transformação independentes foram analisados a partir de cada estrutura.

Fenotipagem.

[00668] Peso Fresco e Seco da Planta e Vegetal - Em ensaios de

Maturação de Sementes, quando o estágio de maturidade foi concluído (cerca de 80 dias após a semeadura), as plantas foram colhidas e pesadas diretamente para a determinação do peso fresco da planta (FW) e deixadas secar a 70°C em uma câmara de secagem por cerca de 48 horas antes do peso para determinar o peso seco (DW) da planta.

[00669] Peso Seco da Espiguetta (SDW|Spikelets Dry weight) – Em ensaios de Maturação de Sementes, quando o estágio de maturidade foi concluído (cerca de 80 dias após semeadura), as espiguetas foram separadas da biomassa, deixadas secar a 70°C em uma câmara de secagem por cerca de [00670] 48 horas antes da ponderação para determinar o peso seco das espiguetas (SDW).

[00671] Produção de Grão por Planta – Em ensaios de Maturação de Semente, após a secagem das espiguetas para SDW, as espiguetas foram espalhadas por meio de uma máquina de produção, em seguida, por meio de uma máquina de limpeza, até que as sementes fossem produzidas por lote, em seguida, foram pesadas e a Produção de Grãos por planta foi calculada.

[00672] Número de Grãos - Em ensaios de Maturação de Sementes, depois que as sementes por lote foram produzidas e limpas, as sementes foram espalhadas por meio de uma máquina de contagem e contadas.

[00673] Peso de 1000 Sementes - Em ensaios de Maturação de Sementes, após a produção de sementes, uma fração foi colhida em cada amostra (sementes por lote; ~0,5 g.), contada e fotografada. O peso de 1000 sementes foi calculado.

[00674] Índice de Colheita - Em ensaios de Maturação de Sementes, após a produção de sementes, o índice de colheita foi calculado, dividindo-se a produção de grãos e o peso seco vegetal.

[00675] Tempo até o Florescimento – Em ambos os ensaios, Maturação de Sementes e Florescimento, o florescimento foi definido como a aparição total da primeira espiguetta na planta. O tempo para a ocorrência do

florescimento é definido pela data em que o florescimento está completamente visível. O tempo para a data de ocorrência do florescimento foi documentado para todas as plantas e, então, o tempo a partir do plantio até o florescimento foi calculado.

[00676] Espessura da folha - Em ensaios de Florescimento, quando, no mínimo, 5 plantas por lote em, pelo menos, 90% dos lotes em um experimento foram documentadas no florescimento, a medição da espessura da folha foi realizada utilizando um micrômetro na segunda folha abaixo da folha bandeira.

[00677] Período de preenchimento do grão - Em ensaios de Maturação da Sementes, a maturação foi definida pela primeira mudança de cor da espiguetta + caule na planta de verde a amarelo/marrom.

[00678] Altura da Planta - Em ambos os ensaios, Maturação de Sementes e Florescimento, uma vez que o florescimento estava completamente visível, a altura da primeira espiguetta foi medida a partir do nível do solo até a parte inferior da espiguetta.

[00679] Número de perfilhos - Em ensaios de Florescimento, a contagem manual dos perfilhos foi realizada por planta após a colheita, antes da pesagem.

[00680] Número de cabeças reprodutivas por planta - Em ensaios de Florescimento, a contagem manual das cabeças por planta foi realizada.

[00681] Análises estatísticas - Para identificar genes que conferem tolerância ao estresse abiótico significativamente melhorada, os resultados obtidos a partir das plantas transgênicas foram comparados com os obtidos a partir de plantas de controle. Para identificar genes e estruturas acima do desempenho, os resultados dos eventos de transformação independentes testados foram analisados separadamente. Os dados foram analisados utilizando o teste t de Student e os resultados foram considerados significativos, se o valor p foi inferior a 0,1. O pacote de software de

estatística JMP foi utilizado (versão 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, NC, EUA).

[00682] Embora a invenção tenha sido descrita em conjunto com aplicações específicas respectivas, é evidente que muitas alternativas, modificações e variações serão evidentes aos especialistas na técnica. Conseqüentemente, ela destina-se a abranger todas essas alternativas, modificações e variações que recaiam no espírito e amplo escopo das reivindicações anexas.

[00683] Todas as publicações, patentes e pedidos de patente mencionados no presente relatório descritivo estão incorporados em sua totalidade por referência no referido relatório descritivo, na mesma extensão como se cada publicação individual, patente ou pedido de patente fosse específica e individualmente indicado como sendo incorporado aqui por referência. Além disso, a citação ou identificação de qualquer referência no presente pedido de patente não deverá ser interpretada como uma admissão de que tal referência esteja disponível como técnica anterior à presente invenção. Na medida em que os títulos da seção são utilizados, eles não deverão ser interpretados como necessariamente limitantes.

REIVINDICAÇÕES

1. Método para aumentar rendimento, taxa de crescimento, biomassa, vigor, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, o método sendo caracterizado pelo fato de que compreende superexpressar dentro da planta um polinucleotídeo possuindo uma sequência de ácido nucleico como estabelecida pela:

(i) SEQ ID NO: 489 ou 211, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706,

(ii) SEQ ID NO: 2650, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4613, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4613,

(iii) SEQ ID NO: 2651, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4614, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4614, ou

(iv) SEQ ID NO: 2652, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4615, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4615,

em que a planta é uma planta monocotiledônea ou dicotiledônea, em que o referido polinucleotídeo está operacionalmente ligado a um promotor heterólogo e em que a referida condição de estresse abiótico é deficiência de nitrogênio,

assim aumentando rendimento, taxa de crescimento, biomassa, vigor, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

2. Método, de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que a referida sequência de ácido nucleico é apresentada pela SEQ ID NO: 489 ou 211, codificando o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706, ou suas sequências degeneradas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706.

3. Método, de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que a referida sequência de ácido nucleico é estabelecida por SEQ ID NO: 489, 211, 2650, 2651 ou 2652.

4. Método, de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que a referida sequência de ácido nucleico é estabelecida por SEQ ID NO: 489 ou 211.

5. Método, de acordo com a reivindicação 1 a 4, caracterizado pelo fato de que o referido promotor é um promotor constitutivo.

6. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 5, caracterizado pelo fato de selecionar uma planta transformada para rendimento, taxa de crescimento, biomassa, vigor, capacidade fotossintética e/ou tolerância ao estresse abiótico aumentada e/ou tolerância ao estresse abiótico aumentados, em que o estresse abiótico é deficiência de nitrogênio.

7. Método, de acordo com a reivindicação 1 a 5, caracterizado pelo fato de cultivar a planta que expressa o referido polinucleotídeo sob condições limitantes de nitrogênio.

8. Construção de ácido nucleico, caracterizada por um polinucleotídeo isolado possuindo uma sequência de ácidos nucleicos com estabelecida por:

(i) SEQ ID NO: 489 ou 211, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706,

(ii) SEQ ID NO: 2650, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4613, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4613,

(iii) SEQ ID NO: 2651, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4614, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4614, ou

(iv) SEQ ID NO: 2652 que codifica o polipeptídeo

estabelecido pela SEQ ID NO: 4615, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 4615,

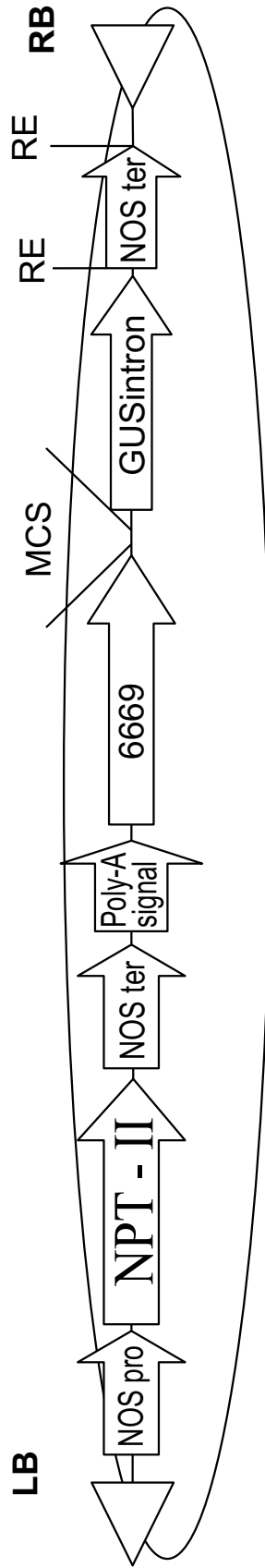
e um promotor para direcionar a transcrição da referida sequência de ácidos nucleicos em uma célula de planta, em que o referido promotor é heterólogo ao dito polinucleotídeo isolado, e em que a referida célula de planta é de uma monocotiledônea ou dicotiledônea.

9. Construção de ácido nucleico, de acordo com a reivindicação 8, caracterizada pelo fato de que a referida sequência de ácido nucleico é estabelecida pela SEQ ID NO: 489 ou 211, codificando o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 706.

10. Construção de ácido nucleico, de acordo com a reivindicação 8, caracterizada pelo fato de que a referida sequência de ácido nucleico é estabelecida por SEQ ID NO: 489, 211, 2650, 2651 ou 2652.

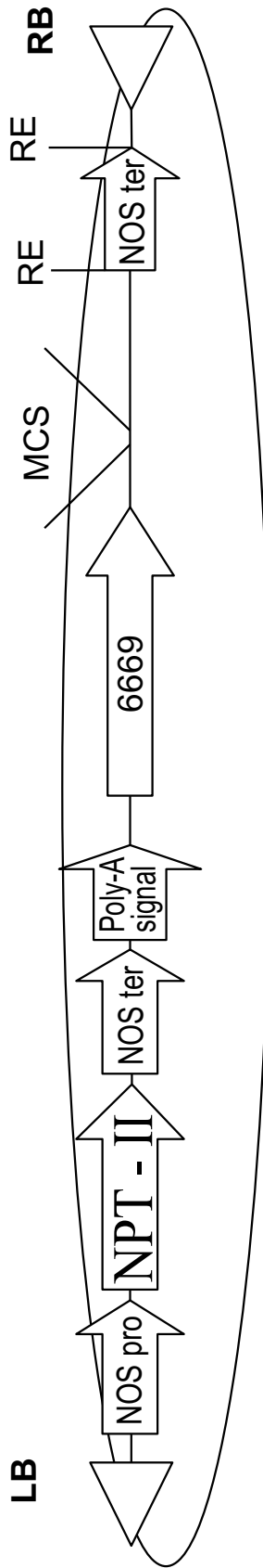
11. Construção de ácido nucleico, de acordo com a reivindicação 8, caracterizada pelo fato de que a referida sequência de ácido nucleico é estabelecida por SEQ ID NO: 489 ou 211.

12. Construção de ácido nucleico, de acordo com a reivindicação 8 a 11, caracterizada pelo fato de que o referido promotor é um promotor constitutivo.



pQYN_6669

FIG. 1



pQFN, pQFNc

FIG. 2

Normal conditions

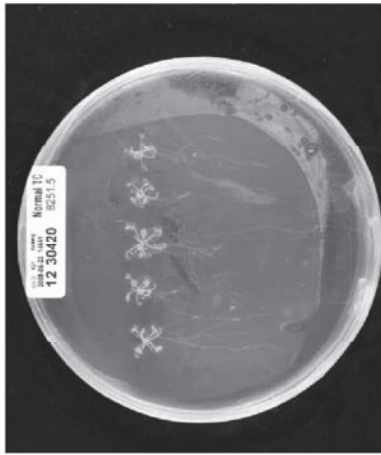


FIG. 3A



FIG. 3B

Osmotic stress
(15 % PEG)

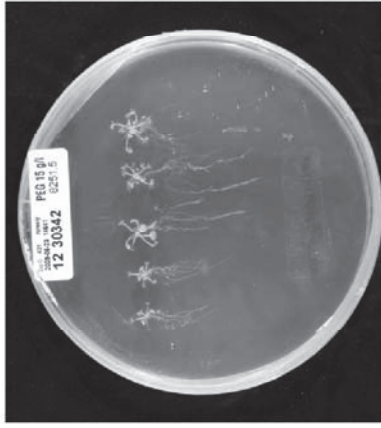


FIG. 3C



FIG. 3D

Nitrogen limiting
conditions

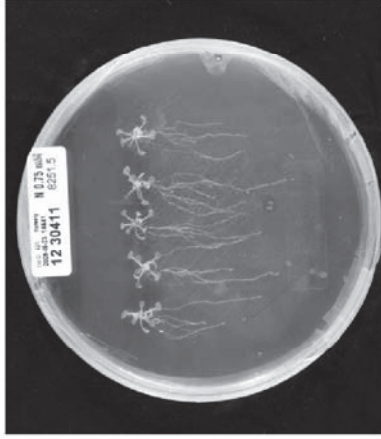
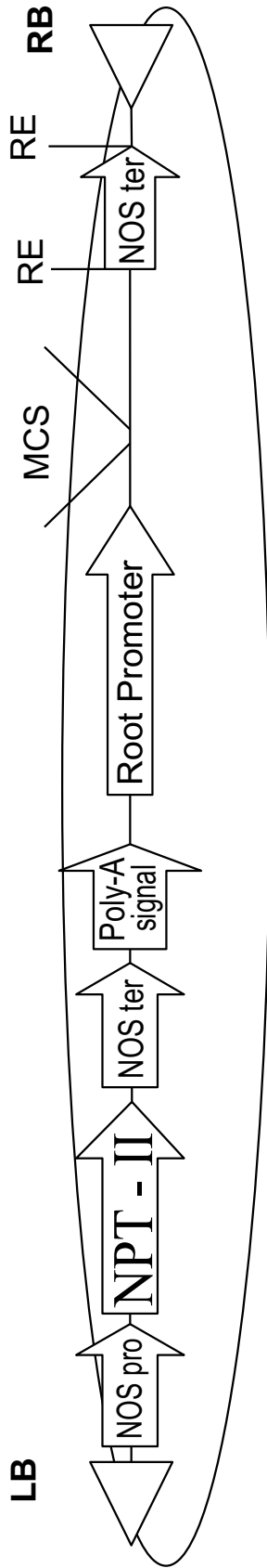


FIG. 3E

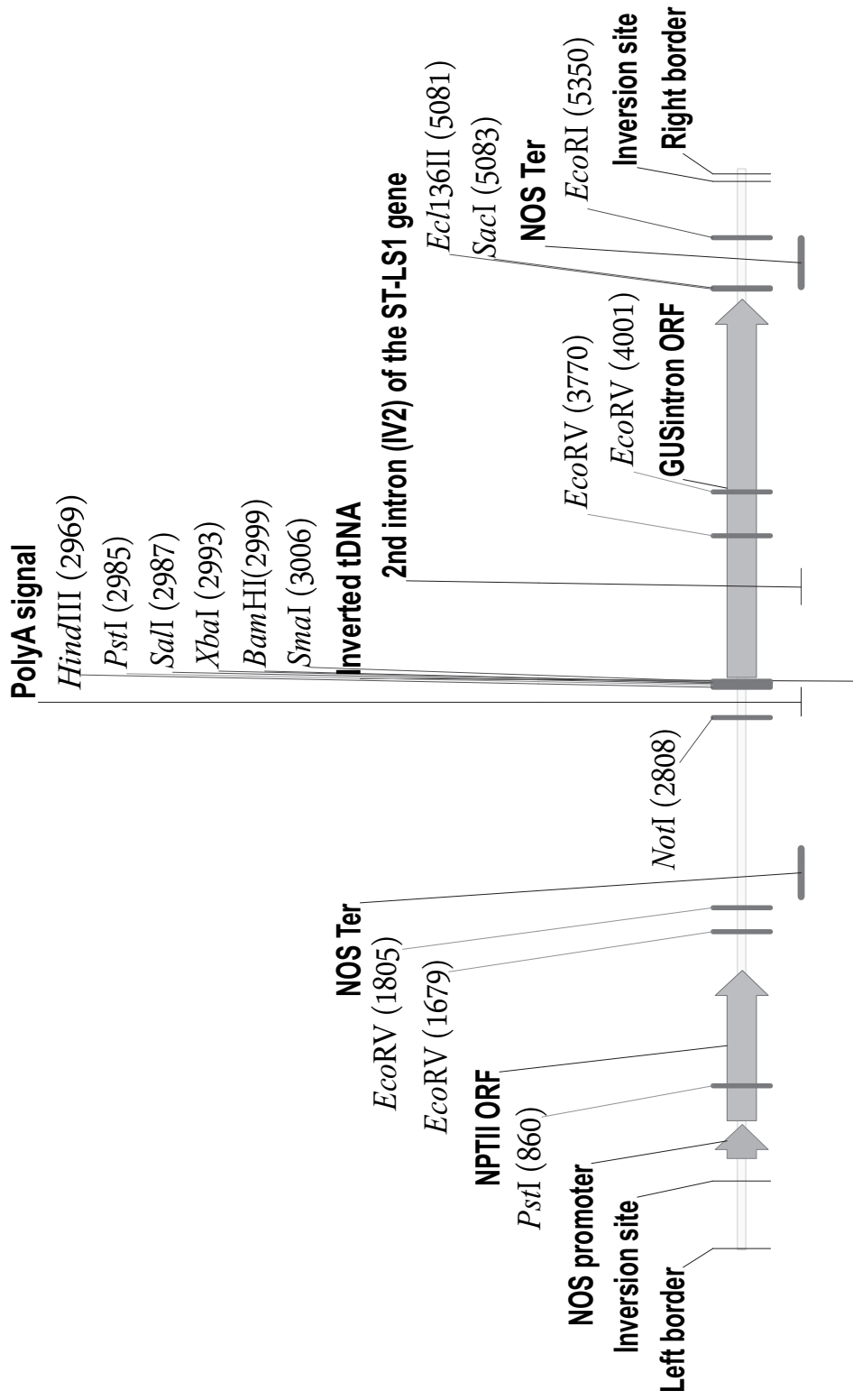


FIG. 3F



pQNa_RP

FIG. 4



pQYN tDNA rev comp

5714 bp

FIG. 5

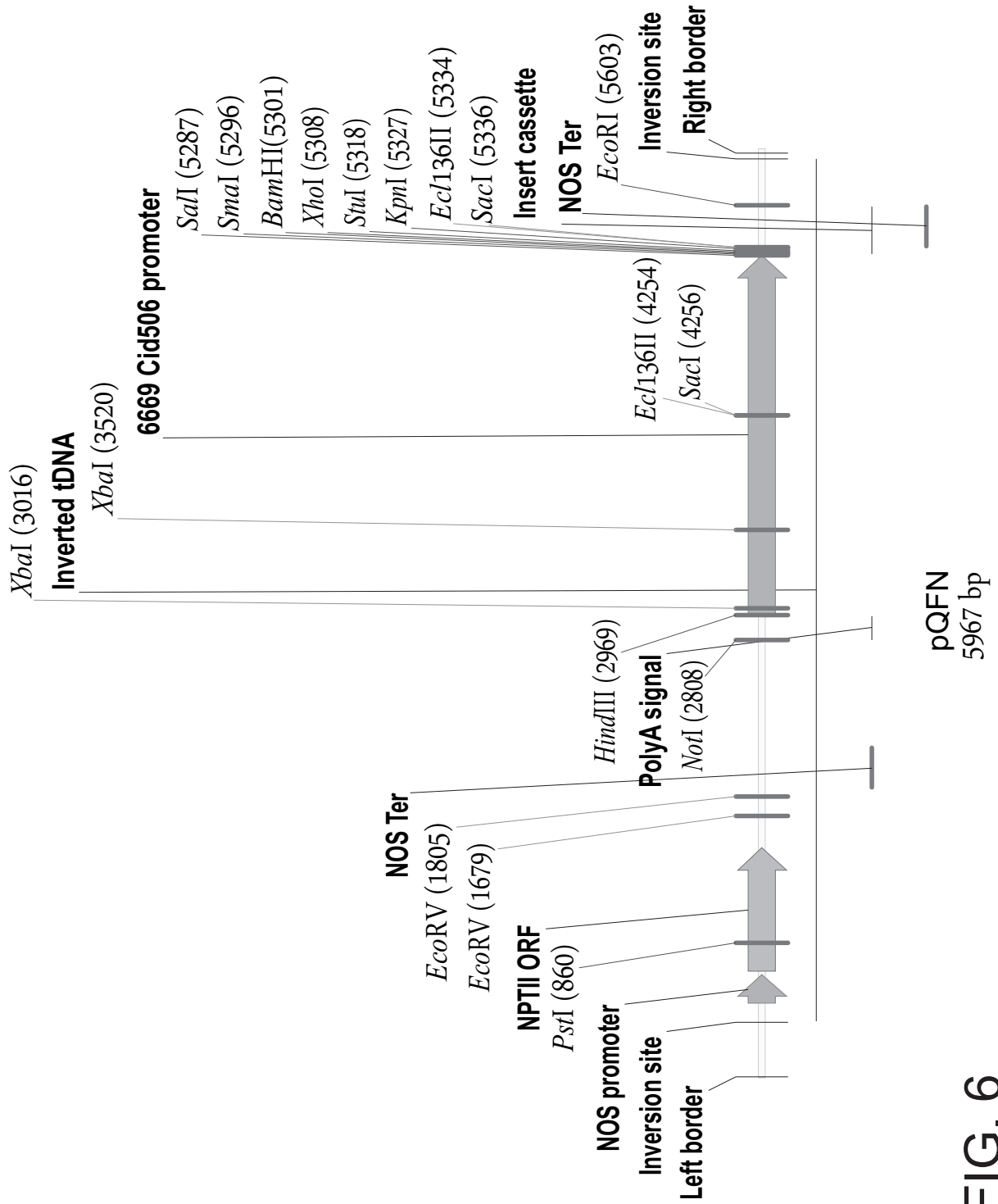


FIG. 6

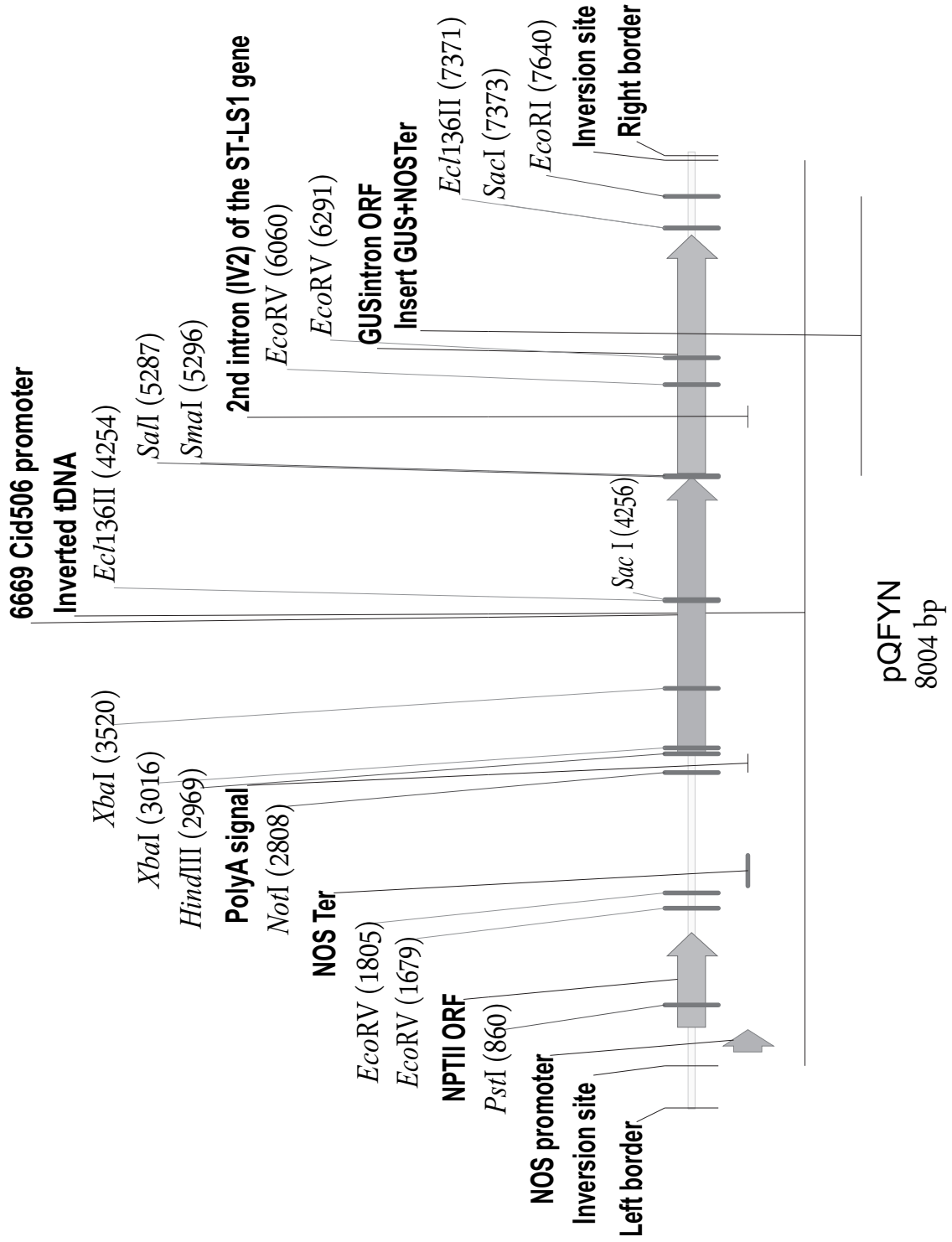
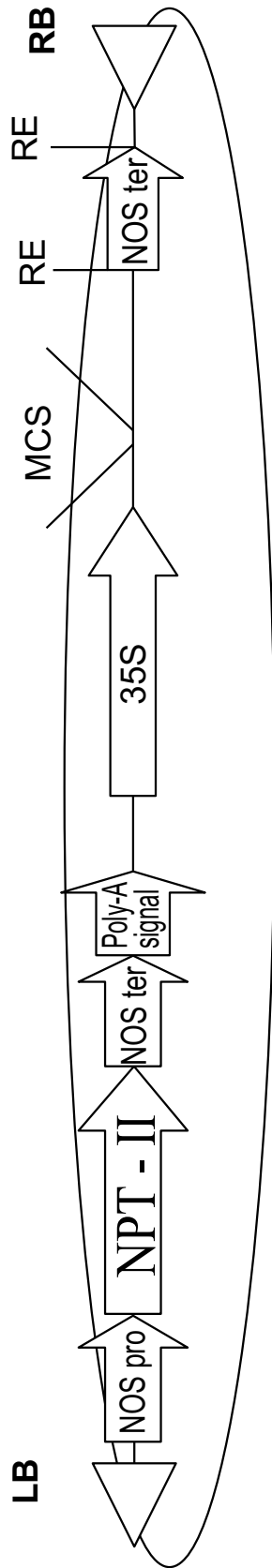


FIG. 7



pQXNc

FIG. 8

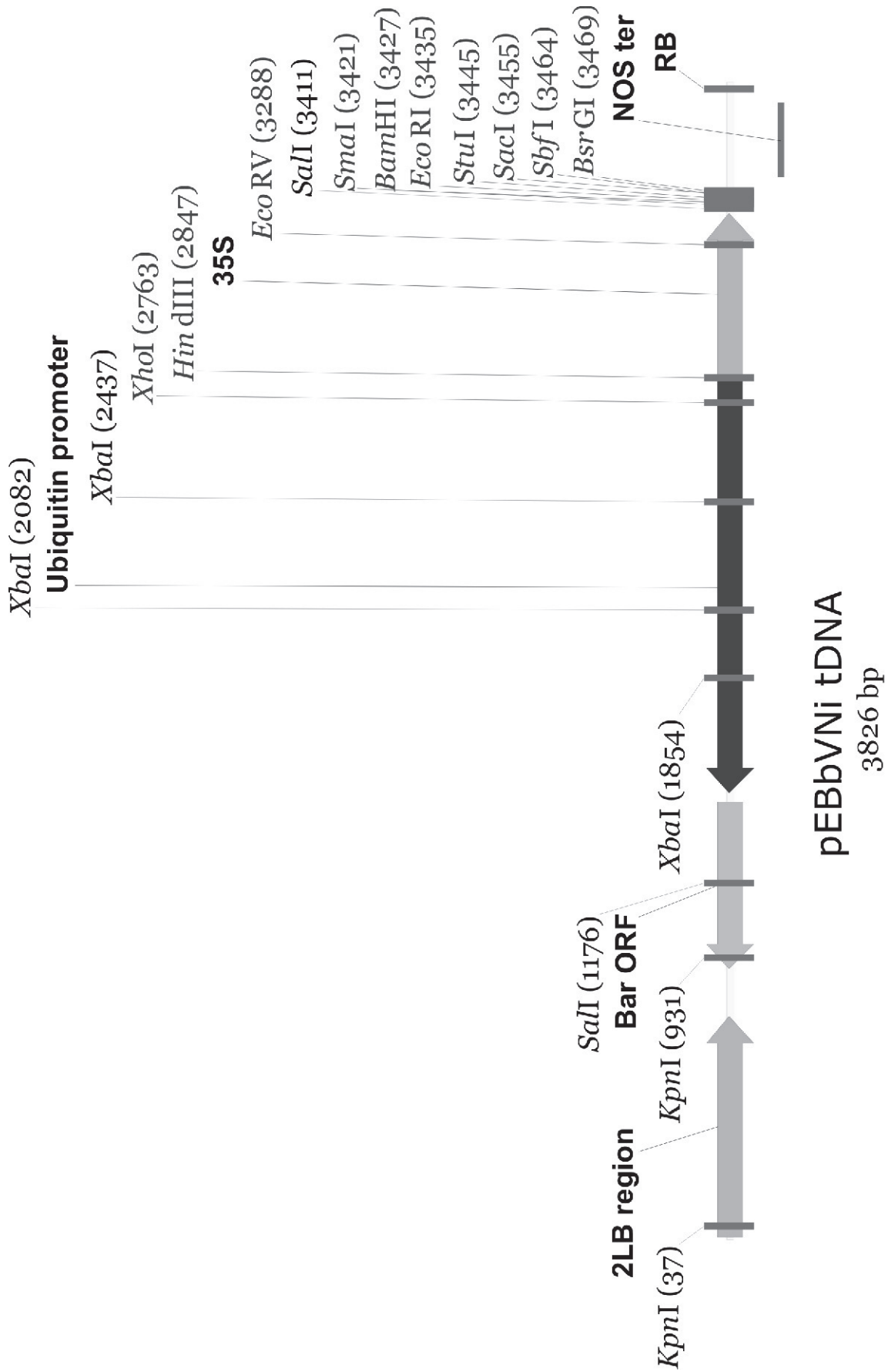


FIG. 9A

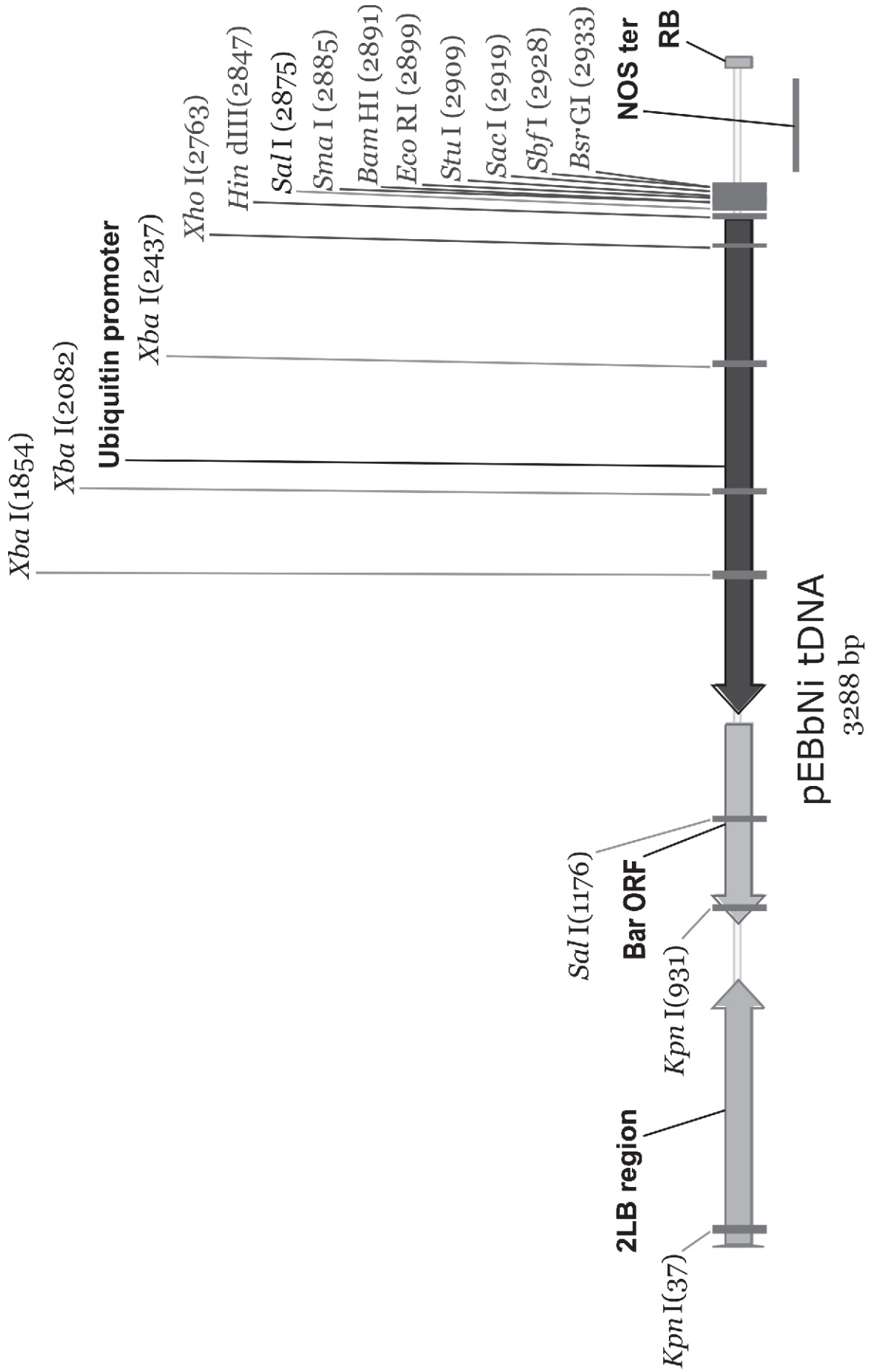


FIG. 9B