



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

(11) BR 102014027442-1 B1



(22) Data do Depósito: 03/11/2014

(45) Data de Concessão: 27/09/2022

(54) Título: MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLEICO RECOMBINANTE, USO DE UMA PLANTA DE MILHO, PARTE DE PLANTA DE MILHO OU CÉLULA DE PLANTA DE MILHO COMPREENDENDO A MESMA E MÉTODO PARA PRODUZIR UMA CÉLULA VEGETAL TRANSGÊNICA COMPREENDENDO UM DNA DE INTERESSE

(51) Int.Cl.: C12N 15/87; C12N 15/82; C12N 15/11; C07H 21/04; A01H 5/00.

(30) Prioridade Unionista: 04/11/2013 US 61/899,598.

(73) Titular(es): DOW AGROSCIENCES LLC.

(72) Inventor(es): SHREEDHARAN SRIRAM; LAKSHMI SASTRY-DENT; STEVEN R. WEBB; DEBRA L. CAMPER; ZEHUI CAO.

(57) Resumo: LOCI DE MAÍIS EXCELENTES. A presente invenção se refere a loci genômicos nativos excelentes de plantas de maïs que foram identificadas que representam os melhores sítios para a inserção alvejada de sequências exógenas.

Relatório Descritivo da Patente de Invenção para
**"MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLEICO RECOMBINANTE, USO DE
UMA PLANTA DE MILHO, PARTE DE PLANTA DE MILHO OU
CÉLULA DE PLANTA DE MILHO COMPREENDENDO A MESMA E
MÉTODO PARA PRODUIR UMA CÉLULA VEGETAL
TRANSGÊNICA COMPREENDENDO UM DNA DE INTERESSE".**

REFERÊNCIA CRUZADA A PEDIDOS RELACIONADOS

[001] Este pedido reivindica o benefício, sob 35 U.S.C. §119(e), para o Pedido de Patente Provisório sob nº U.S. 61/899.598, depositado no dia 4 de novembro de 2013, cujos conteúdos são incorporados a título de referência em sua totalidade no presente pedido.

REFERÊNCIA À LISTAGEM DE SEQUÊNCIAS SUBMETIDA
ELETRONICAMENTE

[002] A cópia oficial da listagem de sequências é submetida eletronicamente por meio de EFS-Web como uma listagem de sequências em formato ASCII com um arquivo nomeado "75607232316_SEQ_LIST_ST25.txt", criado no dia 30 de outubro de 2014, e que tem um tamanho de 13 megabytes e é arquivado concomitantemente com o relatório descritivo. A listagem de sequências contida neste documento em formato ASCII é parte do relatório descritivo e está incorporada a título de referência no presente documento em sua totalidade.

REFERÊNCIA À LISTAGEM DE TABELAS SUBMETIDA
ELETRONICAMENTE

[003] A cópia oficial da listagem de tabelas é submetida eletronicamente por meio de EFS-Web como uma listagem de tabelas em formato .PDF com um arquivo nomeado "Table3", criado no dia 04 de novembro de 2013, e que tem um tamanho de 8 megabytes e é depositado concomitantemente com o relatório descritivo. A listagem de tabelas contida neste documento em formato .PDF é parte do relatório

descritivo e é incorporada no presente documento a título de referência em sua totalidade.

ANTECEDENTES

[004] O genoma de milho foi transformado com sucesso com transgenes no início da década de 1990. Ao longo dos últimos vinte anos, várias metodologias foram desenvolvidas para transformar o genoma de milho, em que um transgene é integrado de forma estável no genoma de milho. Essa evolução das metodologias de transformação de milho resultou na capacidade de introduzir com sucesso um transgene que compreende um traço agrônomo dentro do genoma de milho. A introdução de traços de resistência a inseto e de tolerância a herbicida dentro de plantas de milho no fim da década de 1990 forneceu aos produtores uma inovação tecnológica conveniente e nova para controlar insetos e um amplo espectro de ervas, que era sem precedentes métodos de cultivo agrícolas. Atualmente, o milho transgênico é comercialmente disponível por todo o mundo, e novos produtos de milho transgênico como Enlist™ Corn oferecem soluções aprimoradas para os desafios de erva sempre crescentes. A utilização de milho transgênico em práticas agrônômicas modernas não seria possível, mas para o desenvolvimento e aprimoramento de metodologias de transformação de milho.

[005] Entretanto, as metodologias de transformação de milho atuais dependem da inserção aleatória de transgenes dentro do genoma de milho. A dependência da inserção aleatória de genes em um genoma tem diversas desvantagens. Os eventos transgênicos podem se integrar de forma aleatória dentro das sequências transcricionais genéticas, interrompendo através disso a expressão de traços endógenos e alterando o crescimento e desenvolvimento da planta de milho. Além disso, os eventos transgênicos podem se integrar de forma indiscriminada em locais do genoma de milho que são susceptíveis ao

silenciamento de gene, culminando na inibição completa ou reduzida da expressão de transgene na primeira ou gerações subsequentes de plantas de milho transgênicas. Finalmente, a integração aleatória de transgenes dentro do genoma de milho exige custo e esforço consideráveis na identificação do local do evento transgênico e seleção dos eventos transgênicos que funcionam conforme projeto sem impacto agrônômico sobre a planta. Os ensaios inovadores podem ser desenvolvidos continuamente para determinar o local preciso do transgene integrado para cada evento transgênico, como um evento de milho. A natureza aleatória das metodologias de transformação de milho resulta em um "efeito de posição" do transgene integrado, que prejudica a eficácia e eficiência das metodologias de transformação de milho.

[006] A modificação de genoma alvejado das plantas tem sido uma meta de longa data e elusiva tanto da pesquisa aplicada e básica. O direcionamento de genes e pilhas de gene a locais específicos no genoma de *Zea mays* aprimorará a qualidade dos eventos transgênicos, reduzirá os custos associados à produção dos eventos transgênicos e fornecerá novos métodos para produzir produtos de planta transgênica como empilhamento de gene sequencial. De modo geral, o direcionamento de transgenes para sítios genômicos específicos provavelmente é comercialmente benéfico. Avanços significativos foram feitos nos últimos anos para o desenvolvimento de métodos e composição para direcionar e clivar DNA genômico nucleases específicas por sítio (*por exemplo*, Nucleases de Dedo de Zinco (ZFNs), Meganucleases, Nucleases Efetoras Como Ativadores de Transcrição (TALENs) e Repetições Palindrômicas Curtas Regularmente Interespaçadas e Agrupadas/nucleases associada a CRISPR (CRISPR/Cas) com um RNA de crRNA/tracr modificado), para induzir a mutagênese direcionada, induzir deleções direcionadas de sequências de DNA celular, e facilitar a recombinação direcionada de

polinucleotídeo de DNA doador exógeno dentro de um *locus* genômico predeterminado. Consulte, por exemplo, as Publicações de Patente nºs U.S. 20030232410; 20050208489; 20050026157; 20050064474; e 20060188987, e a Publicação de Patente Internacional nº WO 2007/014275, cujas revelações são incorporadas a título de referência em suas totalidades para todos os propósitos. A Publicação de Patente nº U.S. 20080182332 descreve o uso de nucleases de dedo de zinco não canônicas (ZFNs) para a modificação direcionada de genomas de planta e a Publicação de Patente nº U.S. 20090205083 descreve a modificação direcionada mediada por ZFN de um *locus* genômico de EPSPs de planta. Os métodos atuais para a inserção direcionada de DNA exógeno envolvem, tipicamente, a cotransformação de tecido de planta com um polinucleotídeo de DNA doador que contém pelo menos um transgene e uma nuclease específica por sítio (por exemplo, ZFN) que é desenhada para ligar e clivar um *locus* genômico específico de uma sequência de codificação ativamente transcrita. Isso faz com que o polinucleotídeo de DNA doador se insira de forma estável dentro do *locus* genômico clivado resultando na adição de gene direcionada em um *locus* genômico especificado que compreende uma sequência de codificação ativamente transcrita.

[007] Uma abordagem alternativa é direcionar o transgene a *loci* não gênicos de alvo pré-selecionado dentro do genoma de milho. Nos últimos anos, diversas tecnologias foram desenvolvidas e aplicadas a células de planta para a distribuição direcionada de um transgene dentro do genoma de milho. Entretanto, muito menos se sabe sobre os atributos dos sítios genômicos que são adequados para o direcionamento. Historicamente, genes não essenciais e sítios de integração de patogênico (viral) em genomas foram usados como *loci* para o direcionamento. O número desses sítios em genomas é um tanto limitador e existe, portanto, uma necessidade pela identificação e

caracterização de *loci* genômicos excelentes direcionáveis que podem ser usados para o direcionamento de sequências de polinucleotídeos doadores. Além de ser propício ao direcionamento, espera-se que *loci* genômicos excelentes sejam sítios neutros que podem auxiliar aplicações de melhoramento genético e expressão de transgene. Uma necessidade existe por composições e métodos que definem os critérios para identificar *loci* não gênicos excelentes dentro do genoma de milho para a integração de transgene direcionada.

SUMÁRIO

[008] De acordo com uma modalidade, uma sequência recombinante é fornecida, a qual compreende uma sequência genômica de milho não gênico excelente e uma sequência exógena, em que a sequência exógena é inserida na sequência genômica de milho não gênico excelente. Em uma modalidade, a revelação em questão refere-se a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci*_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), *loci*_136086_G1 (SEQ ID NO:4425), *loci*_203704_G1 (SEQ ID NO:2033), *loci*_127268_G1 (SEQ ID NO:2709), *loci*_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), *loci*_291068_G1 (SEQ ID NO:3230), *loci*_232222_G1 (SEQ ID NO:3357), *loci*_43577_G1 (SEQ ID NO:3428), *loci*_204726_G1 (SEQ ID NO:424), *loci*_232228_G1 (SEQ ID NO: 4529) com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica. Em uma modalidade, a inserção do DNA de interesse na sequência genômica de milho não gênico excelente modifica a sequência original dos *loci* não gênicos por alterações das sequências de *loci* não gênicos

proximais ao sítio de inserção. Essas modificações incluem, por exemplo, deleções, inversões, inserções, e duplicações das sequências de *loci* não gênicos. Em um aspecto adicional, uma modalidade se refere a um DNA de interesse, em que o DNA de interesse é inserido na dita sequência não gênica. Em outro aspecto, uma modalidade compreende a sequência recombinante, em que um DNA de interesse é inserido proximal a um sítio alvo de dedo de zinco da Tabela 8. Em outro aspecto, uma modalidade compreende a sequência recombinante, em que um DNA de interesse é inserido em um sítio alvo de dedo de zinco da Tabela 8. Em outra modalidade, a sequência recombinante compreende um DNA de interesse inserido que compreende adicionalmente um domínio analítico. Em outra modalidade, a sequência recombinante compreende um DNA de interesse inserido que não codifica um peptídeo. Em uma modalidade adicional, a sequência recombinante compreende um DNA de interesse que codifica um peptídeo. Em ainda outra modalidade, a sequência recombinante compreende um DNA de interesse inserido que compreende adicionalmente um cassete de expressão de gene. Em uma modalidade, o cassete de expressões de gene contém um gene que compreende um gene de resistência a inseticida, gene de tolerância a herbicida, gene de eficiência de uso de nitrogênio, gene de eficiência de uso de água, gene de qualidade nutricional, gene de ligação de DNA, e gene de marcador selecionável. Em uma modalidade adicional, a sequência recombinante compreende dois ou mais cassetes de expressão de gene. Em outra modalidade, a sequência recombinante compreende duas ou mais das ditas sequências não gênicas, em que cada uma compreende um DNA de interesse inserido para produzir duas ou mais sequências recombinantes em que as duas ou mais sequências recombinantes que estão localizadas em um mesmo cromossomo. Em uma modalidade adicional, a sequência recombinante

compreende o DNA de interesse e/ou a sequência não gênica são modificados durante a inserção do dito DNA de interesse na sequência não gênica. Em outra modalidade, a revelação em questão se refere a uma planta de milho, parte de planta de milho, ou célula de planta de milho que compreende uma sequência recombinante que compreende a sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529) com um DNA de interesse inserida na sequência não gênica.

[009] Em uma modalidade adicional, a revelação se refere a um método para produzir uma célula de planta transgênica que compreende um DNA de interesse. Em outro aspecto da revelação, o método compreende selecionar um *locus* genômico de milho não gênico alvo que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com um *locus* genômico de milho não gênico alvo selecionado a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709),

loci_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529); selecionar uma nuclease específica por sítio que liga e cliva especificamente o dito *locus* genômico de milho não gênico alvo; introduzir a dita nuclease específica por sítio em uma célula de planta de milho; introduzir o DNA de interesse na célula de planta; inserir o DNA de interesse nos ditos *loci* genômicos de milho não gênico alvos; e selecionar a células de planta transgênica que compreende o DNA de interesse alvejado para o dito *locus* não gênico. Em um aspecto adicional, uma modalidade se refere a um método para produzir uma célula de planta transgênica. Em outra modalidade, o DNA de interesse compreende um domínio analítico. Em uma modalidade, o DNA de interesse não codifica um peptídeo. Em ainda outra modalidade, o DNA de interesse codifica um peptídeo. Em uma modalidade adicional, o DNA de interesse compreende um cassete de expressão de gene que compreende um transgene. Em outra modalidade, o DNA de interesse compreende dois ou mais cassetes de expressão de gene. Em uma modalidade subsequente, a nuclease específica por sítio é selecionada a partir do grupo que consiste em uma nuclease de dedo de zinco, uma nuclease de CRISPR, uma TALEN, uma endonuclease de alojamento ou meganuclease. Em uma modalidade, o DNA de interesse é integrado dentro do dito *locus* não gênico por meio de uma homologia direcionada ao método de integração de reparo. Em outra modalidade, o DNA de interesse é integrado dentro do dito *locus* não gênico por meio de um método de integração de união de extremidade não homóloga. Em uma modalidade adicional, o método para produzir uma célula de planta transgênica fornece dois ou mais do dito DNA de interesse que são inseridos em dois ou mais dos ditos *loci* genômicos de milho não gênico alvos. Em outra modalidade, o método para produzir uma célula de

planta transgênica compreende dois ou mais dos ditos *loci* genômicos de milho não gênico alvos que estão localizados em um mesmo cromossomo. Em uma modalidade adicional, o método para produzir uma célula de planta transgênica compreende o DNA de interesse e/ou a sequência não gênica que são modificadas durante a inserção do dito DNA de interesse na sequência não gênica.

[010] De acordo com uma modalidade, um *loci* de polinucleotídeo de milho purificado é revelado no presente documento, em que a sequência purificada compreende uma sequência não gênica de pelo menos 1 Kb. Em uma modalidade a sequência não gênica é hipometilada, exemplifica a evidência da recombinação e está localizada no local próximo a uma região gênica de expressão no genoma de milho. Em uma modalidade, a sequência não gênica tem um comprimento que varia de cerca de 1 Kb a cerca de 8,4 Kb. Em uma modalidade, a DNA de interesse compreende sequências de DNA exógeno, que inclui, por exemplo, sequências regulatórias, sítios de clivagem de restrição, regiões de codificação de RNA ou regiões de codificação de proteína. Em uma modalidade, o DNA de interesse compreende um cassete de expressão de gene que compreende um ou mais transgenes. Em outra modalidade, a sequência purificada compreende uma sequência não gênica que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID

NO:3428), *loci*_204726_G1 (SEQ ID NO:424), e *loci*_232228_G1 (SEQ ID NO: 4529). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos de milho não gênico purificados compreendem um DNA de interesse, em que o dito DNA de interesse é inserido na dita sequência não gênica. Em outro aspecto, uma modalidade compreende os *loci* genômicos de milho não gênico purificados, em que o dito DNA de interesse é inserido proximal a um sítio alvo de dedo de zinco da Tabela 8. Em um aspecto diferente, uma modalidade compreende os *loci* genômicos de milho não gênico purificados, em que o dito DNA de interesse é inserido entre um par de sítios alvos de dedo de zinco selecionado a partir da Tabela 8. Em ainda outro aspecto, uma modalidade compreende os *loci* genômicos de milho não gênico purificados e um DNA de interesse inserido nos *loci* genômicos de milho não gênico, em que o dito DNA de interesse compreende um domínio analítico. Em outro aspecto, uma modalidade compreende os *loci* genômicos de milho não gênico recombinante purificados, em que o dito DNA de interesse não codifica um peptídeo. Em um aspecto subsequente, uma modalidade compreende os *loci* genômicos de milho não gênico recombinante purificados, em que o dito DNA de interesse codifica um peptídeo. Em uma modalidade, os *loci* genômicos de milho não gênico recombinante purificados compreende um cassete de expressão de gene, em que o cassete de gene compreende um gene que inclui, por exemplo, um gene de resistência a inseticida, gene de tolerância a herbicida, gene de eficiência de uso de nitrogênio, gene de eficiência de uso de água, gene de qualidade nutricional, gene de ligação de DNA, e gene de marcador selecionável. Em uma modalidade, um DNA de interesse é inserido nos *loci* genômicos de milho não gênico com o uso de uma nuclease específica por sítio em que a nuclease específica por sítio é selecionada a partir do grupo que consiste em uma nuclease de dedo de zinco, uma nuclease de CRISPR, uma TALEN, uma endonuclease de alojamento

ou uma meganuclease. Em uma modalidade, o dito DNA de interesse é integrado dentro da dita sequência não gênica por meio de um método de integração de reparo direcionada por homologia. Em outra modalidade, o dito DNA de interesse é integrado dentro da dita sequência não gênica por meio de um método de integração de união de extremidade não homóloga. Em uma modalidade adicional, o DNA de interesse compreende dois ou mais cassetes de expressão de gene. Em uma modalidade adicional, dois ou mais do DNA de interesse são inseridos em dois ou mais dos ditos *loci* genômicos de milho não gênico alvos. Em uma modalidade, dois ou mais dos ditos *loci* genômicos de milho não gênico alvos são fornecidos, em que cada um compreende um DNA de interesse inserido para produzir duas ou mais sequências recombinantes em que os ditos *loci* genômicos de milho não gênico alvos são localizados em um mesmo cromossomo. Em uma modalidade adicional, o milho não gênico purificado genômico compreende o DNA de interesse e/ou a sequência não gênica que são modificados durante a inserção do dito DNA de interesse na sequência não gênica. Em outra modalidade, o DNA de interesse é inserido por meio de um reparo direcionado por homologia ou um mecanismo de reparo de união de união de extremidade não homóloga.

[011] Em outra modalidade, a revelação em questão fornece uma planta que compreende uma sequência recombinante, sendo que a dita sequência recombinante compreende: um DNA de interesse e uma sequência de ácidos nucleicos que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica, em que o DNA de interesse é inserido na dita sequência não gênica. Em outra modalidade, a sequência não gênica é selecionada a partir do grupo que consiste em *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ

ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529). Em uma modalidade adicional, a planta compreende duas ou mais das ditas sequências recombinantes. Em uma modalidade adicional a planta compreende duas sequências recombinantes que estão localizados no mesmo cromossomo. Em outra modalidade a planta compreende um DNA de interesse inserido proximal a um sítio alvo de dedo de zinco da Tabela 8. Em uma modalidade a planta compreende um DNA de interesse inserido entre um par de sítios alvos de dedo de zinco selecionado a partir da Tabela 8. Em uma modalidade, o dito DNA de interesse compreende um domínio analítico. Em uma modalidade adicional, o dito DNA de interesse não codifica um peptídeo. Em ainda outra modalidade, o dito DNA de interesse codifica um peptídeo. Em uma modalidade subsequente, o dito DNA de interesse compreende um cassete de expressão de gene que codifica um produto genético, que inclui, por exemplo, um gene de resistência a inseticida, gene de tolerância a herbicida, gene de eficiência de uso de nitrogênio, gene de eficiência de uso de água, gene de qualidade nutricional, gene de ligação de DNA, e gene de marcador selecionável. Em outra modalidade, a planta compreende um DNA de interesse e/ou uma sequência não gênica que são modificadas durante a inserção do dito DNA de interesse na dita sequência não gênica.

[012] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica

selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), e *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[013] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), e *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[014] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), e *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[015] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529) com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[016] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), e *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[017] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), e *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[018] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante, que compreende: uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95%, ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428),

loci_204726_G1 (SEQ ID NO:424), e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529) com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

BREVE DESCRIÇÃO DOS DESENHOS

[019] A Figura 1 ilustra uma amostra de captura de tela de um esquema wiggle para o perfil de metilação de DNA de tecidos de broto e raiz obtidos a partir do cromossomo número 1 de B73 de cultivar de *Zea mays*.

[020] A Figura 2 ilustra uma distribuição dos comprimentos de sequência de polinucleotídeos dos locais genômicos hipometilados resultantes do genoma B73 de cultivar de *Zea mays*.

[021] A Figura 3 representa um gráfico tridimensional dos 5.286 *loci* de milho excelentes. A abordagem estatística de Análise de Componente Principal (PCA) foi usada para agrupar o conjunto de 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados em 32 agrupamentos distintos com base nos valores de recurso dos mesmos (consulte o Exemplo 1). Durante o processo de PCA, os cinco componentes principais (PC) foram gerados, em que as três PCs superiores continham cerca de 90% da variação total no conjunto de dados. Essas três PCAs foram usadas para representar graficamente os 32 agrupamentos em um esquema tridimensional conforme mostrado na Figura 3.

[022] A Figura 4 fornece um desenho esquemático que indica a distribuição cromossômica dos 81 *loci* genômicos excelentes, e as posições relativas dos mesmos nos cromossomos de milho.

[023] A Figura 5 fornece um gráfico que mostra a cobertura dos 72 *loci* genômicos excelentes dentro de bancos de dados genômicos de Hi-II de cultivar e B104 de cultivar de *Zea mays* que foram selecionados para direcionar a validação.

[024] A Figura 6 fornece um desenho esquemático que indica o local cromossômico de *Zea mays* dos 72 *loci* genômicos excelentes selecionados para direcionar a validação.

[025] A Figura 7 fornece um mapa de plasmídeo de pDAB111845 (SEQ ID NO: 5418). Os elementos numerados (isto é, 5, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 15, 16, 25, e 26) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados correspondendo-se proteína de nuclease de dedo de zinco. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" anotada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreendem o cassete doador universal.

[026] A Figura 8 é uma representação da sequência de polinucleotídeos doadores universais para a integração por meio da união de extremidade não homóloga (NHEJ). Dois vetores propostos são fornecidos, em que um DNA de interesse (DNA X) compreende um ou mais (isto é, "1-N") sítios de ligação de dedo de zinco (ZFN BS) na qualquer extremidade do DNA de interesse. As setas verticais mostram sítios de restrição únicos e as setas horizontais representam sítios de iniciador de PCR potencial.

[027] A Figura 9 é uma representação da sequência de polinucleotídeos doadores universais para a integração por meio de reparo direcionado por homologia (HDR). Um DNA de interesse (DNA X) que compreende duas regiões de sequências homólogas (HA) que flanqueiam o DNA de interesse com sítios de ligação de nuclease de dedo de zinco (ZFN) que mantém as sequências de DNAX e HA. As setas verticais mostram sítios de restrição únicos e as setas horizontais representam sítios de iniciador de PCR potenciais.

[028] A Figura 10A a 10C ilustra as construções usadas para o direcionamento e validação da integração de sistema de polinucleotídeo de doador universal dentro da validação e direcionamento de *loci* genômicos excelentes de *Zea mays*. Figura 10A) O espaço de desenho

de ZFN com o local dos pares de ZFN conforme mostrado anteriormente em pDAB111845 da Figura 5. Os pares de ZFN são etiquetados numericamente e correspondem a sequências de ligação de ZFN específicas que são reconhecidas especificamente por proteínas de ZFN para a ligação e clivagem. Figura 10B) Configuração da construção de expressão de ZFN. A construção de expressão de ZFN contém um promotor de planta constitutivo (Zm Ubi1) que é usado para acionar a expressão da proteína de ZFN. A proteína de ZFN contém a sequência de localização nuclear (NLS), as proteínas de dedo de zinco (ZFP-L e ZFP-R, em que L indica proteína de ZFN de ligação de mão esquerda e R indica proteína de ligação de mão direita), Fok-1 endonuclease (Fok1) e auto-hidrolisante 2A (2A). Figura 10C) Polinucleotídeo doador universal para direcionamento mediado por NHEJ dos *loci* genômicos excelentes de *Zea mays*. Z1-Z6 representam os sítios de ligação de ZFN para um alvo de *loci* genômicos excelentes de *Zea mays*. O número de sítios de ZFN pode variar de 3 a 6. As setas verticais mostram sítios de restrição únicos e as setas horizontais representam sítios de iniciador de PCR potenciais. O sistema universal de polinucleotídeo doador é uma sequência curta (110 pb) que é comum aos doadores usados para a integração dentro de *loci* genômicos excelentes de *Zea mays*.

[029] A Figura 11 mostra um mapa de plasmídeo de pDAB8393.

[030] A Figura 12 mostra a atividade de clivagem de ZFN em alvos de *loci* genômicos selecionados de *Zea mays*. A atividade de clivagem é representada como número de sequências com indel (inserções e deleções) no sítio de clivagem de ZFN por 1 milhão de leituras de alta qualidade.

[031] A Figura 13 mostra a validação de alvos de *loci* genômicos selecionados de *Zea mays* com o uso do método de Análise de Direcionamento Rápido (RTA).

[032] A Figura 14. Mostra construções de plasmídeo

transformadas em *Zea mays* por meio de integração aleatória que compreende eventos para flanquear a análise de sequência e estudos de expressão de transgene.

[033] A Figura 15 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB111846 (SEQ ID NO: 5419). Os elementos numerados (isto é, 1, 2, 5, 6, 11, 12, 15, 16, 21, 22, 29 e 30) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para as sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreendem o cassete doador universal.

[034] A Figura 16 mostra um mapa de plasmídeo de pDAB117415 (SEQ ID NO: 5420). Os elementos numerados (isto é, ZFN51 e ZFN52) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para as sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente no desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, por meio da montagem Gibson).

[035] A Figura 17 mostra um mapa de plasmídeo de pDAB117416 (SEQ ID NO: 5421). Os elementos numerados (isto é, ZFN54 e ZFN53) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco

de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, por meio da montagem Gibson).

[036] A Figura 18 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB117417 (SEQ ID NO:5422). O elemento numerado (isto é, ZFN55) corresponde a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, via montagem Gibson).

[037] A Figura 19 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB117419 (SEQ ID NO:5423). Os elementos numerados (isto é, ZFN59 e ZFN60) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes.

Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, via montagem Gibson).

[038] A Figura 20 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB117434 (SEQ ID NO:5424). Os elementos numerados (isto é, ZFN66, ZFN67, ZFN68 e ZFN69) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, via montagem Gibson).

[039] A Figura 21 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB117418 (SEQ ID NO:5425). Os elementos numerados (isto é, ZFN56, ZFN57, e ZFN58) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a

150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, via montagem Gibson).

[040] A Figura 22 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB117420 (SEQ ID NO:5426). Os elementos numerados (isto é, ZFN61 e ZFN62) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, via montagem Gibson).

[041] A Figura 23 mostra o mapa de plasmídeo de pDAB117421 (SEQ ID NO:5427). Os elementos numerados (isto é, Par 3 de PPL17, Par 1 de PPL17, e Par 2 de PPL17) correspondem a sequências de ligação de nuclease de dedo de zinco de cerca de 20 a 35 pares-base em comprimento que são reconhecidos e clivados por proteínas de nuclease de dedo de zinco correspondentes. Essas sequências de ligação de dedo de zinco e a "sequência de UZI" comentada (que é uma região de molde de 100 a 150 pb que contém sítios de restrição e sequências de DNA para sequências de codificação ou desenho de

iniciador) compreende o cassete doador universal. É incluída adicionalmente nesse desenho de plasmídeo a "Sobreposição 104113" que representa sequências que compartilham a homologia ao vetor de plasmídeo para a montagem de alta vazão dos cassetes doadores universais dentro de um vetor de plasmídeo (isto é, via montagem Gibson).

[042] As Figuras 24A a 24C mostram o histograma de características (comprimento, expressão de região de codificação dentro de 40 Kb dos *loci*, e frequência de recombinação) para os *loci* de milho não gênico excelentes identificados. A Figura 24A ilustra uma distribuição dos comprimentos de sequência de polinucleotídeos dos *loci* genômicos excelentes (OGL). A Figura 24B ilustra a distribuição de sequências de ácidos nucleicos expressas em relação à proximidade (escala de log) aos *loci* genômicos excelentes (OGL). A Figura 24C ilustra a distribuição dos *loci* de milho não gênico excelentes em relação à frequência de recombinação dos mesmos.

[043] A Figura 25 mostra o histograma de características (distância ao gene endógeno ativamente transcrito e distância a partir do centrômero) para os *loci* de milho não gênico excelentes identificados. A Figura 25A ilustra a distribuição das sequências de *loci* genômicos excelentes em relação à distância dos mesmos para genes endógenos ativamente transcritos. A Figura 25B ilustra a distribuição das sequências de *loci* genômicos excelentes em relação à distância dos mesmos para o centrômero cromossômico.

DESCRIÇÃO DETALHADA

DEFINIÇÕES

[044] Na descrição e reivindicação da invenção, a seguinte terminologia será usada de acordo com as definições apresentadas abaixo.

[045] O termo "cerca de" conforme usado no presente documento

significa maior ou menor do que o valor ou faixa de valores declarados por 10 por cento, mas não se destina a designar qualquer valor ou faixa de valores para somente essa definição mais ampla. Cada valor ou faixa de valores precedidos pelo termo "cerca de" também é destinado a englobar a modalidade do valor absoluto ou faixa de valores declarados.

[046] Conforme usado no presente documento, o termo "planta" inclui uma planta completa e qualquer descendente, célula, tecido, ou parte de uma planta. O termo "partes de planta" inclui qualquer(qualsquer) parte(s) de uma planta, que inclui, por exemplo e sem limitação: semente (que inclui semente madura ou não madura); um corte de planta; uma célula de planta; uma cultura de célula de planta; um órgão de planta (*por exemplo*, pólen, embriões, flores, frutas, brotos, folhas, raízes, hastes, e explantes). Um tecido de planta ou órgão de planta pode ser uma semente, calo, ou qualquer outro grupo de células de planta que é organizada em uma unidade funcional ou estrutural. Uma célula de planta ou cultura de tecido pode ter a capacidade de regenerar uma planta que tem as características fisiológicas ou morfológicas da planta a partir das quais a célula ou tecido foi obtido, e de regenerar uma planta que tem substancialmente o mesmo genótipo como a planta. Em contraste, algumas células de planta não têm a capacidade de serem regeneradas para produzir plantas. As células regeneráveis em uma célula de planta ou cultura de tecido podem ser embriões, protoplastos, células merismáticas, calo, pólen, folhas, anteras, raízes, pontas de raiz, seda, flores, núcleos, folhas, espigas, cascas, ou talos.

[047] As partes de planta incluem partes colhíveis e partes úteis para a propagação de plantas de progênie. As partes de planta úteis para a propagação incluem, por exemplo e sem limitação: semente; fruta; um corte; uma plântula; um tubérculo; e um porta-enxerto. Uma parte colhível de uma planta pode ser qualquer parte útil de uma planta,

que inclui, por exemplo e sem limitação: flor; pólen; plântula; tubérculo; folha; haste; fruta; semente; e raiz.

[048] Uma célula de planta é a unidade estrutural e fisiológica da planta. As células de planta, conforme usadas no presente documento, incluem protoplastos e protoplastos com uma parede celular. Uma célula de planta pode estar na forma de uma única célula isolada, ou um agregado de células (*por exemplo*, um calo friável e uma célula cultivada), e pode ser parte de uma unidade organizada superior (*por exemplo*, um tecido de planta, órgão de planta, e planta). Portanto, uma célula de planta pode ser um protoplasto, um gameta que produto célula, ou uma célula ou coleção de células que podem regenerar em uma planta completa. Como tal, uma semente, que compreende múltiplas células de planta e tem a capacidade de regenerar em uma planta completa, é considerada uma "parte de planta" nas modalidades no presente documento.

[049] O termo "protoplasto", conforme usado no presente documento, se refere a uma célula de planta que teve a parede celular da mesma completa ou parcialmente removida, com a membrana bicamada de lipídio da mesma nua. Tipicamente, um protoplasto é uma célula de planta isolada sem paredes celulares que têm a potência para regeneração em cultura de célula ou uma planta completa.

[050] Conforme usado no presente documento os termos "nativo" ou "natural" definem uma condição encontrada na natureza. Uma "sequência de DNA nativo" é uma sequência de DNA na natureza que foi produzida por meio de técnicas de melhoramento genético tradicional ou natural, mas não gerado por modificação genética (*por exemplo*, com o uso de técnicas de transformação/biológica molecular).

[051] Conforme usado no presente documento, "sequência endógena" define a forma nativa de um polinucleotídeo, gene ou polipeptídeo no local natural do mesmo no organismo ou no genoma do

organismo.

[052] O termo "isolado" conforme usado no presente documento significa ter sido removido do ambiente natural do mesmo.

[053] O termo "purificado", conforme usado no presente documento se refere ao isolamento de uma molécula ou composto em uma forma que é substancialmente livre de contaminantes normalmente associados à molécula ou composto em um ambiente nativo ou natural e significa ter sido aumentado em pureza como um resultado de ser separado de outros componentes da composição original. O termo "ácido nucleico purificado" é usado no presente documento para descrever uma sequência de ácidos nucleicos que foi separada de outros compostos que incluem, sem limitação, polipeptídios, lipídios e carboidratos.

[054] Os termos "polipeptídio", "peptídeo" e "proteína" são usados de forma intercambiável para se referir a um polímero a um polímero de resíduos de aminoácido. O termo também se aplica a polímeros de aminoácido em que um ou mais aminoácidos são análogos químicos ou derivados modificados de aminoácidos de ocorrência natural correspondentes.

[055] Conforme usado no presente documento, os termos "*loci* genômicos excelentes de milho", "*loci* excelentes de milho não gênico", "*loci* não gênicos excelentes", ou "*loci* genômicos excelentes (OGL)" são usados, de modo intercambiável, para designar uma sequência de DNA nativa encontrada no genoma nuclear de uma planta de milho que tem as propriedades a seguir: não gênico, hipometilado, alvejável e em localização proximal a uma região gênica, em que a região genômica ao redor dos *loci* genômicos excelentes de milho exemplifica evidência de recombinação.

[056] Conforme usado no presente documento, os termos "sequência de milho não gênica" ou "sequência genômica de milho não

gênica" são usados, de modo intercambiável, para designar uma sequência de DNA nativo encontrada no genoma nuclear de uma planta de milho, que tem um comprimento de pelo menos 1 Kb, e desprovida de qualquer estruturas de leitura aberta, sequências de gene ou sequências regulatórias de gene. Além disso, a sequência de milho não gênica não compreende nenhuma sequência de intrão (isto é, intrões são excluídos da definição de não gênico). A sequência não gênica não pode se transcrita ou traduzida em proteína. Muitos genomas de planta contêm regiões não gênicas. Tanto quanto 95% do genoma podem ser não gênicos, e essas regiões podem ser compreendidas de DNA essencialmente repetitivo.

[057] Conforme usado no presente documento, uma "região gênica" é definida como uma sequência de polinucleotídeo que compreende um quadro de leitura aberta que codifica um RNA e/ou polipeptídeo. A região gênica também pode abranger qualquer sequência de nucleotídeo de não codificação 5' e 3' identificável adjacente envolvida na regulação de expressão do quadro de leitura aberta até cerca de 2 Kb a montante da região de codificação e 1 Kb a jusante da região de codificação, mas possivelmente de modo adicional a montante ou a jusante. Uma região gênica inclui adicionalmente qualquer intrão que possa estar presente na região gênica. Adicionalmente, a região gênica pode compreender uma única sequência de gene, ou múltiplas sequências de gene disseminadas com períodos curtos (menos que 1 Kb) de sequências não gênicas.

[058] Conforme usado no presente documento um "ácido nucleico de interesse", "DNA de interesse" ou "doador" é definido como uma sequência de ácido nucleico/DNA que foi selecionada para inserção direcionada de sítio direcionado no genoma de milho. Um ácido nucleico de interesse pode ser de qualquer comprimento, por exemplo, entre 2 e 50.000 nucleotídeos em comprimento (ou qualquer valor de número

inteiro entre os mesmos ou acima dos mesmos), preferencialmente entre cerca de 1.000 e 5.000 nucleotídeos em comprimento (ou qualquer valor de número inteiro entre os mesmos). Um ácido nucleico de interesse pode compreender um ou mais cassetes de expressão genética que compreende adicionalmente sequências de gene ativamente transcritas e/ou traduzidas. De maneira contrária, o ácido nucleico de interesse pode compreender uma sequência de polinucleotídeo que não compreende um cassete de expressão genética funcional ou um gene inteiro (por exemplo, pode simplesmente compreender sequências regulatórias tais como um promotor), ou pode não conter nenhum elemento de expressão genética identificável ou nenhuma sequência de gene ativamente transcrito. O ácido nucleico de interesse pode conter opcionalmente um domínio analítico. Mediante inserção do ácido nucleico de interesse no genoma de milho, as sequências inseridas são denominadas o "DNA inserido de interesse". Adicionalmente, o ácido nucleico de interesse pode ser DNA ou RNA, pode ser linear ou circular, e pode ser de fita simples ou fita dupla. O mesmo pode ser entregue à célula como ácido nucleico nu, como um complexo com um ou mais agentes de entrega (por exemplo, lipossomos, poloxâmeros, fita-T encapsulado com proteínas, etc.,) ou contido em um veículo de entrega bacteriano ou viral, tais como, por exemplo, *Agrobacterium tumefaciens* ou um adenovírus ou um Vírus adenoassociado (AAV), respectivamente.

[059] Conforme usado no presente documento, o termo "domínio analítico" define uma sequência de ácido nucleico que contém elementos funcionais que auxiliam na inserção direcionada de sequências de ácido nucleico. Por exemplo, um domínio analítico pode conter sítios de enzima de restrição especificamente desenhados, sítios de ligação de dedo de zinco, blocos de assentamento modificados ou plataformas de integração transgênica modificadas e pode

compreender ou não os elementos regulatórios de gene ou um quadro de leitura aberta. Consulte, por exemplo, a Publicação de Patente nº U.S. 20110191899, incorporada ao presente documento a título de referência em sua totalidade.

[060] Conforme usado no presente documento, o termo "sequência de milho selecionada" define uma sequência de DNA genômico nativo de milho que foi escolhida para análise para determinar se a sequência se qualifica como um *loci* genômicos excelentes de milho não gênico.

[061] Conforme usado no presente documento, o termo "hipometilação" ou "hipometilado", em referência a uma sequência de DNA, define um estado reduzido de resíduos de nucleotídeo de DNA metilado em uma determinada sequência de DNA. Tipicamente, a metilação diminuída se refere ao número de resíduos de citosina ou adenina metilados, em relação ao nível médio de metilação encontrado em sequências não gênicas presentes no genoma de milho.

[062] Conforme usado no presente documento, uma "sequência alvejável" é uma sequência de polinucleotídeo que é suficientemente exclusiva em um genoma nuclear para permitir inserção direcionada de sítio específico de um ácido nucleico de interesse em uma sequência específica.

[063] Conforme usado no presente documento, o termo sequência "não repetida" é definido como uma sequência de pelo menos 1 Kb em comprimento que compartilha menos que 40% de identidade com qualquer outra sequência dentro do genoma *Zea mays*. Os cálculos de identidade de sequência podem ser determinados com o uso de qualquer técnica padrão conhecida àqueles versados na técnica incluindo, por exemplo, a varredura de uma sequência de milho selecionada contra o genoma *Zea mays* c.v. B73 com o uso de uma pesquisa de homologia com base em BLAST™ com o uso do software

NCBI BLAST™ (versão 2.2.23) executado com o uso das configurações de parâmetro padrão (Stephen F. Altschul et al (1997), "Gapped BLAST e PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389 a 3402). Por exemplo, à medida que as sequências de milho selecionadas (a partir do genoma *Zea mays* c.v. B73) foram analisadas, o primeiro resultado de similaridade de BLAST™ identificado a partir de tal pesquisa representa a sequência *Zea mays* c.v. B73 em si. O segundo resultado de similaridade BLAST™ para cada sequência de milho selecionada foi identificado e a cobertura de alinhamento (representada como o percentual da sequência de milho selecionada coberto pelo resultado de similaridade BLAST™) do resultado de similaridade foi usada como uma medida de exclusividade da sequência de milho selecionada dentro do genoma *Zea mays*. Esses valores de cobertura de alinhamento para o segundo resultado de similaridade BLAST™ variaram de um mínimo de 0% a um máximo de 39,98% de identidade de sequência. Quaisquer sequências que alinharam a níveis mais altos de identidade de sequência não foram consideradas.

[064] O termo "em localização proximal a uma região gênica" quando usado em referência a uma sequência não gênica define a localização relativa da sequência não gênica a uma região gênica. Especificamente, o número de regiões gênicas dentro de uma vizinhança de 40 Kb (isto é, dentro de 40 Kb em qualquer extremidade da sequência selecionada de *loci* genômicos excelentes de milho) é analisado. Essa análise foi concluída ensaiando-se informações de anotação de gene e as localizações de genes conhecidas no genoma *Zea mays* foram extraídas do Banco de Dados de Genoma de Milho. Para cada um dos 5.286 *loci* genômicos excelentes de milho não gênico, uma janela de 40 Kb ao redor da sequência de *loci* genômicos excelentes foi definida e o número de genes anotados com localizações

que sobrepõem a essa janela foi cotado. O número de regiões gênicas variou de um mínimo de 1 gene a um máximo de 9 genes dentro da vizinhança de 40 Kb.

[065] O termo "sequência de codificação de milho conhecida" conforme usado no presente documento, refere-se a qualquer sequência de polinucleotídeo identificada a partir do Banco de Dados Genômicos de Milho (disponível em www.maizegdb.org e Monaco, M., et al., Maize Metabolic Network Construction and Transcriptome Analysis. doi:10.3835/plantgenome2012.09.0025; publicado online no dia 23 de janeiro 2013) que compreende um quadro de leitura aberta, tanto antes ou após processamento de sequências de intrão, e são transcritas em mRNA e opcionalmente traduzidas em uma sequência de proteína quando colocadas sob o controle dos elementos regulatórios genéticos apropriados. A sequência de codificação de milho conhecida pode ser uma sequência cDNA ou uma sequência genômica. Em alguns casos, a sequência de codificação de milho conhecida pode ser anotada como uma proteína funcional. Em outros casos, a sequência de codificação de milho conhecida pode não ser anotada.

[066] O termo "sequência de codificação de milho prevista", conforme usado no presente documento, refere-se a qualquer sequência de polinucleotídeo de Etiqueta de Sequência Expressa (EST) descrita no Banco de Dados Genômicos de Milho. As ESTs são identificadas a partir de bibliotecas de cDNA construídas com o uso de iniciadores oligo(dT) para direcionar síntese de primeiro fita através de transcriptase reversa. As ESTs resultantes são leituras de sequenciamento de passe único de menos do que 500 pb obtidas tanto da extremidade 5' ou 3' do inserto de cDNA. Múltiplas ESTs podem ser alinhados em um único contig. As sequências de EST identificadas são carregadas por upload no Banco de Dados Genômicos de Milho, e podem ser buscadas através de métodos de bioinformática para prever

sequências de polinucleotídeo genômico correspondentes que compreendem uma sequência de codificação que é transcrita em mRNA e opcionalmente traduzida em uma sequência de proteína quando colocada sob o controle dos elementos regulatórios genéticos apropriados.

[067] O termo "evidência de recombinação", conforme usado no presente documento, refere-se às frequências de recombinação meiótica entre qualquer par de marcadores genômicos *Zea mays* através de uma região de cromossomo que compreende a sequência de milho selecionada. As frequências de recombinação foram calculadas com base na razão da distância genética entre marcadores (em centimorgan (cM)) para a distância física entre os marcadores (em megabases (Mb)). Para uma sequência de milho selecionada ter evidência de recombinação, a sequência de milho selecionada deve conter pelo menos um evento de recombinação entre dois marcadores que flanqueiam a sequência de milho selecionada conforme detectada com o uso de um conjunto de dados de marcador de alta resolução gerados a partir de múltiplas populações de mapeamento. (Consulte, por exemplo, Jafar Mammadov, Wei Chen, Anastasia Chueva, Karthik Muthuraman, Ruihua Ren, David Meyer, e Siva Kumpatla. 2011. Distribution of Recombinant Frequencies across the Maize Genome. 52^a Annual Maize Genetics Conference).

[068] Conforme usado no presente documento, o termo "valor de localização relativo" é um valor calculado que define a distância de um *locus* genômico a partir do centrômero de cromossomo correspondente do mesmo. Para cada sequência de milho selecionada, a distância genômica a partir da localização nativa da sequência de milho selecionada para o centrômero do cromossomo que a mesma está localizada, é medida (em Pb). A localização relativa de sequência de milho selecionada dentro do cromossomo é representada como a razão

da distância genômica da mesma para o centrômero relativo ao comprimento do braço de cromossomo específico (medido em Pb) que a mesma está situada. Esses valores de localização relativa para o conjunto de dados de *loci* genômicos excelentes de milho não gênico variaram de um mínimo de 0,00373 a um máximo de 0,99908 de razão da distância genômica.

[069] O termo "sequência de DNA exógena" conforme usado no presente documento, é qualquer sequência de ácido nucleico que foi removida da localização nativa da mesma e inserida em uma nova localização alterando as sequências que flanqueiam a sequência de ácido nucleico que foi movida. Por exemplo, uma sequência de DNA exógena pode compreender uma sequência de outra espécie.

[070] "Ligação" se refere a uma interação de sequência específica entre macromoléculas (por exemplo, entre uma proteína e um ácido nucleico). Nem todos os componentes de uma interação de ligação precisam ser de sequência específica (por exemplo, contatos com resíduos de fosfato em uma cadeia principal de DNA), desde que a interação como um todo seja de sequência específica. Tais interações são geralmente caracterizadas por uma constante de dissociação (Kd). "Afinidade" se refere à resistência de ligação: afinidade de ligação aumentada sendo correlacionada com uma constante de ligação inferior (Kd).

[071] Uma "proteína de ligação" é uma proteína que tem a capacidade de se ligar a outra molécula. Uma proteína de ligação pode se ligar a, por exemplo, uma molécula de DNA (uma proteína de ligação de DNA), uma molécula de RNA (uma proteína de ligação de RNA) e/ou uma molécula de proteína (uma proteína de ligação de proteína). No caso de uma proteína de ligação de proteína, a mesma pode se ligar a si mesma (para formar homodímeros, homotrímeros, etc.) e/ou a mesma pode se ligar a uma ou mais moléculas de uma proteína ou

proteínas diferentes. Uma proteína de ligação pode ter mais do que um tipo de atividade de ligação. Por exemplo, as proteínas de dedo de zinco têm atividade de ligação de DNA, ligação de RNA e ligação de proteína.

[072] Conforme usado no presente documento, o termo "dedos de zinco" define regiões de sequência de aminoácido dentro de um domínio de ligação de proteína de ligação de DNA cuja estrutura é estabilizada através de coordenação de um íon de zinco.

[073] Uma "proteína de ligação de DNA de dedo de zinco" (ou domínio de ligação) é uma proteína ou um domínio dentro de uma proteína maior, que liga DNA de um modo de sequência específica através de um ou mais dedos de zinco, que são regiões de sequência de aminoácido dentro do domínio de ligação cuja estrutura é estabilizada através de coordenação de um íon de zinco. O termo proteína de ligação de DNA de dedo de zinco é frequentemente abreviado como proteína de dedo de zinco ou ZFP. Os domínios de ligação de dedo de zinco podem ser "modificados" para se ligarem a uma sequência de nucleotídeo predeterminada. Exemplos não limitantes de métodos para modificar proteínas de dedo de zinco são projeção e seleção. Uma proteína de dedo de zinco desenhada é uma proteína que não ocorre na natureza cuja projeção/composição resulta principalmente de critérios racionais. Critérios racionais para projeção incluem aplicação de regras de substituição e algoritmos computadorizados para processar informações em informações de armazenamento de banco de dados de desenhos de ZFP existentes e dados de ligação. Consulte, por exemplo, Patente nº U.S. 6.140.081; 6.453.242; 6.534.261 e 6.794.136; ver também nº WO 98/53058; WO 98/53059; WO 98/53060; WO 02/016536 e WO 03/016496.

[074] Um "domínio de ligação de DNA de TALE" ou "TALE" é um polipeptídeo que compreende uma ou mais unidades/domínios de repetição de TALE. Os domínios de repetição são envolvidos na ligação

do TALE com a sequência de DNA alvo cognato do mesmo. Uma única "unidade de repetição" (também denominada uma "repetição") é tipicamente 33 a 35 aminoácidos em comprimento e exibe pelo menos alguma homologia de sequência com outras sequências de repetição de TALE dentro de uma proteína TALE que ocorre naturalmente. Consulte, por exemplo, Publicação de Patente nº U.S. 20110301073, incorporada a título de referência ao presente documento em sua totalidade.

[075] O sistema de nuclease CRISPR (Repetições Palindrômicas Curtas Regularmente Interespaçadas e Aglomeradas)/Cas (CRISPR Associado). De maneira breve, um "domínio de ligação de DNA CRISPR" é uma molécula de RNA de fita curta que, atuando em conjunto com a enzima CAS, pode reconhecer, de modo seletivo, ligar e clivar DNA genômico. O sistema CRISPR/Cas pode ser modificado para criar uma quebra de fita dupla (DSB) em um alvo desejado em um genoma, e reparo da DSB pode ser influenciado pelo uso de inibidores de reparo para causar um aumento em reparo passível de erro. Consulte, por exemplo, Jinek et al (2012) Science 337, p. 816-821, Jinek et al, (2013), eLife 2:e00471, e David Segal, (2013) eLife 2:e00563).

[076] Domínios de ligação de dedo de zinco, CRISPR e TALE podem ser "modificados" para se ligarem a uma sequência de nucleotídeo predeterminada, por exemplo, através de modificação (alterando um ou mais aminoácidos) da região de hélice de reconhecimento de um dedo de zinco que ocorre naturalmente. De modo similar, TALEs podem ser "modificados" para se ligarem a uma sequência de nucleotídeo predeterminada, por exemplo através de modificação dos aminoácidos envolvidos em ligação de DNA (a região RVD ou o diresíduo variável de repetição). Portanto, proteínas de ligação de DNA modificadas (dedos de zinco ou TALEs) são proteínas que não ocorrem naturalmente. Exemplos não limitantes de métodos

para modificar proteínas de ligação de DNA são projeção e seleção. Uma proteína de ligação de DNA desenhada é uma proteína que não ocorre na natureza cuja projeção/composição resulta principalmente de critérios racionais. Critérios racionais para projeção incluem aplicação de regras de substituição e algoritmos computadorizados para processar informações em informações de armazenamento em banco de dados de dados de ligação e projeções de TALE e/ou ZFP existentes. Consulte, por exemplo, Patentes nº U.S. 6.140.081; 6.453.242; e 6.534.261; ver também WO 98/53058; WO 98/53059; WO 98/53060; WO 02/016536 e WO 03/016496 e Publicação nºs U.S. 20110301073, 20110239315 e 20119145940.

[077] Uma proteína de dedo de zinco "selecionada", CRISPR ou TALE é uma proteína não encontrada na natureza cuja produção resulta essencialmente a partir de um processo empírico tal como exibição de fago, coletor de interação ou seleção híbrida. Consulte, por exemplo, Patente nº U.S. 5.789.538; nº US 5.925.523; nº US 6.007.988; nº US 6.013.453; nº US 6.200.759; nº WO 95/19431; nº WO 96/06166; nº WO 98/53057; nº WO 98/54311; nº WO 00/27878; nº WO 01/60970; WO 01/88197 e WO 02/099084 e Publicação nºs U.S. 20110301073, 20110239315 e 20119145940.

[078] "Recombinação" refere-se a um processo de troca de informações genéticas entre dois polinucleotídeos, incluindo, mas sem limitação, captura de doador através de recombinação homóloga e união de extremidade não homóloga (NHEJ). Para os propósitos desta revelação, "recombinação homóloga (HR)" se refere à forma especializada de tal troca que ocorre, por exemplo, durante reparo de quebras de fita dupla em células através de mecanismos de reparo de homologia direcionada. Esse processo exige homologia de sequência de nucleotídeo, usa uma molécula "doadora" para o reparo de molde de uma molécula "alvo" (isto é, a sequência de nucleotídeo que

experimentou a quebra de fita dupla), e é conhecido, de modo variado, como "conversão de gene não crossover" ou "conversão de gene de trato curto", porque resulta na transferência de informações genéticas a partir do doador para o alvo. Sem desejar se limitar por nenhuma teoria particular, tal transferência pode envolver correção de correspondência inadequada de DNA heteroduplo que forma entre o alvo quebrado e o doador e/ou "anelamento de fita dependente de síntese" em que o doador é usado para resintetizar informações genéticas que se tornarão parte do alvo, e/ou processos relacionados. Tal HR especializada frequentemente resulta em uma alteração da sequência da molécula alvo de modo que parte ou toda a sequência do polinucleotídeo doador seja incorporada ao polinucleotídeo alvo. Para integração de HR direcionada, a molécula doadora contém pelo menos 2 regiões de homologia ao genoma ("braços de homologia") de pelo menos 50 a 100 pares de base em comprimento. Consulte, por exemplo, A publicação de Patente nº U.S. 20110281361.

[079] Nos métodos da revelação, uma ou mais nucleases direcionadas, conforme descrito no presente documento, criam uma quebra de fita dupla na sequência alvo (por exemplo, cromatina celular) em um sítio predeterminado, e um polinucleotídeo "doador", que tem homologia à sequência de nucleotídeo na região da quebra para integração mediada por HR ou que não tem homologia à sequência de nucleotídeo na região da quebra para integração mediada por NHEJ, pode ser introduzido na célula. A presença da quebra de fita dupla foi mostrada facilitar a integração da sequência doadora. A sequência doadora pode ser fisicamente integrada ou, alternativamente, o polinucleotídeo doador é usado como um molde para reparo da quebra através de recombinação homóloga, resultando na introdução de toda ou parte da sequência de nucleotídeo como no doador para a cromatina celular. Desse modo, uma primeira sequência na cromatina celular pode

ser alterada e, em determinadas modalidades, pode ser convertida em uma sequência presente em um polinucleotídeo doador. Desse modo, o uso dos termos "substituir" ou "substituição" pode ser entendido representar substituição de uma sequência de nucleotídeo por outra, (isto é, substituição de uma sequência no sentido informacional), e não necessariamente exige substituição física ou química de um polinucleotídeo por outro. Em qualquer um dos métodos descritos no presente documento, pares adicionais de proteínas de dedo de zinco, CRISPRs ou TALEN podem ser usados para clivagem de fita dupla adicional de sítios alvo adicionais dentro da célula.

[080] Qualquer um dos métodos descritos no presente documento pode ser usado para inserção de um doador de qualquer tamanho e/ou inativação parcial ou completa de uma ou mais sequências alvo em uma célula através de integração direcionada de sequência doadora que rompe expressão do gene(s) de interesse. As linhagens celulares com genes inativados parcial ou completamente também são fornecidas.

[081] Além disso, os métodos de integração direcionada, conforme descrito no presente documento, também podem ser usados para integrar uma ou mais sequências exógenas. A sequência de ácido nucleico exógena pode compreender, por exemplo, uma ou mais moléculas cDNA ou genes, ou qualquer tipo de sequência de codificação ou não codificação, bem como um ou mais elementos de controle (por exemplo, promotores). Além disso, a sequência de ácido nucleico exógena (transgene) pode produzir uma ou mais moléculas de RNA (por exemplo, RNAs de pequeno grampo de cabelo (shRNAs), RNAs inibitórios (RNAis), microRNAs (miRNAs), etc.), ou proteína.

[082] "Clivagem", conforme usado no presente documento, define a quebra da cadeia principal fosfato-açúcar de uma molécula de DNA. Clivagem pode ser iniciada por uma variedade de métodos incluindo, mas sem limitação, hidrólise enzimática ou química de uma ligação de

fosfodiéster. Tanto a clivagem de fita simples quanto a clivagem de fita dupla são possíveis, e a clivagem de fita dupla pode ocorrer como um resultado de dois eventos de clivagem de fitas simples distintas. Clivagem de DNA pode resultar na produção tanto de extremidades cegas ou extremidades escalonadas. Em determinadas modalidades, polipeptídeos de fusão são usados para clivagem de DNA de fita dupla direcionada. Um "domínio de clivagem" compreende uma ou mais sequências de polipeptídeo que possui atividade catalítica para clivagem de DNA. Um domínio de clivagem pode estar contido em uma única cadeia de polipeptídeo ou atividade de clivagem pode resultar a partir da associação de dois (ou mais) polipeptídeos.

[083] Um "meio domínio de clivagem" é uma sequência de polipeptídeo que, em conjunto com um segundo polipeptídeo (tanto idêntico ou diferente) forma um complexo que tem atividade de clivagem (preferencialmente atividade de clivagem de fita dupla). Os termos "primeiro e segundo meio domínios de clivagem", "meio domínios de clivagem + e -" e "meio domínios de clivagem direito e esquerdo" são usados de modo intercambiável para se referir aos pares de meio-domínios de clivagem que dimerizam.

[084] Um "meio domínio de clivagem modificado" é um meio domínio de clivagem que foi modificado de modo a formar heterodímeros obrigatórios com outro meio domínio de clivagem (por exemplo, outro meio domínio de clivagem modificado). Ver, também, a Publicação de Patente nº U.S. 2005/0064474, 20070218528, 2008/0131962 e 2011/0201055, incorporada ao presente documento a título de referência em sua totalidade.

[085] Um "sítio alvo" ou "sequência alvo" refere-se a uma porção de um ácido nucleico a qual uma molécula de ligação irá se ligar, forneceu condições suficientes para a ligação existir.

[086] Ácidos nucleicos incluem DNA e RNA, podem ser de fita

simples ou dupla; podem ser lineares, ramificados ou circulares; e podem ser de qualquer comprimento. Ácidos nucleicos incluem aqueles capazes de formar duplas, bem como ácidos nucleicos de formação tripla. Consulte, por exemplo, Patente nº U.S. 5.176.996 e 5.422.251. As proteínas incluem, mas sem limitação, proteínas de ligação de DNA, fatores de transcrição, fatores de remodelação de cromatina, proteínas de ligação de DNA metiladas, polimerases, metilases, demetilases, acetilases, deacetilases, quinases, fosfatases, integrases, recombinases, ligases, topoisomerasas, girases e helicases.

[087] Um "produto de um ácido nucleico exógeno" inclui tanto produtos de polinucleotídeo e polipeptídeo, por exemplo, produtos de transcrição (polinucleotídeos tal como RNA) e produtos de tradução (polipeptídeos).

[088] Uma molécula de "fusão" é uma molécula na qual duas ou mais moléculas de subunidade são ligadas, por exemplo, de modo covalente. As moléculas de subunidade podem ser o mesmo tipo químico de molécula, ou podem ser tipos químicos diferentes de moléculas. Exemplos do primeiro tipo de molécula de fusão incluem, mas sem limitação, proteínas de fusão (por exemplo, uma fusão entre um domínio de ligação de DNA de ZFP e um domínio de clivagem) e ácidos nucleicos de fusão (por exemplo, um ácido nucleico que codifica a proteína de fusão descrita acima). Exemplos do segundo tipo de molécula de fusão incluem, mas sem limitação, uma fusão entre um ácido nucleico de formação tripla e um polipeptídeo, e uma fusão entre um ligante de sulco minoritário e um ácido nucleico. A expressão de uma proteína de fusão em uma célula pode resultar a partir de entrega da proteína de fusão para a célula ou através de entrega de um polinucleotídeo que codifica a proteína de fusão a uma célula, em que o polinucleotídeo é transcrito, e a transcrição é traduzida, para gerar a proteína de fusão. Trans-separação, clivagem de polipeptídeo e ligação

de polipeptídeo também podem ser envolvidos na expressão de uma proteína em uma célula. Métodos para a entrega de polinucleotídeo e polipeptídeo para as células são apresentados em outro momento nessa revelação.

[089] Para os propósitos da presente revelação, um "gene", inclui uma região de DNA que codifica um produto de gene (ver *infra*), bem como todas as regiões de DNA que regulam a produção do produto de gene, se tais sequências regulatórias são ou não adjacentes ou ligadas de modo operável a sequências de codificação e/ou transcritas. Consequentemente, um gene inclui, mas não é necessariamente limitado a, sequências promotoras, terminadores, sequências regulatórias translacionais tais como sítios de ligação de ribossomo e sítios de entrada de ribossomo internos, acentuadores, silenciadores, isolantes, elementos de limitação, origens de replicação, sítios de fixação de matriz e regiões de controle de *locus*.

[090] "Expressão genética" se refere à conversão das informações, contidas em um gene, para um produto de gene. Um produto de gene pode ser o produto de transcrição direta de um gene (por exemplo, mRNA, tRNA, rRNA, RNA antissenso, RNA de interferência, ribozima, RNA estrutural ou qualquer outro tipo de RNA) ou uma proteína produzida através de tradução de um mRNA. Produtos de gene também incluem RNAs que são modificados, através de processos tais como capeamento, poliadenilação, metilação, e edição, e proteínas modificadas através de, por exemplo, metilação, acetilação, fosforilação, ubiquitinação, ADP-ribosilação, miristilação e glicosilação.

[091] Identidade de sequência: O termo "identidade de sequência" ou "identidade", conforme usado no presente documento, no contexto de duas sequências de ácido nucleico ou polipeptídeo, se refere aos resíduos nas duas sequências que são as mesmas quando alinhadas para correspondência máxima sobre uma janela de comparação

especificada.

[092] Conforme usado no presente documento, o termo "porcentagem de identidade de sequência" se refere ao valor determinado comparando-se duas sequências alinhadas de modo ideal (por exemplo, sequências de ácido nucleico e sequências de aminoácido) sobre uma janela de comparação, em que a porção da sequência na janela de comparação pode compreender adições ou deleções (isto é, vãos) quando comparado à sequência de referência (que não compreende adições ou deleções) para alinhamento excelente das duas sequências. A porcentagem é calculada determinando-se o número de posições as quais o resíduo de nucleotídeo ou aminoácido idêntico ocorre nas duas sequências para render o número de posições correspondidas, dividindo o número de posições correspondidas pelo número total de posições na janela de comparação, e multiplicando o resultado por 100 para render a porcentagem de identidade de sequência.

[093] Métodos para alinhar sequências para comparação são bem conhecidas na técnica. Vários programas e algoritmos de alinhamento são descritos em, por exemplo: Smith e Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2:482; Needleman and Wunsch (1970) J. Mol. Biol. 48:443; Pearson e Lipman (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 85:2444; Higgins e Sharp (1988) Gene 73:237-44; Higgins and Sharp (1989) CABIOS 5:151 a 3; Corpet et al. (1988) Nucleic Acids Res. 16:10881 a 90; Huang et al. (1992) Comp. Appl. Biosci. 8:155 a 65; Pearson et al. (1994) Métodos Mol. Biol. 24:307 a 31; Tatiana et al. (1999) FEMS Microbiol. Lett. 174:247-50. Uma consideração detalhada de métodos de alinhamento de sequência e cálculos de homologia pode ser encontrada em, por exemplo, Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-10. The National Center for Biotechnology Information (NCBI) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST™; Altschul et al. (1990)) está disponível

a partir de diversas fontes, incluindo o National Center for Biotechnology Information (Bethesda, MD), e na internet, para uso em conexão com diversos programas de análise de sequência. Uma descrição de como determinar identidade de sequência com o uso desse programa está disponível na internet sob a seção "ajuda" para BLAST™. Para comparações de sequências de ácido nucleico, a função de "sequências Blast 2" do programa BLAST™ (Blastn) pode ser empregada com o uso dos parâmetros padrão. As sequências de ácido nucleico com similaridade ainda maior às sequências de referência mostrarão percentagem de identidade crescente quando estimadas através desse método.

[094] Especificamente hibridizável/Especificamente complementar: Conforme usado no presente documento, os termos "especificamente hibridizável" e "especificamente complementar" são termos que indicam um grau suficiente de complementaridade, de modo que a ligação estável e específica ocorra entre a molécula de ácido nucleico e uma molécula de ácido nucleico alvo. A hibridização entre duas moléculas de ácido nucleico envolve a formação de um alinhamento antiparalelo entre as sequências de ácido nucleico das duas moléculas de ácido nucleico. As duas moléculas têm, então, a capacidade de formar ligações de hidrogênio com bases correspondentes na fita oposta para formar uma molécula dupla que, se for suficientemente estável, é detectável com o uso de métodos bem conhecidos na técnica. Uma molécula de ácido nucleico não precisa ser 100% complementar à sequência alvo da mesma para ser especificamente hibridizável. Entretanto, a quantidade de complementaridade de sequência que deve existir para a hibridização ser específica é uma função das condições de hibridização usadas.

[095] As condições de hibridização resultando em graus particulares de rigorosidade irão variar dependendo da natureza do

método de hibridização de escolha e a composição e comprimento das sequências de ácido nucleico de hibridização. Em geral, a temperatura de hibridização e a resistência iônica (especialmente a concentração de Na^+ e/ou Mg^{++}) do buffer de hibridização determinarão a rigorosidade de hibridização, embora momentos de lavagem também influenciam rigor. Cálculos em relação a condições de hibridização exigidas para alcançar graus particulares de rigorosidade são conhecidos àqueles versados na técnica, e são discutidos, por exemplo, em Sambrook et al. (ed.) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd ed., vol. 1 a 3, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989, capítulos 9 e 11; e Hames and Higgins (eds.) *Nucleic Acid Hybridization*, IRL Press, Oxford, 1985. Instrução detalhada adicional e guia em relação à hibridização de ácidos nucleicos podem ser encontrados, por exemplo, em Tijssen, "Overview of principles of hybridization and the strategy of nucleic acid probe assays," in *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology- Hybridization with Nucleic Acid Probes*, Parte I, Capítulo 2, Elsevier, NY, 1993; e Ausubel et al., Eds., *Current Protocols in Molecular Biology*, Capítulo 2, Greene Publishing e Wiley-Interscience, NY, 1995.

[096] Conforme usado no presente documento, "condições rigorosas" abrange condições sob as quais hibridização só irá ocorrer se houver menos que 20% de correspondência inadequada entre a molécula de hibridização e uma sequência dentro da molécula de ácido nucleico alvo. "condições rigorosas" incluem adicionalmente níveis particulares de rigorosidade. Desse modo, conforme usado no presente documento, "rigoriedade moderada" condições são aquelas sob as quais as moléculas com mais do que 20% de sequência de correspondência inadequada não irão hibridizar; condições de "alta rigorosidade" são aquelas sob as quais as sequências com mais do que 10% de correspondência inadequada não irão hibridizar; e condições de

"rigorosidade muito alta" são aquelas sob as quais as sequências com mais do que 5% de correspondência inadequada não irão hibridizar. A seguir são condições de hibridização representativas, não limitantes.

[097] Condição de rigorosidade alta (detecta sequências que compartilham pelo menos 90% de identidade de sequência): Hibridização em 5x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) a 65 °C durante 16 horas; dupla lavagem em 2x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) à temperatura ambiente durante 15 minutos cada; e lavagem dupla em 0,5x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) a 65 °C durante 20 minutos cada.

[098] Condição de Rigorosidade moderada (detecta sequências que compartilham pelo menos 80% de identidade de sequência): Hibridização em 5x-6x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) a 65 a 70 °C durante 16 a 20 horas; lavagem dupla em 2x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) à temperatura ambiente durante 5 a 20 minutos cada; e lavagem dupla em 1x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) a 55 a 70 °C durante 30 minutos cada.

[099] Condição de controle não rigoroso (sequências que compartilham pelo menos 50% de identidade de sequência irão hibridizar): Hibridização em 6x tampão SSC (em que o tampão SSC

contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) à temperatura ambiente a 55 °C durante 16 a 20 horas; lavagem pelo menos duas vezes em 2x-3x tampão SSC (em que o tampão SSC contém um detergente tal como SDS, e reagentes adicionais como DNA de esperma de salmão, EDTA, etc.) à temperatura ambiente a 55 °C durante 20 a 30 minutos cada.

[0100] Conforme usado no presente documento, o termo "substancialmente homólogo" ou "homologia substancial", em relação a uma sequência de ácido nucleico contígua, refere-se a sequências de nucleotídeo contíguas que hibridizam sob condições rigorosas à sequência de ácido nucleico de referência. Por exemplo, sequências de ácido nucleico que são substancialmente homólogas a uma sequência de ácido nucleico de referência são aquelas sequências de ácido nucleico que hibridizam sob condições rigorosas (por exemplo, as condições de rigorosidade Moderada estabelecidas anteriormente) à sequência de ácido nucleico de referência. As sequências substancialmente homólogas podem ter pelo menos 80% de identidade de sequência. Por exemplo, sequências substancialmente homólogas podem ter de cerca de 80% a 100% de identidade de sequência, tal como cerca de 81%; cerca de 82%; cerca de 83%; cerca de 84%; cerca de 85%; cerca de 86%; cerca de 87%; cerca de 88%; cerca de 89%; cerca de 90%; cerca de 91%; cerca de 92%; cerca de 93%; cerca de 94% cerca de 95%; cerca de 96%; cerca de 97%; cerca de 98%; cerca de 98.5%; cerca de 99%; cerca de 99.5%; e cerca de 100%. A propriedade de homologia substancial é estritamente relacionada à hibridização específica. Por exemplo, uma molécula de ácido nucleico é especificamente hibridizável quando há um grau suficiente de complementaridade para evitara ligação não específica do ácido nucleico a sequências não alvo sob as condições em que a ligação específica é desejada, por exemplo, sob condições de hibridização

rigorosas.

[0101] Em alguns casos "homólogo" pode ser usado para referir à relação de um primeiro gene a um segundo gene através de descendência de uma sequência de DNA ancestral comum. Em tais casos, o termo, homólogo, indica uma relação entre genes separados pelo evento de especiação (ver ortólogo) ou à relação entre genes separados pelo evento de duplicação genética (ver parálogo). Em outros casos, "homólogo" pode ser usado para referir ao nível de identidade de sequência entre uma ou mais sequências de polinucleotídeo, em tais casos, a uma ou mais sequências de polinucleotídeo não necessariamente descendem de uma sequência de DNA ancestral comum. Aqueles versados na técnica estão cientes da intercambialidade do termo "homólogo" e apreciam a aplicação apropriada do termo.

[0102] Conforme usado no presente documento, o termo "ortólogo" (ou "ortólogo") refere-se a um gene em duas ou mais espécies que evoluiu de uma sequência de nucleotídeo ancestral comum, e pode reter a mesma função nas duas ou mais espécies.

[0103] Conforme usado no presente documento, o termo "parálogos" refere-se a genes relacionados por duplicação dentro de um genoma. Ortólogos retêm a mesma função no curso de evolução, enquanto parálogos evoluem em novas funções, mesmo se essas novas funções não forem relacionadas à função de gene original.

[0104] Conforme usado no presente documento, duas moléculas de sequência de ácido nucleico são ditas exibir "complementaridade completa" quando cada nucleotídeo de uma leitura de sequência na direção 5' a 3' é complementar a cada nucleotídeo da outra sequência quando lido na direção 3' a 5'. Uma sequência de nucleotídeo que é complementar a uma sequência de nucleotídeo de referência exibirá uma sequência idêntica à sequência de complemento reversa da

sequência de nucleotídeo de referência. Esses termos e descrições são bem definidos na técnica e são facilmente entendidos por aqueles versados na técnica.

[0105] Ao determinar a porcentagem de identidade de sequência entre sequências de aminoácido, é bem conhecido por aqueles versados na técnica que a identidade do aminoácido em uma determinada posição fornecida por um alinhamento pode diferir sem afetar propriedades desejadas dos polipeptídeos que compreendem as sequências alinhadas. Nesses casos, o percentual de identidade de sequência pode ser ajustado para ser responsável pela similaridade entre aminoácidos substituídos de modo conservativo. Esses ajustes são bem conhecidos e comumente usados por aqueles versados na técnica. Consulte, por exemplo, Myers e Miller (1988) *Computer Applications in Biosciences* 4:11-7. Métodos estatísticos são conhecidos na técnica e podem ser usados em análise dos 5.286 loci genômicos excelentes identificados.

[0106] Conforme uma modalidade, os loci genômicos excelentes identificados que compreendem 5.286 sequências de loci genômicos excelentes individuais podem ser analisados através de um teste de F-distribuição. Em estatística e teoria de probabilidade, a F-distribuição é uma distribuição de probabilidade contínua. O teste de F-distribuição é um teste de significância estatística que tem uma F-distribuição, e é usado ao comparar modelos estatísticos que foram encaixados a um conjunto de dados, para identificar o modelo de melhor encaixe. Uma F-distribuição é uma distribuição de probabilidade contínua, e é também conhecida como F-distribuição de Snedecor ou a distribuição de Fisher-Snedecor. A F-distribuição surge frequentemente como a distribuição nula de um teste estatístico, mais notável na análise de variância. A F-distribuição é uma distribuição inclinada para a direita. A F-distribuição é uma distribuição assimétrica que tem um valor mínimo de 0, mas

nenhum valor máximo. A curva alcança um pico não longe da direita de 0 e, então, gradualmente aborda o eixo geométrico horizontal quando maior é o valor F. A F-distribuição aborda, mas nunca de fato toca o eixo geométrico horizontal. Será verificado que em outras modalidades, variações nessa equação, ou na verdade equações diferentes, podem ser derivadas e usadas pela pessoa versada e são aplicáveis à análise de 5.286 sequências de loci genômicos excelentes individuais.

[0107] Ligado de modo operável: Uma primeira sequência de nucleotídeo é "ligada de modo operável" com uma segunda sequência de nucleotídeo quando a primeira sequência de nucleotídeo está em uma relação funcional com a segunda sequência de nucleotídeo. Por exemplo, um promotor é ligado de modo operável a uma sequência de codificação se o promotor afetar a transcrição ou expressão da sequência de codificação. Quando produzido de modo recombinante, as sequências de nucleotídeo ligadas de modo operável são geralmente contíguas e, quando necessário, unir duas regiões de codificação de proteína no mesmo quadro de leitura. Entretanto, as sequências de nucleotídeo não precisam ser contíguas para serem ligadas de modo operável.

[0108] O termo, "ligado de modo operável", quando usado em referência a uma sequência regulatória e uma sequência de codificação, significa que a sequência regulatória afeta a expressão da sequência de codificação ligada. "Sequências regulatórias", "elementos regulatórios" ou "elementos de controle", se referem a sequências de nucleotídeo que influenciam o timing e nível/quantidade de transcrição, processamento de RNA ou estabilidade, ou tradução da sequência de codificação associada. As sequências regulatórias podem incluir promotores; sequências líder de tradução; intrões; acentuadores; estruturas do tipo grampo (stem-loop); sequências de ligação de repressor; sequências de terminação; sequências de reconhecimento de poliadenilação; etc.

Sequências regulatórias particulares podem ser localizadas a montante e/ou a jusante de uma sequência de codificação ligada de modo operável às mesmas. Além disso, sequências regulatórias particulares ligadas de modo operável a uma sequência de codificação podem ser localizadas na fita complementar associada de uma molécula de ácido nucleico de fita dupla.

[0109] Quando usado em referência a duas ou mais sequências de aminoácido, o termo "ligado de modo operável" significa que a primeira sequência de aminoácido está em uma relação funcional com pelo menos uma das sequências de aminoácido adicionais.

[0110] Os métodos e composições reveladas incluem proteínas de fusão que compreendem um domínio de clivagem ligado de modo operável a um domínio de ligação de DNA (por exemplo, um ZFP) em que o domínio de ligação de DNA ligando-se a uma sequência nos *locus* genômicos excelentes *Zea mays* direciona a atividade do domínio de clivagem para as proximidades da sequência e, portanto, induz uma quebra de fita dupla nos *locus* genômicos excelentes. Conforme estabelecido em outro momento nesta revelação, um domínio de dedo de zinco pode ser modificado para se ligar a virtualmente qualquer sequência desejada. Consequentemente, um ou mais domínios de ligação de DNA podem ser modificados para se ligarem a uma ou mais sequências nos *locus* genômicos excelentes. A expressão de uma proteína de fusão que compreende um domínio de ligação de DNA e um domínio de clivagem em uma célula, efetua clivagem em ou próximo ao sítio alvo.

MODALIDADES

[0111] Transgenes de alvo e pilhas de transgene a localizações específicas no genoma *Zea mays* irá aperfeiçoar a qualidade de eventos transgênicos, reduzir custos associados com a produção de eventos transgênicos e fornecer novos métodos para fazer produtos de planta

transgênica tal como empilhamento de gene sequencial. Em geral, transgenes de alvo a sítios genômicos específicos é provável de ser comercialmente benéfico. Avanços significativos têm sido feitos nos últimos anos em direção a desenvolvimento de nucleases de sítio específico tal como ZFNs, CRISPRs e TALENs que podem facilitar adição de polinucleotídeos doadores a sítios pré-selecionados em planta e outros genomas. Entretanto, muito pouco é conhecido sobre os atributos de sítios genômicos que são adequados para direcionar. Historicamente, sítios de integração de patógeno (viral) e genes não essenciais em genomas têm sido usados como loci para direcionar. O número de tais sítios em genomas é um tanto limitante e há, portanto, uma necessidade de identificação e caracterização de loci genômicos excelentes que podem ser usados para direcionar sequências de polinucleotídeo doador. Além de ser receptível a alvo, loci genômicos excelentes são esperados serem sítios neutros que podem suportar expressão transgene e aplicações de cruzamento.

[0112] Os requerentes reconheceram que os critérios adicionais são desejáveis para os sítios de inserção e combinaram esses critérios para identificar e selecionar sítios excelentes no genoma de milho para a inserção de sequências exógena. Para propósitos de alvo, o sítio de inserção selecionada precisa ser exclusivo e em uma região não repetitiva do genoma *Zea mays*. Da mesma maneira, o sítio genômico excelente para inserção deve possuir efeitos fenotípicos indesejáveis mínimos e ser suscetível a eventos de recombinação para facilitar introgressão em linhagens agronomicamente elite com o uso de técnicas de melhoramento genético tradicionais. A fim de identificar os loci genômicos que satisfazem os critérios listados, o genoma *Zea mays* foi varrido com o uso de uma abordagem de bioinformática personalizada e conjuntos de dados de escala de genoma para identificar loci genômicos inovadores que possuem características que

são benéficas para a integração de sequência doadora de polinucleotídeo e a expressão subsequente de uma sequência de codificação inserida.

Identificação de *Locí* Genômicos de Milho Não Gênico

[0113] De acordo com uma modalidade, é fornecido um método para identificar sequência genômica de milho não gênico excelente para inserção de sequências exógenas. O método compreende as etapas de identificar, em primeiro lugar, as sequências genômicas de milho de pelo menos 1 Kb de comprimento que são hipometiladas. Em uma modalidade, a sequência genômica hipometilada tem 1, 1,5, 2, 2,5, 3, 3,5, 4, 4,5, 5, 5,5, 6, 6,5, 7, 7,5, 8, 8,5, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16 ou 17 Kb de comprimento. Em uma modalidade, a sequência genômica hipometilada tem cerca de 1 a cerca de 4 Kb de comprimento e, em uma modalidade adicional, tem cerca de 2 Kb de comprimento. Uma sequência é considerada hipometilada se a mesma apresentar menos do que 1% de metilação de DNA dentro da sequência. Em uma modalidade, a situação de metilação é medida com base na presença de 5-metilcitosina em um ou mais dinucleotídeos CpG, trinucleotídeos CHG ou CHH dentro de uma sequência de milho selecionado, em relação à quantidade de citosinas totais encontradas em dinucleotídeos CpG, trinucleotídeos CHG ou CHH correspondentes em uma amostra de DNA de controle normal. A metilação de CHH indica uma 5-metilcitosina seguida de dois nucleotídeos que muitos não seriam guanina e metilação de CHG se refere a uma 5-metilcitosina que precede uma base de adenina, timina ou citocina seguido por guanina. Mais particularmente, em uma modalidade, a sequência de milho selecionado tem menos do que 1, 2 ou 3 nucleotídeos metilados por 500 nucleotídeos da sequência de milho selecionado. Em uma modalidade, a sequência de milho selecionado tem menos do que uma, duas ou três 5-metilcitosinas em dinucleotídeos CpG por 500 nucleotídeos da

sequência de milho selecionado. Em uma modalidade, a sequência de milho selecionado tem 1 a 4 Kb de comprimento e compreende uma sequência de 1 Kb destituída de 5-metilcitosinas. Em uma modalidade, a sequência de milho selecionado tem 1, 1,5, 2, 2,5, 3, 3,5, 4, 4,5, 5, 5,5, 6, 6,5, 7, 7,5, 8 ou 8,5 Kb de comprimento e contém 1 ou 0 nucleotídeos metilados em todo o comprimento da mesmas. Em uma modalidade, a sequência de milho selecionado tem 1, 1,5, 2, 2,5, 3, 3,5, 4, 4,5, 5, 5,5, 6, 6,5, 7, 7,5, 8 ou 8,5 Kb de comprimento e não contém 5-metilcitosinas em dinucleotídeos CpG em todo o comprimento das mesmas. De acordo com uma modalidade, a metilação de uma sequência de milho selecionado pode variar com base no tecido original. Em tais modalidades, os níveis de metilação usados para determinar se uma sequência é hipometilada representam a quantidade média de metilação nas sequências isoladas de dois ou mais tecidos (por exemplo, da raiz e do galho).

[0114] Além da exigência de que um sítio genômico excelente seja hipometilada, a sequência de milho selecionado também precisa ser não gênica. Consequentemente, todas as sequências genômicas hipometiladas são adicionalmente submetidas à varredura para eliminar sequências hipometiladas que contêm uma região gênica. Isso inclui qualquer quadro aberto de leitura independente se a transcrição codifica uma proteína. As sequências genômicas hipometiladas que incluem regiões gênicas, incluindo qualquer sequência de nucleotídeos não codificantes 5' e 3' adjacentes identificáveis envolvidas na regulação de expressão de um quadro aberto de leitura e qualquer íntron que pode estar presente na região gênica, são excluídas do *locus* genômico excelente de milho não gênico da presente revelação.

[0115] Os *loci* genômicos de milho não gênico excelente também precisam ser sequências que demonstraram evidência de recombinação. Em uma modalidade, uma sequência de milho

selecionado precisa ser uma em que tenha sido detectado pelo menos um evento de recombinação entre dois marcadores que flanqueiam a sequência de milho selecionado conforme detectado com o uso de um conjunto de dados de marcador de alta resolução gerado a partir de múltiplas populações de mapeamento. Em uma modalidade, o par de marcadores que flanqueiam uma sequência genômica de milho de 0,5, 1, 1,5 Mb que compreende a sequência de milho selecionado é usado para calcular a frequência recombinante para a sequência de milho selecionado. As frequências de recombinação entre cada um dos pares de marcadores (medidas em centimorgan (cM)) em relação à distância física genômica entre os marcadores (em Mb)) precisa ser maior do que 0 cM/Mb. Em uma modalidade, a frequência de recombinação para uma sequência genômica de milho de 1 Mb que compreende a sequência de milho selecionado se encontra na faixa de cerca de 0,00041 a cerca de 4,0. Em uma modalidade, a frequência de recombinação para uma sequência genômica de milho de 1 Mb que compreende a sequência de milho selecionado se encontra na faixa de cerca de 0,5 a cerca de 5,0. Em uma modalidade, um *locus* genômico excelente é um no qual foram detectados eventos de recombinação dentro da sequência de milho selecionado.

[0116] Um *locus* genômico excelente de milho não gênico também será uma sequência alvo, isto é, uma sequência que é relativamente exclusiva no genoma de milho de modo que um gene alvo para a sequência de milho selecionado seja inserido apenas em um local do genoma de milho. Em uma modalidade, todo o comprimento da sequência genômica excelente compartilha menos do que 30%, 35% ou 40% de identidade de sequência com outra sequência de comprimento similar contida no genoma de milho. Consequentemente, em uma modalidade, a sequência de milho selecionado não pode compreender uma sequência de 1 Kb que compartilha mais do que 25%, 30%, 35%

ou 40% de identidade de sequência com outra sequência de 1 Kb contida no genoma de milho. Em uma modalidade adicional, a sequência de milho selecionado não pode compreender uma sequência de 500 pb que compartilha mais do que 30%, 35% ou 40% de identidade de sequência com outra sequência de 500 pb contida no genoma de milho. Em uma modalidade, a sequência de milho selecionado não pode compreender uma sequência de 1 KB que compartilha mais do que 40% de identidade de sequência com outra sequência de 1 Kb contida no genoma de milho.

[0117] Um *locus* genômico excelente de milho não gênico também estará próximo a uma região gênica. Mais particularmente, uma sequência de milho selecionado precisa estar situada nas proximidades de uma região gênica (por exemplo, uma região gênica precisa estar situada dentro de 40 Kb de flanqueamento de sequência genômica e contígua a qualquer uma das extremidades do milho selecionado conforme encontrado no genoma nativo). Em uma modalidade, uma região gênica está situada dentro de 10, 20, 30 ou 40 Kb de sequência genômica contígua situada em qualquer uma das extremidades da sequência de milho selecionado conforme encontrado no genoma de milho nativo. Em uma modalidade, duas ou mais regiões gênicas estão situadas dentro de 10, 20, 30 ou 40 Kb de sequência genômica contígua que flanqueia as duas extremidades da sequência de milho selecionado. Em uma modalidade, 1 a 9 regiões gênicas estão situadas dentro de 10, 20, 30 ou 40 Kb de sequência genômica contígua que flanqueia as duas extremidades da sequência de milho selecionado. Em uma modalidade, duas ou mais regiões gênicas estão situadas dentro de uma sequência genômica de 20, 30 ou 40 Kb que compreende a sequência de milho selecionado. Em uma modalidade, 1 a 9 regiões gênicas estão situadas dentro de uma sequência genômica de 40 Kb que compreende a sequência de milho selecionado. Em uma

modalidade, a região gênica situada dentro de 10, 20, 30 ou 40 Kb de sequência genômica contígua que flanqueia a sequência de milho selecionado compreende um gene conhecido no genoma de *Zea mays*.

[0118] De acordo com uma modalidade, são fornecidos *loci* genômicos de milho não gênico modificado, em que os *loci* têm pelo menos 1KB de comprimento, são não gênicos, não compreendem resíduos de citosina metilada, têm uma frequência de recombinação maior do que 0,00041 cM/Mb sobre uma região genômica de 1 Mb que abrange os *loci* genômicos de milho e uma sequência de 1 Kb dos *loci* genômicos de milho compartilha menos do que 40% de identidade de sequência com qualquer outra sequência de 1 Kb contida no genoma de milho, em que os *loci* genômicos de milho não gênico são modificados pela inserção de um DNA de interesse nos *loci* genômicos de milho não gênico.

[0119] De acordo com uma modalidade, é fornecido um método para identificar *loci* genômicos excelentes de milho não gênico. Em algumas modalidades, o método compreende, em primeiro lugar, submeter o genoma de milho à varredura para criar um primeiro agrupamento de sequências de milho selecionado que têm um comprimento mínimo de 1 Kb e são hipometiladas, opcionalmente, em que a sequência genômica tem menos do que 1% de metilação ou em que a sequência genômica é destituída de quaisquer resíduos de citosina metilada. Esse primeiro agrupamento de sequências de milho selecionado pode ser adicionalmente submetido à varredura para eliminar *loci* que não atendem às exigências para *loci* genômicos excelentes de milho não gênico. As sequências genômicas de milho que codificam transcrições de milho, compartilham mais do que 40% ou mais de identidade de sequência com outra sequência de comprimento similar, não exibem evidência de recombinação e não têm um quadro aberto de leitura conhecido dentro de 40 Kb da sequência de milho

selecionado, são eliminadas do primeiro agrupamento de sequências, deixando um segundo agrupamento de sequências que qualificam como *loci* de milho não gênico excelente. Em uma modalidade, quaisquer sequências de milho selecionado que não têm um gene de milho conhecido, ou uma sequência que compreende uma região de 2 Kb a montante e/ou uma região de 1 Kb a jusante de um gene de milho conhecido, dentro de 40 Kb de uma extremidade da dita sequência não gênica são eliminadas do primeiro agrupamento de sequências. Em uma modalidade, quaisquer sequências de milho selecionado que não contêm um gene conhecido que expressa uma proteína dentro de 40 Kb da sequência de milho selecionado são eliminadas. Em uma modalidade, quaisquer sequências de milho selecionado que não têm uma frequência de recombinação maior do que 0,00041 cM/Mb são eliminadas.

[0120] Com o uso desses critérios de seleção, os requerentes identificaram *loci* genômicos excelentes selecionados de *Zea mays* que servem como *loci* genômicos excelentes de milho não gênico, em que as sequências dos mesmos são reveladas como SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286. A presente revelação também abrange variantes naturais ou derivados modificados dos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico identificados, em que os *loci* variantes ou derivados compreendem uma sequência que difere de qualquer sequência de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286 em 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 ou 10 nucleotídeos. Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico para uso de acordo com a presente revelação compreendem as sequências selecionadas de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286 ou sequências que compartilham 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência selecionada de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286.

[0121] Em outra modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho

não gênico para uso de acordo com a presente revelação compreendem sequências selecionadas de qualquer variedade de mais ou plantas de milho. Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico para uso de acordo com a presente revelação compreendem sequências selecionadas de isogênicos de milho amarelo. Consequentemente, um isogênico de milho amarelo inclui plantas isogênicas de milho amarelo dentado ou de grão duro, que inclui variedades agricolamente de elite das mesmas. Em uma modalidade subsequente, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico para uso de acordo com a presente revelação compreendem sequências selecionadas a partir de linhagens de milho transformáveis. Em uma modalidade, as linhagens de milho transformáveis representativas incluem; Hi-II, B73, B104, Mo 17, W22, A188, H99, e derivados dos mesmas. Um versado na técnica apreciará que como resultado de divergência filogenética, vários tipos de linhagens de milho não contêm sequências de DNA genômico idênticas e que variações alélicas ou polimorfismos podem estar presentes dentro de sequências genômicas. Em uma modalidade, a presente revelação abrange tais variações alélicas ou polimorfismos dos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico identificados em que as variações alélicas ou polimorfismos compreendem uma sequência que se difere de qualquer sequência de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286 em 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 ou 10 nucleotídeos. Em uma modalidade adicional, a presente revelação abrange tais variações alélicas ou polimorfismos dos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico identificados em que as variações alélicas ou polimorfismos compreendem uma sequência que compartilha 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência com qualquer sequência de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286.

[0122] Os *loci* genômicos excelentes identificados que

compreendem 5.286 sequências individuais podem ser categorizados em vários subagrupamentos através de análise adicional com o uso de um método de análise multivariado. A aplicação de quaisquer programas estatísticos de análise multivariada é usada para revelar a estrutura latente (dimensões) de um conjunto de variáveis. Inúmeros tipos diferentes de algoritmos multivariados podem ser usados, por exemplo, o conjunto de dados pode ser analisado com o uso de múltiplas análises de regressão, análise de regressão logística, análise discriminada, análise multivariada de variância (MANOVA), análise de fator (incluindo tanto a análise de fator comum quanto a análise de componente principal), análise de conjunto, escalonamento multidimensional, análise de correspondência, análise conjunta, análise canônica, correlação canônica e modelagem de equação estrutural.

[0123] De acordo com uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são adicionalmente analisados com o uso de análise de dados multivariados como Análise de Componente Principal (PCA). Apenas uma breve descrição será dada no presente documento, maiores informações podem ser encontradas em H. Martens, T. Naes, *Multivariate Calibration*, Wiley, N.Y., 1989. A PCA avalia a dimensionalidade subjacente (variáveis latentes) dos dados, e produz uma visão geral dos padrões dominantes e tendências principais nos dados. Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico podem ser ordenados em grupos por meio de um método estatístico de análise de componente principal (PCA). A PCA é um procedimento matemático que usa uma transformação ortogonal para converter um conjunto de observações de variáveis possivelmente correlacionadas em um conjunto de valores de variáveis linearmente não correlacionadas chamados componentes principais. A quantidade de componentes principais é menor ou igual à quantidade de variáveis originais. Essa transformação é definida de tal modo que o primeiro

componente principal tenha a maior variância possível (ou seja, seja responsável pelo máximo de variabilidade possível nos dados), e cada componente sucessor, em contrapartida, tenha a maior variância possível mediante a restrição de que seja ortogonal (isto é, não correlacionado com) aos componentes precedentes. Os componentes principais são garantidos para serem independentes se o conjunto de dados data set for distribuído geralmente em conjunto. A PCA é sensível ao escalonamento relativo das variáveis originais. Os exemplos do uso de PCA para agrupar um conjunto de entidades com base em recursos das entidades incluem; Ciampitti, I. et al., (2012) Crop Science, 52(6); 2.728 a 2.742, Chemometrics: A Practical Guide, Kenneth R. Beebe, Randy J. Pell, e Mary Beth Seasholtz, Wiley-Interscience, 1ª edição, 1998, patente nº U.S. 8.385.662, e patente europeia nº 2.340.975.

[0124] De acordo com uma modalidade, uma análise de componente principal (PCA) foi conduzida nos 5.286 *loci* genômicos excelentes de milho com o uso dos 10 recursos a seguir para cada um dos *loci* genômicos excelentes identificados de milho:

Comprimento da região hipometilada ao redor dos *loci* genômicos excelentes (OGL)

[0125] Perfis de ampla metilação de genoma para tecidos de raiz e rebento foram estabelecidos com o uso de dados de sequenciamento paralelo de Illumina/Solexa 1G após digerir o DNA genômico com uma enzima de restrição sensível à metilação (Wang *et al.*, (2009) Genome-Wide and Organ-Specific Landscapes of Epigenetic Modifications and Their Relationships to mRNA and Small RNA Transcriptomes in Maize. *Plant Cell* 21(4): 1.053 a 1.069). O mapeamento de sequências para o genoma indicou a presença de metilação de DNA nos locais mapeados e trechos cromossômicos sem sequências mapeadas indicaram uma ausência de metilação (hipometilação). O comprimento da região hipometilada ao redor de cada um dos OGLs foi calculado com o uso

dos perfis de metilação descritos.

Taxa de Recombinação em uma região de 1MB ao redor do OGL

[0126] Para cada OGL, um par de marcadores em cada um dos lados do OGL, dentro de uma janela de 1Mb, foi identificado. As frequências de recombinação entre cada um dos pares de marcadores através do cromossomo foram calculadas com base na razão entre a distância genética entre marcadores (em centimorgan (cM)) e a distância física genômica entre os marcadores (em Mb).

Nível de Unicidade de Sequência de OGL

[0127] Para cada OGL, a sequência nucleotídica do OGL foi varrida contra o genoma de c.v. B73 de *Zea mays* com o uso de uma pesquisa de homologia baseada em BLAST. Visto que essas sequências de OGL foram identificadas a partir do genoma de c.v. B73 de *Zea mays*, o primeiro resultado de BLAST identificado através dessa pesquisa representa a própria sequência de OGL. O segundo resultado de BLAST para cada OGL foi identificado e a cobertura de alinhamento do resultado foi usada como uma medida de unicidade da sequência de OGL dentro do genoma de *Zea mays*.

Distância do OGL até o gene mais próximo na vizinhança do mesmo

[0128] As informações de anotação de gene e o local de genes conhecidos no genoma de c.v. B73 de *Zea mays* foram extraídos da base de dados Maize Genome DB (www.maizegdb.org). Para cada OGL, o gene anotado mais próximo na vizinhança do mesmo a montante e a jusante foi identificado e a distância entre a sequência de OGL e o gene foi medida (em pb).

% de GC na vizinhança de OGL

[0129] Para cada OGL, a sequência nucleotídica foi analisada para estimar a quantidade de bases de guanina e citosina presentes. Essa contagem foi representada como uma porcentagem do comprimento de sequência de cada OGL e fornece uma medição para % de GC.

Número de genes em uma vizinhança de 40 Kb ao redor do OGL

[0130] As informações de anotação de gene e o local de genes conhecidos no genoma de c.v. B73 de *Zea mays* foram extraídos da base de dados Maize Genome DB (www.maizegdb.org). Para cada OGL, uma janela de 40 Kb ao redor do OGL foi definida e a quantidade de genes anotados com locais que sobrepõem essa janela foi contada.

Expressão genética média em uma vizinhança de 40 Kb ao redor do OGL.

[0131] A expressão de nível de transcrito de genes de milho foi medida através da análise de dados do perfil de transcriptomas gerados a partir dos tecidos de raiz e rebento de c.v. B73 de *Zea mays* com o uso da tecnologia RNA-seq. Para cada OGL, os genes anotados dentro do genoma de c.v. B73 de *Zea mays* que estavam presentes em uma vizinhança de 40 Kb ao redor do OGL foram identificados. Os níveis de expressão para cada um dos genes na janela foram extraídos dos perfis de transcriptoma e um nível de expressão genética médio foi calculado.

Nível de Ocupação de Nucleossoma ao redor do OGL

[0132] O discernimento do nível de ocupação de nucleossoma para uma sequência nucleotídica particular fornece informações sobre funções cromossomais e o contexto genômico da sequência. O pacote estatístico NuPoP™ fornece uma ferramenta de software de fácil utilização ao usuário para prever a ocupação de nucleossoma e o mapa de posicionamento de nucleossoma mais provável para sequências genômicas de qualquer tamanho (Xi, L., Fondufe-Mittendorf, Y., Xia, L., Flatow, J., Widom, J. e Wang, J.-P., Predicting nucleosome positioning using a duration Hidden Markov Model, BMC Bioinformatics, 2010, doi:10.1186/1471-2105-11-346). Para cada OGL, a sequência nucleotídica foi submetida ao software NuPoP™ e uma pontuação de ocupação de nucleossoma foi calculada.

Local relativo dentro do cromossomo (proximidade ao centrômero)

[0133] As informações na posição do centrômero em cada um dos cromossomos de milho e os comprimentos dos braços do cromossomo foram extraídos da base de dados Maize genome DB (www.maizegdb.org). Para cada OGL, a distância genômica da sequência de OGL até o centrômero do cromossomo que está situado no mesmo é medida (em pb). O local relativo de um OGL dentro do cromossomo é representado como a razão entre a distância genômica do mesmo até centrômero relativo e o comprimento do braço de cromossomal específico no qual o mesmo repousa.

Número de OGLs em uma região de 1 Mb ao redor do OGL

[0134] Para cada OGL, uma janela genômica de 1 Mb ao redor do local de OGL é definida e a quantidade de OGLs, no conjunto de dados de OGL de 1 Kb de milho, cujos locais genômicos se sobrepõem com essa janela, é calculada.

[0135] Os resultados ou valores para a pontuação dos recursos e atributos de cada um dos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são adicionalmente descritos na Tabela 3 do Exemplo 2. O conjunto de dados resultante foi usado no método estatístico de PCA para agrupar os 5.286 *loci* genômicos excelentes de milho não gênico identificados em grupos. Durante o processo de agrupamento, após estimar os componentes principais "p" dos *loci* genômicos excelentes, a atribuição dos *loci* genômicos excelentes para um dos 32 grupos procedeu no espaço euclidiano dimensional "p". Cada um dos eixos geométricos "p" foi dividido em intervalos "k". Os *loci* genômicos excelentes atribuídos ao mesmo intervalo foram agrupados juntos para formar grupos. Ao usar essa análise, cada eixo geométrico de PCA foi dividido em dois intervalos, que foram escolhidos com base em informações *a priori* referentes à quantidade de grupos exigidos para validação experimental. Todas as análises e a visualização dos grupos resultantes foram executados com o software Molecular Operating

Environment™ (MOE) disponível junto ao Chemical Computing Group Inc. (Montreal, Quebec, Canadá). A abordagem de PCA foi usada para agrupar o conjunto de 5.286 *loci* genômicos excelentes de milho em 32 grupos distintos com base nos valores de recursos dos mesmos, descritos acima.

[0136] Durante o processo de PCA, cinco componentes principais (PC) foram gerados, com os três PCs de topo contendo cerca de 90% da variação total no conjunto de dados (Tabela 4). Esses três PCs foram usados para representar graficamente os 32 grupos em uma plotagem tridimensional (ver Figura 3). Após o processo de agrupamento ser finalizado, um dos *loci* genômicos excelentes representativos foi escolhido de cada grupo. Isso foi realizado através da escolha de um *locus* genômico excelente seletor, dentro de cada grupo, que estava mais próximo do centroide desse grupo por métodos computacionais (Tabela 4). Os locais cromossômicos dos 32 *loci* genômicos excelentes representativos são uniformemente distribuídos entre os cromossomos de milho conforme mostrado na Figura 4.

[0137] De acordo com uma modalidade, uma sequência não gênica excelente purificada é fornecida, em que a sequência purificada tem pelo menos 1 Kb de comprimento e tem pelo menos 90, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir de qualquer sequência descrita na Tabela 15 do Exemplo 8. Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a serem modificados são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci*_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), *loci*_136086_G1 (SEQ ID NO:4425), *loci*_203704_G1 (SEQ ID NO:2033), *loci*_127268_G1 (SEQ ID NO:2709), *loci*_204637_G1

(SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424) e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529). Em uma modalidade, a sequência purificada é de pelo menos 1 Kb de comprimento e tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424) e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529). Em uma modalidade, uma sequência purificada é fornecida tendo pelo menos 1 Kb de comprimento e que tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência presente em um a sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_204637* excelente (SEQ ID NO:2731), *loci_excelentes_136086* (SEQ ID NO:4425), *loci_excelentes_232484* (SEQ ID NO:2053), *loci_excelentes_203075* (SEQ ID NO:2030), *loci_excelentes_3733* (SEQ ID NO:1268), *loci_excelentes_168286* (SEQ ID NO:573), *loci_excelentes_128078* (SEQ ID NO:560), *loci_excelentes_265551* (SEQ ID NO:463), *loci_excelentes_127268* (SEQ ID NO:2709), *loci_excelentes_204726* (SEQ ID NO:424) e *loci_excelentes_232222* (SEQ ID NO:3357). Em uma modalidade, uma sequência purificada é fornecida tendo pelo menos 1 Kb de comprimento e que tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência

presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_ 204637* excelente (SEQ ID NO:2731), *loci_excelentes_136086* (SEQ ID NO:4425), *loci_excelentes_232484* (SEQ ID NO:2053), *loci_excelentes_203075* (SEQ ID NO:2030), *loci_excelentes_3733* (SEQ ID NO:1268), *loci_excelentes_168286* (SEQ ID NO:573), *loci_excelentes_128078* (SEQ ID NO:560) e *loci_excelentes_265551* (SEQ ID NO:463). Em uma modalidade, uma sequência purificada é fornecido tendo pelo menos 1 Kb de comprimento e que tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_ 204637* excelentes (SEQ ID NO:2731), *loci_excelentes_203075* (SEQ ID NO:2030) e *loci_excelentes_128078* (SEQ ID NO:560).

[0138] Em uma modalidade, uma sequência purificada é fornecida compreendendo uma sequência idêntica de 1 Kb a uma sequência presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_ 204637* excelentes (SEQ ID NO:2731), *loci_excelentes_136086* (SEQ ID NO:4425), *loci_excelentes_232484* (SEQ ID NO:2053), *loci_excelentes_203075* (SEQ ID NO:2030), *loci_excelentes_3733* (SEQ ID NO:1268), *loci_excelentes_168286* (SEQ ID NO:573), *loci_excelentes_128078* (SEQ ID NO:560) e *loci_excelentes_265551* (SEQ ID NO:463). Em uma modalidade, uma sequência purificada é fornecida compreendendo uma sequência de 1 Kb idêntica a uma sequência presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_ 204637* excelentes (SEQ ID NO:2731), *loci_excelentes_203075* (SEQ ID NO:2030) e *loci_excelentes_128078* (SEQ ID NO:560).

[0139] Em uma modalidade, a revelação em questão se refere a uma sequência recombinante que compreende: uma sequência de ácido nucleico de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95% ou

99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci*_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), e *loci*_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), com um DNA de interesse inserido na sequência não gênica.

[0140] De acordo com uma modalidade, *loci* genômicos excelentes de milho não gênico modificados são fornecidos, em que os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são modificados para compreender uma ou mais substituições, deleções ou inserções de nucleotídeos. Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são modificados pela inserção de um DNA de interesse opcionalmente acompanhado adicionalmente com duplicações, deleções ou inversões nucleotídicas de sequência de *loci* genômicos.

[0141] Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de qualquer sequência descrita na Tabela 15 do Exemplo 8. Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci*_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), *loci*_136086_G1 (SEQ ID NO:4425), *loci*_203704_G1 (SEQ ID NO:2033), *loci*_127268_G1 (SEQ ID NO:2709), *loci*_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), *loci*_291068_G1 (SEQ ID NO:3230), *loci*_232222_G1 (SEQ ID NO:3357), *loci*_43577_G1 (SEQ ID NO:3428), *loci*_204726_G1 (SEQ ID NO:424), e *loci*_232228_G1 (SEQ ID NO: 4529). Em uma modalidade, os *loci*

genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230). Em uma modalidade, os *loci*

genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424). Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica a partir de *loci_232228_G1* (SEQ ID NO:4529).

[0142] Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), e *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), e *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), e *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053). Em uma modalidade adicional,

os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), e *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), e *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), e *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), e *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), e *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463).

[0143] Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), e *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709),

loci_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), e *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), e *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), e *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), e *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230). Em uma modalidade adicional, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico a ser modificado são uma sequência genômica selecionada a partir de *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709) e *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731).

[0144] Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são selecionados a partir das sequências genômicas de *loci_59517_G1* (SEQ ID NO: 1), *loci_159525_G1* (SEQ ID NO: 199), *loci_9811_G1* (SEQ ID NO: 365), *loci_7507_G1* (SEQ ID NO: 543), *loci_178978_G1* (SEQ ID NO: 687), *loci_285621_G1* (SEQ ID NO: 875), *loci_221721_G1* (SEQ ID NO: 1089), *loci_83937_G1* (SEQ ID NO: 1233), *loci_37146_G1* (SEQ ID NO: 1369), *loci_156393_G1* (SEQ ID NO: 1571), *loci_343678_G1* (SEQ ID NO: 1795), *loci_60209_G1* (SEQ ID NO: 1980), *loci_282323_G1* (SEQ ID NO: 2171), *loci_64542_G1* (SEQ ID NO: 2349), *loci_162531_G1* (SEQ ID NO: 2557),

loci_337001_G1 (SEQ ID NO: 2693), *loci_66202_G1* (SEQ ID NO: 2855), *loci_185454_G1* (SEQ ID NO: 3004), *loci_239863_G1* (SEQ ID NO: 3151), *loci_257541_G1* (SEQ ID NO: 3289), *loci_217939_G1* (SEQ ID NO: 3455), *loci_326869_G1* (SEQ ID NO: 3586), *loci_31710_G1* (SEQ ID NO: 3731), *loci_81941_G1* (SEQ ID NO: 3849), *loci_198387_G1* (SEQ ID NO: 3981), *loci_197372_G1* (SEQ ID NO: 4192), *loci_106202_G1* (SEQ ID NO: 4401), *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529), *loci_244324_G1* (SEQ ID NO: 4646), *loci_157315_G1* (SEQ ID NO: 4836), *loci_137489_G1* (SEQ ID NO: 5046), e *loci_31764_G1* (SEQ ID NO: 5162).

[0145] Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são selecionados a partir das sequências genômicas de *loci_59517_G1* (SEQ ID NO: 1), *loci_25001_G1* (SEQ ID NO: 100), *loci_112632_G1* (SEQ ID NO: 203), *loci_28905_G1* (SEQ ID NO: 295), *loci_129164_G1* (SEQ ID NO: 384), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO: 424), *loci_2425_G1* (SEQ ID NO: 451), *loci_122036_G1* (SEQ ID NO: 547), *loci_5735_G1* (SEQ ID NO: 671), *loci_178978_G1* (SEQ ID NO: 687), *loci_288388_G1* (SEQ ID NO: 781), *loci_60310_G1* (SEQ ID NO: 843), *loci_285621_G1* (SEQ ID NO: 875), *loci_243330_G1* (SEQ ID NO: 967), *loci_127038_G1* (SEQ ID NO: 1107), *loci_262784_G1* (SEQ ID NO: 1147), *loci_344662_G1* (SEQ ID NO: 1190), *loci_153894_G1* (SEQ ID NO: 1252), *loci_28771_G1* (SEQ ID NO: 1300), *loci_1098_G1* (SEQ ID NO: 1371), *loci_97772_G1* (SEQ ID NO: 1569), *loci_156393_G1* (SEQ ID NO: 1571), *loci_236662_G1* (SEQ ID NO: 1663), *loci_139485_G1* (SEQ ID NO: 1822), *loci_301175_G1* (SEQ ID NO: 1906), *loci_152337_G1* (SEQ ID NO: 2003), *loci_202616_G1* (SEQ ID NO: 2027), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO: 2033), *loci_282323_G1* (SEQ ID NO: 2171), *loci_262782_G1* (SEQ ID NO: 2256), *loci_64542_G1* (SEQ ID NO: 2349), *loci_236455_G1* (SEQ ID NO: 2428), *loci_162531_G1* (SEQ ID NO: 2557), *loci_301774_G1* (SEQ ID NO: 2632),

loci_344663_G1 (SEQ ID NO: 2649), *loci_337001_G1* (SEQ ID NO: 2693), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO: 2731), *loci_238100_G1* (SEQ ID NO: 2753), *loci_66202_G1* (SEQ ID NO: 2855), *loci_264359_G1* (SEQ ID NO: 2934), *loci_282653_G1* (SEQ ID NO: 3086), *loci_80282_G1* (SEQ ID NO: 3139), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO: 3230), *loci_56395_G1* (SEQ ID NO: 3270), *loci_200497_G1* (SEQ ID NO: 3334), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO: 3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO: 3428), *loci_5607_G1* (SEQ ID NO: 3435), *loci_114664_G1* (SEQ ID NO: 3457), *loci_228254_G1* (SEQ ID NO: 3497), *loci_120993_G1* (SEQ ID NO: 3593), *loci_53137_G1* (SEQ ID NO: 3702), *loci_31710_G1* (SEQ ID NO: 3731), *loci_344664_G1* (SEQ ID NO: 3815), *loci_81941_G1* (SEQ ID NO: 3849), *loci_321514_G1* (SEQ ID NO: 3939), *loci_198387_G1* (SEQ ID NO: 3981), *loci_301180_G1* (SEQ ID NO: 4113), *loci_197372_G1* (SEQ ID NO: 4192), *loci_348776_G1* (SEQ ID NO: 4350), *loci_244439_G1* (SEQ ID NO: 4458), *loci_348258_G1* (SEQ ID NO: 4487), *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529), *loci_322501_G1* (SEQ ID NO: 4610), *loci_244324_G1* (SEQ ID NO: 4646), *loci_97232_G1* (SEQ ID NO: 4832), *loci_157315_G1* (SEQ ID NO: 4836), *loci_282499_G1* (SEQ ID NO: 4953), *loci_155031_G1* (SEQ ID NO: 5060), *loci_301773_G1* (SEQ ID NO: 5110), *loci_283161_G1* (SEQ ID NO: 5213), *loci_55524_G1* (SEQ ID NO: 5264), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO: 21492709), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO: 34844425), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO: 34172053), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO: 36261923), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO: 3473571), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO: 3047560), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO: 3547463), e *loci_137693_G1* (SEQ ID NO: 387).

[0146] Em uma modalidade, os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico são alvejados com um DNA de interesse, em que o DNA de interesse se integra dentro ou próximo aos sítios-alvo de nuclease dedo de zinco. De acordo com uma modalidade, os sítios-alvo de dedo de

zinco exemplificadores de *loci* genômicos excelentes seletos de milho são fornecidos na Tabela 8. De acordo com uma modalidade, a integração de um DNA de interesse ocorre dentro ou próxima aos sítios-alvo exemplificadores de: 111879ZFN5 e 111879ZFN7; 111885ZFN1 e 111885ZFN2; SIG115737_31v1 e SIG115737_32v1; SIG120523_11v1 e SIG120523_12v1; SIG115246_5 e SIG115246_6; SIG115636_1v1 e SIG115636_2v1; SIG120417_11v1 e SIG120417_12v1; SIG120621_15v1 e SIG120621_16v1; SIG12078_11v1 e SIG12078_12v1; e, SIG157315_1v1 e SIG157315_2v1, ZFN_ligação_1 e ZFN_ligação_2, ZFN_ligação_3 e ZFN_ligação_4, ZFN_ligação_5 e ZFN_ligação_6, ZFN_ligação_7 e ZFN_ligação_8, ZFN_ligação_9 e ZFN_ligação_10, ZFN_ligação_11 e ZFN_ligação_12, ZFN_ligação_13 e ZFN_ligação_14, ZFN_ligação_15 e ZFN_ligação_16, ZFN_ligação_17 e ZFN_ligação_18, ZFN_ligação_19 e ZFN_ligação_20, ZFN_ligação_21 e ZFN_ligação_22, ZFN_ligação_23 e ZFN_ligação_24, ZFN_ligação_25 e ZFN_ligação_26, ZFN_ligação_27 e ZFN_ligação_28, ZFN_ligação_29 e ZFN_ligação_30, ZFN_ligação_31 e ZFN_ligação_32, ZFN_ligação_33 e ZFN_ligação_34, ZFN_ligação_35 e ZFN_ligação_36, ZFN_ligação_37 e ZFN_ligação_38, ZFN_ligação_39 e ZFN_ligação_40, ZFN_ligação_41 e ZFN_ligação_42, ZFN_ligação_43 e ZFN_ligação_44, ZFN_ligação_45 e ZFN_ligação_46, ZFN_ligação_47 e ZFN_ligação_48, ZFN_ligação_49 e ZFN_ligação_50, ZFN_ligação_51 e ZFN_ligação_52, ZFN_ligação_53 e ZFN_ligação_54, ZFN_ligação_55 e ZFN_ligação_56, ZFN_ligação_57 e ZFN_ligação_58, ZFN_ligação_59 e ZFN_ligação_60, ZFN_ligação_61 e ZFN_ligação_62, ZFN_ligação_63 e ZFN_ligação_64, ZFN_ligação_65 e ZFN_ligação_66, ZFN_ligação_67 e ZFN_ligação_68, ZFN_ligação_69 e ZFN_ligação_70, ZFN_ligação_71 e ZFN_ligação_72, ZFN_ligação_73 e ZFN_ligação_74, ZFN_ligação_75 e ZFN_ligação_76,

ZFN_ligação_77 e ZFN_ligação_78, ZFN_ligação_79 e ZFN_ligação_80, ZFN_ligação_81 e ZFN_ligação_82, ZFN_ligação_83 e ZFN_ligação_84, ZFN_ligação_85 e ZFN_ligação_86, ZFN_ligação_87 e ZFN_ligação_88, ZFN_ligação_89 e ZFN_ligação_90, ZFN_ligação_91 e ZFN_ligação_92, ZFN_ligação_93 e ZFN_ligação_94, ZFN_ligação_95 e ZFN_ligação_96, ZFN_ligação_97 e ZFN_ligação_98, ZFN_ligação_99 e ZFN_ligação_100, ZFN_ligação_101 e ZFN_ligação_102, ZFN_ligação_103 e ZFN_ligação_104, ZFN_ligação_105 e ZFN_ligação_106, ZFN_ligação_107 e ZFN_ligação_108, ZFN_ligação_109 e ZFN_ligação_110, ZFN_ligação_111 e ZFN_ligação_112, ZFN_ligação_113 e ZFN_ligação_114, ZFN_ligação_115 e ZFN_ligação_116, ZFN_ligação_117 e ZFN_ligação_118, ZFN_ligação_119 e ZFN_ligação_120, ZFN_ligação_121 e ZFN_ligação_122, ZFN_ligação_123 e ZFN_ligação_124, ZFN_ligação_125 e ZFN_ligação_126, ZFN_ligação_127 e ZFN_ligação_128, ZFN_ligação_129 e ZFN_ligação_130, ZFN_ligação_131 e ZFN_ligação_132.

[0147] De acordo com uma modalidade, a nuclease dedo de zinco se liga ao sítio-alvo de dedo de zinco e cliva os sítios-alvo exclusivos de polinucleotídeo genômicos de milho, mediante os quais o DNA de interesse se integra dentro ou próximo aos sítios-alvo de polinucleotídeo genômicos de milho. Em uma modalidade, a integração do DNA de interesse que ocorre dentro do sítio-alvo de dedo de zinco pode resultar em redistribuições. De acordo com uma modalidade, as redistribuições podem compreender deleções, inserções, inversões e repetições. Em uma modalidade, a integração do DNA de interesse ocorre próxima ao sítio-alvo de dedo de zinco. De acordo com um aspecto da modalidade, a integração do DNA é próxima ao sítio-alvo de dedo de zinco e pode se integrar dentro de 1,5 Kb, 1,25 Kb, 1,0 Kb, 0,75 Kb, 0,5 Kb ou 0,25 Kb ao sítio-alvo de dedo de zinco. A inserção dentro de uma região

genômica proximal ao sítio-alvo de dedo de zinco é conhecida na técnica, consulte publicação de patente nº U.S. 2010/0257638 A1 (incorporado no presente documento por referência em sua totalidade).

[0148] De acordo com uma modalidade, a sequência não gênica selecionada compreende as características a seguir:

[0149] a sequência não gênica não contém mais do que 1% de metilação de DNA dentro da sequência;

[0150] a sequência não gênica tem um local relativo a partir de uma razão de 0,0984 a 0,973 de distância genômica de um centrômero cromossomal de milho;

[0151] a sequência não gênica tem uma faixa de teor em porcentagem de guanina/citosina de 34,38 a 61,2%; e,

[0152] a sequência não gênica é de cerca de 1 Kb a cerca de 4,9 Kb de comprimento.

Derivados Recombinantes de *Loci* Genômicos Excelentes Identificados de Milho Não Gênico

[0153] De acordo com uma modalidade, após ter identificado *loci* genômicos de *Zea mays* como um local altamente desejável para inserir sequências doadoras de polinucleotídeo, um ou mais ácidos nucleicos de interesse podem ser inseridos no *locus* genômico identificado. Em uma modalidade, o ácido nucleico de interesse compreende sequências genéticas exógenas ou outras sequências doadoras de polinucleotídeo desejáveis. Em outra modalidade, após ter identificado *loci* genômicos de *Zea mays* como um local altamente desejável para inserir sequências doadoras de polinucleotídeo, um ou mais ácidos nucleicos de interesse dos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico podem ser opcionalmente deletados, cortados ou removidos com a integração subsequente do DNA de interesse no *locus* genômico identificado. Em uma modalidade, a inserção de um ácido nucleico de interesse nos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico compreende remoção,

deleção ou excisão das sequências genéticas exógenas ou outras sequências doadoras de polinucleotídeo desejáveis.

[0154] A presente revelação se refere adicionalmente a métodos e composições para integração direcionada no seletor *locus* genômico de *Zea mays* com o uso de ZFNs e uma construção doadora de polinucleotídeo. Os métodos para inserir uma sequência de ácido nucleico de interesse nos *loci* genômicos excelentes de milho não gênico, exceto onde indicado em contrário, usam técnicas convencionais em biologia molecular, bioquímica, análise e estrutura de cromatina, cultura celular, DNA recombinante e campos relacionados que estão incluídos na técnica. Essas técnicas são completamente explicadas na literatura. Consulte, por exemplo, Sambrook et al. MOLECULAR CLONING: A LABORATORY MANUAL, Segunda edição, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989 e Terceira edição, 2001; Ausubel et al., CURRENT PROTOCOLS IN MOLECULAR BIOLOGY, John Wiley & Sons, New York, 1987 e atualizações periódicas; a série METHODS IN ENZYMOLOGY, Academic Press, San Diego; Wolfe, CHROMATIN STRUCTURE AND FUNCTION, Terceira edição, Academic Press, San Diego, 1998; METHODS IN ENZYMOLOGY, Volume 304, "Chromatin" (P. M. Wassarman e A. P. Wolffe, eds.), Academic Press, San Diego, 1999; e METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY, Volume 119, "Chromatin Protocols" (P. B. Becker, ed.) Humana Press, Totowa, 1999.

Métodos para Inserção de Ácido Nucleico no Genoma de Milho

[0155] Qualquer um dos procedimentos bem conhecidos para a introdução de sequências doadoras de polinucleotídeo e sequências de nucleases como uma construção de DNA em células hospedeiras pode ser usada de acordo com a presente revelação. Esses incluem o uso de transfecção por fosfato de cálcio, polibreno, fusão de protoplastos, PEG, eletroporação, métodos ultrassônicos (por exemplo, sonoporação),

lipossomas, microinjeção, DNA nu, vetores plasmídeos, vetores virais, tanto episomais quanto integrativos, e qualquer um dentre outros métodos bem conhecido para a introdução de DNA genômico clonado, cDNA, DNA sintético ou outro material genético estranho em uma célula hospedeira (consulte, por exemplo, Sambrook et al., supra). É apenas necessário que o procedimento de inserção de ácido nucleico particular usado seja capaz de introduzir satisfatoriamente pelo menos um gene na célula hospedeira capaz de expressar a proteína de escolha.

[0156] Conforme observado acima, as construções de DNA podem ser introduzidas no genoma de uma espécie de planta desejada através de uma variedade de técnicas convencionais. Para análises de tais técnicas consulte, por exemplo, Weissbach & Weissbach *Methods for Plant Molecular Biology* (1988, Academic Press, N.Y.) Seção VIII, páginas 421 a 463; e Grierson & Corey, *Plant Molecular Biology* (1988, 2ª Edição), Blackie, London, Capítulos 7 a 9. Uma construção de DNA pode ser diretamente introduzida no DNA genômico da célula de planta que usa técnicas como eletroporação e microinjeção de protoplastos de célula de planta, pela agitação com fibras de carbeto de silício (Consulte, por exemplo, patentes U.S. 5.302.523 e 5.464.765), ou as construções de DNA podem ser diretamente introduzidas em tecido de planta com o uso de métodos biolísticos, como bombardeamento de partícula de DNA (consulte, por exemplo, Klein et al. (1987) *Nature* 327:70 a 73). Alternativamente, a construção de DNA pode ser introduzida na célula de planta por meio de transformação de nanopartícula (consulte, por exemplo, publicação de patente nº U.S. 20090104700, que está incorporado no presente documento a título de referência em sua totalidade). Alternativamente, as construções de DNA podem ser combinadas com regiões de flanqueamento/borda de T-DNA adequadas e introduzidas em um vetor hospedeiro de *Agrobacterium tumefaciens* convencional. As técnicas de transformação mediadas por

Agrobacterium tumefaciens, incluindo desarmamento e uso de vetores binários, são bem descritas na literatura científica. Consulte, por exemplo, Horsch et al. (1984) *Science* 233:496 a 498, e Fraley et al. (1983) *Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA* 80:4.803.

[0157] Adicionalmente, a transferência de genes pode ser alcançada com o uso de bactéria de não *Agrobacterium* ou vírus como NGR234 de *Rhizobium* sp., *Sinorhizobium meliloti*, *Mesorhizobium loti*, vírus X da batata, vírus do mosaico da couve-flor e vírus do mosaico da nervura da mandioca e/ou vírus do mosaico do tabaco. Consulte, por exemplo, Chung et al. (2006) *Trends Plant Sci.* 11(1):1 a 4. As funções de virulência do hospedeiro de *Agrobacterium tumefaciens* direcionarão a inserção de uma fita T contendo a construção e marcador adjacente no DNA da célula de planta quando a célula é infectada pelas bactérias com o uso de vetor binário de T-DNA (Bevan (1984) *Nuc. Acid Res.* 12:8.711 a 8.721) ou o procedimento de cocultivação (Horsch et al. (1985) *Science* 227:1.229 a 1.231). Geralmente, o sistema de transformação por *Agrobacterium* é usado para modificar plantas dicotiledôneas (Bevan et al. (1982) *Ann. Rev. Genet.* 16:357 a 384; Rogers et al. (1986) *Methods Enzymol.* 118:627 a 641). O sistema de transformação por *Agrobacterium* também pode ser usado para transformar, bem como transferir, DNA para plantas monocotiledôneas e células de planta. Consulte, patente nº U.S. 5.591.616; Hernalsteen et al. (1984) *EMBO J.* 3:3.039 a 3.041; Hooykass-Van Slogteren et al. (1984) *Nature* 311:763 e 764; Grimsley et al. (1987) *Nature* 325:1.677 a 2.179; Boulton et al. (1989) *Plant Mol. Biol.* 12:31 a 40; e Gould et al. (1991) *Plant Physiol.* 95:426 a 434.

[0158] Métodos de transformação e transferência de genes alternativos incluem, mas não se limitam a, transformação de protoplastos através de absorção de DNA nu mediada por cálcio, mediada por polietileno glicol (PEG) ou mediada por eletroporação

(consulte, Paszkowski et al. (1984) EMBO J. 3:2.717 a 2.722, Potrykus et al. (1985) Molec. Gen. Genet. 199:169 a 177; Fromm et al. (1985) Proc. Nat. Acad. Sci. USA 82:5.824 a 5.828; e Shimamoto (1989) Nature 338:274 a 276) e eletroporação de tecidos de planta (D'Halluin et al. (1992) Plant Cell 4:1.495 a 1.505). Os métodos adicionais para transformação de célula de planta incluem microinjeção, absorção de DNA mediada por carbeto de silício (Kaeppeler et al. (1990) Plant Cell Reporter 9:415 a 418), e bombardeamento de microprojéteis (consulte, Klein et al. (1988) Proc. Nat. Acad. Sci. USA 85:4.305 a 4.309; e Gordon-Kamm et al. (1990) Plant Cell 2:603 a 618).

[0159] Em uma modalidade, um ácido nucleico de interesse introduzido em uma célula hospedeira para inserção direcionada no genoma compreende sequências de flanqueamento homólogas em uma ou ambas as extremidades do ácido nucleico de interesse alvejado. Em tal modalidade, as sequências de flanqueamento homólogas contêm níveis suficientes de identidade de sequência para uma sequência genômica de milho para suportar recombinação homóloga entre essa e a sequência genômica para a qual essa porta homologia. Aproximadamente 25, 50, 100, 200, 500, 750, 1.000, 1.500 ou 2.000 nucleotídeos ou mais de identidade de sequência, que se situam na faixa de 70% a 100%, entre uma sequência genômica e uma doadora (ou qualquer valor integral entre 10 e 200 nucleotídeos ou mais) suportarão recombinação homóloga entre as mesmas.

[0160] Em outra modalidade, o ácido nucleico de interesse alvejado carece de sequências de flanqueamento homólogas, e o ácido nucleico de interesse alvejado compartilha níveis baixos a muito baixos de identidade de sequência com uma sequência genômica.

[0161] Em outras modalidades de recombinação e/ou substituição e/ou alteração direcionada de uma sequência em uma região de interesse em cromatina celular, uma sequência cromossômica é

alterada por recombinação homóloga com uma sequência nucleotídica "doadora" exógena. Tal recombinação homóloga é estimulada pela presença de uma quebra de fita dupla em cromatina celular, se sequências homólogas à região da quebra estiverem presentes. As quebras de fita dupla em cromatina celular também podem estimular mecanismos celulares de união de extremidades não homólogas. Em qualquer um dos métodos descritos no presente documento, a primeira sequência nucleotídica (a "sequência doadora") pode conter sequências que são homólogas, mas não idênticas, para sequências genômicas na região de interesse, desse modo, estimulando a recombinação homóloga a inserir uma sequência não idêntica na região de interesse. Assim, em certas modalidades, porções da sequência doadora que são homólogas a sequências na região de interesse exibem entre cerca de 80, 85, 90, 95, 97,5 até 99% (ou qualquer valor inteiro entre as mesmas) de identidade de sequência em relação à sequência genômica que é substituída. Em outras modalidades, a homologia entre a sequência doadora e a genômica é maior que 99%, por exemplo, se apenas 1 nucleotídeo se diferir entre a sequência doadora e genômica como acima de 100 pares de base contíguos.

[0162] Em certos casos, uma porção não homóloga da sequência doadora pode conter sequências não presentes na região de interesse, de modo que as novas sequências sejam introduzidas na região de interesse. Nesses casos, a sequência não homóloga é geralmente flanqueada por sequências de 50 a 2.000 pares de base (ou qualquer valor inteiro entre as mesmas) ou qualquer número de pares de base maior que 2.000, que são homólogas ou idênticas a sequências na região de interesse. Em outras modalidades, a sequência doadora é não homóloga à região de interesse, e é inserida no genoma por mecanismos de recombinação não homóloga.

[0163] De acordo com uma modalidade, uma nuclease de dedo de

zinco (ZFN) é usada para introduzir uma quebra de fita dupla em um *locus* genômico alvejado para facilitar a inserção de um ácido nucleico de interesse. A seleção de um sítio-alvo dentro do *locus* genômico selecionado para ligação por um domínio de dedo de zinco pode ser realizada, por exemplo, de acordo com os métodos revelados na patente U.S. 6.453.242, a revelação da mesma está incorporada no presente documento, que também revela métodos para desenhar proteínas de dedo de zinco (ZFPs) para se ligarem a uma sequência selecionada. Ficará evidente aos versados na técnica que a inspeção visual simples de uma sequência nucleotídica também pode ser usada para a seleção de um sítio-alvo. Consequentemente, qualquer meio para seleção de sítio-alvo pode ser usado nos métodos descritos no presente documento.

[0164] Para domínios de ligação ao DNA por ZFP, os sítios-alvos são geralmente compostos por uma pluralidade de subssítios-alvo adjacentes. Um subssítio-alvo se refere à sequência, normalmente a um triplete de nucleotídeo ou a um quadruplete de nucleotídeo que pode se sobrepor por um nucleotídeo com um quadruplete adjacente que está ligado por um dedo de zinco individual. Consulte, por exemplo, o documento nº WO 02/077227, a revelação do mesmo está incorporada no presente documento. Um sítio-alvo tem geralmente um comprimento de pelo menos 9 nucleotídeos e, consequentemente, é ligado por um domínio de ligação de dedo de zinco que compreende pelo menos três dedos de zinco. Entretanto, a ligação de, por exemplo, um domínio de ligação de 4 dedos a um sítio-alvo de 12 nucleotídeos, um domínio de ligação de 5 dedos a um sítio-alvo de 15 nucleotídeos ou um domínio de ligação de 6 dedos a um sítio-alvo de 18 nucleotídeos, é também possível. Conforme será evidente, a ligação de domínios de ligação maiores (por exemplo, de 7, 8, 9 dedos ou mais) com sítios-alvo mais longos é também consistente com a revelação do assunto.

[0165] De acordo com uma modalidade, não é necessário que um sítio-alvo seja um múltiplo de três nucleotídeos. Em casos nos quais interações de fita cruzada ocorrem (consulte, por exemplo, patente U.S. 6.453.242 e WO 02/077227), um ou mais dos dedos de zinco individuais de um domínio de ligação de múltiplos dedos podem se ligar para sobrepor subssítios de quadrupeto. Como resultado, uma proteína de três dedos pode se ligar a uma sequência de 10 nucleotídeos, em que o décimo nucleotídeo é parte de um quadrupeto ligado por um dedo terminal, uma proteína de quatro dedos pode se ligar a uma sequência de 13 nucleotídeos, em que o décimo terceiro nucleotídeo é parte de um quadrupeto ligado por um dedo terminal, etc.

[0166] O comprimento e natureza de sequências ligantes de aminoácido entre dedos de zinco individuais em um domínio de ligação de múltiplos dedos também afetam a ligação com uma sequência-alvo. Por exemplo, a presença de um chamado "ligante não canônico," "ligante comprido" ou "ligante estruturado" entre dedos de zinco adjacentes em um domínio de ligação de múltiplos dedos pode permitir que aqueles dedos se liguem a subssítios que não são imediatamente adjacentes. Os exemplos não limitadores de tais ligantes são descritos, por exemplo, na patente nº U.S. 6.479.626 e WO 01/53480. Consequentemente, um ou mais subssítios, em um sítio-alvo para um domínio de ligação de dedo de zinco, podem ser separados uns dos outros por 1, 2, 3, 4, 5 ou mais nucleotídeos. Um exemplo não limitante seria um domínio de ligação de quatro dedos que se liga a um sítio-alvo de 13 nucleotídeos que compreende, em sequência, dois subssítios de 3 nucleotídeos contíguos, um nucleotídeo interveniente e dois subssítios de tripleto contíguos.

[0167] Embora polipeptídeos de ligação ao DNA identificados a partir de proteínas que existem na natureza se liguem tipicamente a um motivo ou sequência nucleotídica distinta (por exemplo, uma sequência

de reconhecimento de consenso), métodos existem e são conhecidos na técnica por modificar muitos polipeptídeos de ligação ao DNA a fim de reconhecer um motivo ou sequência nucleotídica diferente. Os polipeptídeos de ligação ao DNA incluem, por exemplo, e sem limitação: domínios de ligação ao DNA por dedo de zinco; zíperes de leucina; domínios de ligação ao DNA por UPA; GAL4; TAL; LexA; um repressor Tet; LacR; e um receptor de hormônio esteroide.

[0168] Em alguns exemplos, um polipeptídeo de ligação ao DNA é um dedo de zinco. Os motivos de dedo de zinco individuais podem ser desenhados para direcionar e se ligar especificamente a qualquer dentre uma ampla faixa de sítios de DNA. Os polipeptídeos de dedo de zinco de Cys₂His₂ canônico (bem como Cys₃His não canônico) se ligam ao DNA pela inserção de uma hélice α na lacuna principal da hélice dupla de DNA-alvo. O reconhecimento de DNA por um dedo de zinco é modular; cada dedo entra em contato com primeiramente com três pares de base consecutivos no alvo, e poucos resíduos-chave no polipeptídeo mediam o reconhecimento. Ao incluir múltiplos domínios de ligação ao DNA por dedo de zinco em uma endonuclease de direcionamento, a especificidade de ligação ao DNA da endonuclease de direcionamento pode ser adicionalmente aumentada (e, por conseguinte, a especificidade de quaisquer efeitos regulatórios de gene conferidos pode, desse modo, também ser aumentada). Consulte, por exemplo, Urnov *et al.* (2005) *Nature* 435:646 a 651. Assim, um ou mais polipeptídeos de ligação ao DNA por dedo de zinco podem ser modificados e utilizados, de modo que uma endonuclease de direcionamento introduzida em uma célula hospedeira interaja com uma sequência de DNA que seja exclusiva dentro do genoma da célula hospedeira. De preferência, a proteína de dedo de zinco é de ocorrência não natural, devido ao fato de que é modificada para se ligar a um sítio-alvo de escolha. Consulte, por exemplo, Beerli *et al.* (2002) *Nature*

Biotechnol. 20:135 a 141; Pabo et al. (2001) Ann. Rev. Biochem. 70:313 a 340; Isalan et al. (2001) Nature Biotechnol. 19:656 a 660; Segal et al. (2001) Curr. Opin. Biotechnol. 12:632 a 637; Choo et al. (2000) Curr. Opin. Struct. Biol. 10:411 a 416; patentes nºs U.S. 6.453.242; 6.534.261; 6.599.692; 6.503.717; 6.689.558; 7.030.215; 6.794.136; 7.067.317; 7.262.054; 7.070.934; 7.361.635; 7.253.273; e publicações de patentes nºs U.S. 2005/0064474; 2007/0218528; 2005/0267061, todas incorporadas no presente documento a título de referência em suas totalidades.

[0169] Um domínio de ligação de dedo de zinco modificado pode ter uma especificidade de ligação inovadora, em comparação com uma proteína de dedo de zinco de ocorrência natural. Os métodos de modificação incluem, mas não se limitam a, desenho racional e vários tipos de seleção. Os desenhos racionais incluem, por exemplo, o uso de bases de dados que compreendem sequências nucleotídicas de tripleto (ou quadrupeto) e sequências de aminoácidos de dedo de zinco individuais, em que cada sequência nucleotídica de tripleto ou quadrupeto é associada a uma ou mais sequências de aminoácidos de dedos de zinco que se ligam à sequência de tripleto ou quadrupeto particular. Consulte, por exemplo, patentes cedidas à mesma cessionária de nºs U.S. 6.453.242 e 6.534.261, incorporadas a título de referência no presente documento em suas totalidades.

[0170] Alternativamente, o domínio de ligação ao DNA pode ser derivado de uma nuclease. Por exemplo, as sequências reconhecimento de endonucleases e meganucleases de alojamento como I-SceI, I-CeuI, PI-Pspl, PI-Sce, I-SceIV, I-Csml, I-PanI, I-SceII, I-PpoI, I-SceIII, I-CreI, I-TevI, I-TevII e I-TevIII são conhecidas. Consulte, também, patente nº U.S. 5.420.032; patente nº U.S. 6.833.252; Belfort et al. (1997) Nucleic Acids Res. 25:3.379 a 3.388; Dujon et al. (1989) Gene 82:115 a 118; Perler et al. (1994) Nucleic Acids Res. 22, 1.125 a

1.127; Jasin (1996) Trends Genet. 12:224 a 228; Gimble et al. (1996) J. Mol. Biol. 263:163 a 180; Argast et al. (1998) J. Mol. Biol. 280:345 a 353 e o catálogo New England Biolabs. Adicionalmente, a especificidade de ligação ao DNA de endonucleases e meganucleases de alojamento pode ser modificada para ligar sítios-alvo não naturais. Consulte, por exemplo, Chevalier et al. (2002) Molec. Cell 10:895 a 905; Epinat et al. (2003) Nucleic Acids Res. 31:2.952 a 2.962; Ashworth et al. (2006) Nature 441:656 a 659; Paques et al. (2007) Current Gene Therapy 7:49 a 66; publicação de patente nº U.S. 20070117128.

[0171] Como uma alternativa, o domínio de ligação ao DNA pode ser derivado de uma proteína de zíper de leucina. Os zíperes de leucina são uma classe de proteínas que são envolvidas em interações de proteína-proteína em muitas proteínas regulatórias eucarióticas que são importantes fatores de transcrição associados à expressão genética. O zíper de leucina se refere a um motivo estrutural comum compartilhado nesses fatores transcricionais através de inúmeros reinos incluindo animais, vegetais, leveduras, etc. O zíper de leucina é formado por dois polipeptídeos (homodímeros ou heterodímeros) que se ligam a sequências de DNA específicas em um modo onde os resíduos de leucina são separados igualmente através de uma hélice α , de modo que os resíduos de leucina dos dois polipeptídeos acabem na mesma face da hélice. A especificidade de ligação ao DNA de zíperes de leucina pode ser utilizada nos domínios de ligação ao DNA revelados no presente documento.

[0172] Em algumas modalidades, o domínio de ligação ao DNA é um domínio modificado a de um efector TAL derivado do patógeno vegetal *Xanthomonas* (consulte, Miller et al. (2011) Nature Biotechnology 29(2):143 a 148; Boch et al, (2009) Science 29 de outubro de 2009 (10.1126/science.117881) e Moscou e Bogdanove, (2009) Science 29 de outubro de 2009 (10.1126/science.1178817; e

publicações de patente nºs U.S. 20110239315, 20110145940 e 20110301073).

[0173] O sistema de nuclease CRISPR (Repetições Palindrômicas Curtas Regularmente Interespaçadas e Aglomeradas)/Cas (CRISPR Associadas) é um sistema de nuclease recentemente modificado baseado em um sistema bacteriano que pode ser usado para a modificação de genoma. É baseado em parte da resposta imunológica adaptativa de muitas bactérias e Archea. Quando um vírus ou plasmídeo invade uma bactéria, segmentos do DNA do inovador são convertidos em CRISPR RNAs (crRNA) pela resposta "imunológica". Esse crRNA, então, se associa, através de uma região de complementaridade parcial, a outro tipo de RNA chamado tracrRNA para guiar a nuclease Cas9 a uma região homóloga ao crRNA no DNA-alvo chamado um "protoespaçador". A Cas9 cliva o DNA para gerar extremidades cegas na DSB em sítios especificados por uma sequência guia de 20 nucleotídeos contida dentro do transcrito de crRNA. A Cas9 exige o crRNA e o tracrRNA para clivagem e reconhecimento de DNA sítio-específico. Esse sistema foi atualmente modificado, de modo que o crRNA e tracrRNA possam ser combinados em uma molécula (o "RNA guia único"), e a porção equivalente de crRNA do RNA guia único pode ser modificada para guiar a nuclease Cas9 para direcionar qualquer sequência desejada (consulte, Jinek et al (2012) Science 337, páginas 816 a 821, Jinek et al, (2013), eLife 2:e00471, e David Segal, (2013) eLife 2:e00563). Assim, o sistema CRISPR/Cas pode ser modificado para criar uma quebra de fita dupla (DSB) em um alvo desejado em um genoma, e o reparo da DSB pode ser influenciado pelo uso de inibidores de reparo para causar um aumento no reparo de erro propenso.

[0174] Em certas modalidades, a proteína Cas pode ser um "derivado funcional" de uma proteína Cas de ocorrência natural. Um "derivado funcional" de um polipeptídeo de sequência nativa é um

composto que tem uma propriedade biológica qualitativa em comum com um polipeptídeo de sequência nativa. Os "derivados funcionais" incluem, mas não se limitam a, fragmentos de uma sequência nativa e derivados de um polipeptídeo de sequência nativa e os fragmentos do mesmo, fornecidos de modo que tenham uma atividade biológica em comum com um polipeptídeo de sequência nativa correspondente. Uma atividade biológica contemplada no presente documento é a capacidade que o derivado funcional tem em hidrolisar um substrato de DNA em fragmentos. O termo "derivado" abrange variantes de sequência de aminoácidos de polipeptídeo, modificações covalentes e fusões das mesmas. Os derivados adequados de um polipeptídeo Cas ou um fragmento do mesmo incluem, mas não se limitam a, mutantes, fusões, modificações covalentes de proteína Cas ou um fragmento da mesma. A proteína Cas, que inclui proteína Cas ou um fragmento da mesma, bem como derivados de proteína Cas ou um fragmento da mesma, pode ser obtida a partir de uma célula ou sintetizada quimicamente ou por uma combinação desses dois procedimentos. A célula pode ser uma célula que produz naturalmente a proteína Cas ou uma célula que produz naturalmente a proteína Cas e é geneticamente modificada para produzir a proteína Cas endógena em um nível de expressão superior ou para produzir uma proteína Cas a partir de um ácido nucleico introduzido exogenamente, cujo ácido nucleico codifica uma Cas que é igual ou diferente da Cas endógena. Em alguns casos, a célula não produz naturalmente a proteína Cas e é geneticamente modificada para produzir uma proteína Cas. A proteína Cas é implantada em células mamíferas (e putativamente dentro de células vegetais) pela coexpressão da nuclease Cas com o RNA guia. As duas formas de RNAs guia podem ser usadas para facilitar a clivagem do genoma mediada por Cas conforme revelado em Le Cong, F., *et al.*, (2013) *Science* 339(6121):819 a 823.

[0175] Em outras modalidades, o domínio de ligação ao DNA pode ser associado com um domínio de clivagem (nuclease). Por exemplo, as endonucleases de alojamento podem ser modificadas na especificidade de ligação ao DNA das mesmas, enquanto retêm a função de nuclease. Adicionalmente, as proteínas de dedo de zinco também podem ser fundidas a um domínio de clivagem para formar uma nuclease de dedo de zinco (ZFN). A porção de domínio de clivagem das proteínas de fusão reveladas no presente documento pode ser obtida a partir de qualquer endonuclease ou exonuclease. As endonucleases exemplificadoras a partir das quais um domínio de clivagem pode ser derivado incluem, mas não se limitam a, endonucleases de restrição e endonucleases de alojamento. Consulte, por exemplo, Catálogo 2002-2003, New England Biolabs, Beverly, MA; e Belfort et al. (1997) *Nucleic Acids Res.* 25:3.379 a 3.388. As enzimas adicionais que clivam DNA são conhecidas (por exemplo, S1 Nuclease; nuclease do feijão mungo; DNase I pancreática; nuclease microcócica; endonuclease HO de levedura; consulte, também, Linn et al. (eds.) *Nucleases*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1993). Os exemplos não limitadores de endonucleases e meganucleases de alojamento incluem I-SceI, I-CeuI, PI-PspI, PI-Sce, I-SceIV, I-Csml, I-PanI, I-SceII, I-PpoI, I-SceIII, I-CreI, I-TevI, I-TevII e I-TevIII e são conhecidos. Consulte, também, a patente nº U.S. 5.420.032; patente nº U.S. 6.833.252; Belfort et al. (1997) *Nucleic Acids Res.* 25:3.379 a 3.388; Dujon et al. (1989) *Gene* 82:115 a 118; Perler et al. (1994) *Nucleic Acids Res.* 22, 1.125 a 1.127; Jasin (1996) *Trends Genet.* 12:224 a 228; Gimble et al. (1996) *J. Mol. Biol.* 263:163 a 180; Argast et al. (1998) *J. Mol. Biol.* 280:345 a 353 e o catálogo New England Biolabs. Uma ou mais dessas enzimas (ou fragmentos funcionais das mesmas) podem ser usadas como uma fonte de domínios de clivagem e meios domínios de clivagem.

[0176] As endonucleases de restrição (enzimas de restrição) estão

presentes em muitas espécies e têm a capacidade de uma ligação sequência-específica ao DNA (em um sítio de reconhecimento), e clivagem de DNA em ou próximo ao sítio de ligação. Determinadas enzimas de restrição (por exemplo, Tipo IIS) clivam DNA em sítios removidos do sítio de reconhecimento e têm ligação e domínios de clivagem separáveis. Por exemplo, a enzima FokI Tipo IIS catalisa uma clivagem de fita dupla de DNA, em 9 nucleotídeos a partir do sítio de reconhecimento da mesma em uma das fitas e 13 nucleotídeos do sítio de reconhecimento da mesma na outra. Consulte, por exemplo, as patentes U.S. 5.356.802; 5.436.150 e 5.487.994; bem como Li et al. (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:4.275 a 4.279; Li et al. (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:2.764 a 2.768; Kim et al. (1994a) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:883 a 887; Kim et al. (1994b) J. Biol. Chem. 269:31.978 a 31.982. Assim, em uma modalidade, as proteínas de fusão compreendem o domínio de clivagem (ou meio domínio de clivagem) a partir de pelo menos uma enzima de restrição Tipo IIS e um ou mais domínios de ligação de dedo de zinco, que podem ou não ser modificados.

[0177] Uma enzima de restrição Tipo IIS exemplificadora, cujo domínio de clivagem é separável do domínio de ligação, é FokI. Essa enzima particular é ativa como um dímero. Bitinaite et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95: 10.570 a 10.575. Consequentemente, para os propósitos da presente revelação, a porção da enzima FokI usada nas proteínas de fusão reveladas é considerada como um meio domínio de clivagem. Assim, para a substituição direcionada e/ou clivagem de fita dupla direcionada de sequências celulares com o uso de fusões entre dedo de zinco-FokI, duas proteínas de fusão, cada uma compreendendo um meio domínio de clivagem FokI, podem ser usadas para reconstituir um domínio de clivagem cataliticamente ativo. Alternativamente, uma única molécula de polipeptídeo contendo um

domínio de ligação de dedo de zinco e dois meios domínios de clivagem de FokI pode também ser usada. Os parâmetros para a alteração de sequência direcionada e clivagem direcionada com o uso de fusões entre dedo de zinco-FokI são fornecidos em outro lugar nessa revelação.

[0178] Um domínio de clivagem ou meio domínio de clivagem pode ser qualquer porção de uma proteína que retenha a atividade de clivagem ou que retenha a habilidade de multimerização (por exemplo, dimerização) para formar um domínio de clivagem funcional. As enzimas de restrição Tipo IIS exemplificadoras são descritas na publicação internacional WO 2007/014275, incorporada a título de referência no presente documento em sua totalidade.

[0179] Para acentuar a especificidade de clivagem, os domínios de clivagem também podem ser modificados. Em certas modalidades, variantes do meio domínio de clivagem são empregadas para minimizar ou evitar a homodimerização dos meios domínios de clivagem. Os exemplos não limitadores de tais meios domínios de clivagem modificados são descritos em detalhes no documento nº WO 2007/014275, incorporado por referência em sua totalidade no presente documento. Em certas modalidades, o domínio de clivagem compreende um meio domínio de clivagem modificado (também referido como mutantes de domínio de dimerização) que minimiza ou evita a homodimerização. Tais modalidades são conhecidas dos versados na técnica e descritas, por exemplo, nas publicações de patente nºs U.S. 20050064474; 20060188987; 20070305346 e 20080131962, as revelações de todas essas estão aqui incorporadas a título de referência em suas totalidades. Os resíduos de aminoácidos em posições 446, 447, 479, 483, 484, 486, 487, 490, 491, 496, 498, 499, 500, 531, 534, 537 e 538 da FokI são todos alvos para influenciar a dimerização dos meios domínios de clivagem de FokI.

[0180] Os meios domínios de clivagem de FokI modificados adicionais que formam heterodímeros obrigatórios também podem ser usados nas ZFNs descritas no presente documento. Os meios domínios de clivagem de FokI modificados exemplificadores que formam heterodímeros obrigatórios incluem um par no qual um primeiro meio domínio de clivagem inclui mutações em resíduos de aminoácidos em posições 490 e 538 de FokI e um segundo meio domínio de clivagem inclui mutações em resíduos de aminoácidos 486 e 499. Em uma modalidade, uma mutação em 490 substitui Glu (E) por Lys (K); a mutação em 538 substitui Iso (I) por Lys (K); a mutação em 486 substituiu Gln (Q) por Glu (E); e a mutação na posição 499 substitui Iso (I) por Lys (K). Especificamente, os meios domínios de clivagem modificados descritos no presente documento foram preparados através da mutação de posições 490 (E→K) e 538 (I→K) em um meio domínio de clivagem para produzir um meio domínio de clivagem modificado designado "E490K:I538K" e pela mutação de posições 486 (Q→E) e 499 (I→L) em outro meio domínio de clivagem para produzir um meio domínio de clivagem modificado designado "Q486E:I499L". Os meios domínios de clivagem modificados descritos no presente documento são mutantes de heterodímeros obrigatórios nos quais a clivagem anormal é minimizada ou abolida. Consulte, por exemplo, publicação de patente nº U.S. 2008/0131962, a revelação da mesma está incorporada a título de referência em sua totalidade para todos os propósitos. Em certas modalidades, o meio domínio de clivagem modificado compreende mutações em posições 486, 499 e 496 (numeradas em relação à FokI do tipo selvagem), por exemplo, mutações que substituem o resíduo de Gln (Q) do tipo selvagem na posição 486 por um resíduo de Glu (E), o resíduo de Iso (I) do tipo selvagem na posição 499 por um resíduo de Leu (L) e o resíduo de Asn (N) do tipo selvagem na posição 496 por um resíduo de Asp (D) ou de

Glu (E) (também referido como domínios "ELD" e "ELE", respectivamente). Em outras modalidades, o meio domínio de clivagem modificado compreende mutações nas posições 490, 538 e 537 (numeradas em relação à FokI do tipo selvagem), por exemplo, mutações que substituem o resíduo de Glu (E) do tipo selvagem na posição 490 por um resíduo de Lys (K), o resíduo de Iso (I) do tipo selvagem na posição 538 por um resíduo de Lys (K), e o resíduo de His (H) do tipo selvagem na posição 537 por um resíduo de Lys (K) ou um resíduo de Arg (R) (também referido como domínios "KKK" e "KKR", respectivamente). Em outras modalidades, o meio domínio de clivagem modificado compreende mutações nas posições 490 e 537 (numeradas em relação à FokI do tipo selvagem), por exemplo, mutações que substituem o resíduo de Glu (E) do tipo selvagem na posição 490 por um resíduo de Lys (K) e o resíduo de His (H) do tipo selvagem na posição 537 por um resíduo de Lys (K) ou um resíduo de Arg (R) (também referidos como domínios "KIK" e "KIR", respectivamente). (Ver publicação de patente nº U.S. 20110201055). Em outras modalidades, o meio domínio de clivagem modificado compreende as mutações "Sharkey" e/ou "Sharkey" (ver, Guo et al, (2010) J. Mol. Biol. 400(1):96 a 107).

[0181] Os meios domínios de clivagem modificados descritos no presente documento podem ser preparados com o uso de qualquer método adequado, por exemplo, por mutagênese sítio-direcionada de meios domínios de clivagem (FokI) do tipo selvagem conforme descrito nas publicações de patente nºs U.S. 20050064474; 20080131962; e 20110201055. Alternativamente, as nucleases podem ser montadas *in vivo* no sítio-alvo de ácido nucleico com o uso da tecnologia chamada "enzima de divisão" (consulte, por exemplo, publicação de patente nº U.S. 20090068164). Os componentes de tais enzimas de divisão podem ser expressos em construções de expressão separadas ou podem ser

unidas em um quadro aberto de leitura, onde os componentes individuais são separados, por exemplo, por uma sequência IRES ou peptídeo 2A de autoclivagem. Os componentes podem ser domínios de ligação de dedo de zinco individuais ou domínios de um domínio que se liga ao ácido nucleico de meganuclease.

[0182] As nucleases podem ser triadas para atividade antes do uso, por exemplo, em um sistema cromossômico à base de leveduras conforme descrito nos documentos nºs WO 2009/042163 e 20090068164. As construções de expressão de nuclease podem ser prontamente desenhadas com o uso de métodos conhecidos na técnica. Consulte, por exemplo, as publicações de patente nºs U.S. 20030232410; 20050208489; 20050026157; 20050064474; 20060188987; 20060063231; e a publicação internacional WO 07/014275. A expressão da nuclease pode estar sob o controle de um promotor constitutivo ou um promotor induzível, por exemplo, o promotor de galactocinase que é ativado (desreprimido) na presença de rafinose e/ou galactose e reprimido na presença de glicose.

[0183] A distância entre sítios-alvo se refere à quantidade de nucleotídeos ou pares de nucleotídeos intervenientes entre dois sítios-alvo conforme medido a partir da borda das sequências mais próximas umas das outras. Em certas modalidades nas quais a clivagem depende da ligação entre duas moléculas de fusão - domínio de dedo de zinco/meio domínio de clivagem - para separar sítios-alvo, os dois sítios-alvo podem estar em fitas de DNA opostas. Em outras modalidades, ambos os sítios-alvo estão na mesma fita de DNA. Para a integração direcionada no *locus* genômico excelente, uma ou mais ZFPs são desenhadas para se ligar a um sítio-alvo em ou próximo ao sítio de clivagem predeterminado, e uma proteína de fusão que compreende o domínio de ligação ao DNA modificado e um domínio de clivagem é expressa na célula. Mediante a ligação da porção de dedo de zinco da

proteína de fusão ao sítio-alvo, o DNA é clivado, de preferência, por meio de uma quebra de fita dupla, próxima ao sítio-alvo pelo domínio de clivagem.

[0184] A presença de uma quebra de fita dupla no *locus* genômico excelente facilita a integração de sequências exógenas por meio de recombinação homóloga. Assim, em uma modalidade, o polinucleotídeo que compreende a sequência de ácido nucleico de interesse a ser inserida no *locus* genômico direcionado incluirá uma ou mais regiões de homologia com o *locus* genômico alvejado para facilitar a recombinação homóloga.

[0185] Adicionalmente às moléculas de fusão descritas no presente documento, a substituição direcionada de uma sequência genômica selecionada também envolve a introdução de uma sequência doadora. A sequência doadora polinucleotídica pode ser introduzida na célula antes de, concomitante com ou subsequente à expressão da(s) proteína(s) de fusão. Em uma modalidade, o polinucleotídeo doador contém homologia suficiente para o *locus* genômico excelente para suportar a recombinação homóloga entre esse e a sequência genômica de *locus* genômico excelente para a qual o mesmo porta a homologia. Aproximadamente 25, 50, 100, 200, 500, 750, 1.000, 1.500, 2.000 nucleotídeos ou mais de homologia de sequência entre uma sequência doadora e uma sequência genômica, ou um valor inteiro qualquer entre 10 e 2.000 nucleotídeos ou mais, suportará a recombinação homóloga. Em certas modalidades, os braços de homologia são menos que 1.000 pares de base de comprimento. Em outras modalidades, os braços de homologia são menos que 750 pares de base de comprimento. Em uma modalidade, as sequências polinucleotídicas doadoras podem compreender uma molécula de vetor contendo sequências que não são homólogas à região de interesse em cromatina celular. Uma molécula polinucleotídica doadora pode conter inúmeras regiões descontínuas de

homologia para cromatina celular. Por exemplo, para a inserção direcionada de sequências não presentes normalmente em uma região de interesse, as ditas sequências podem estar presentes em uma molécula de ácido nucleico doadora e flanqueada por regiões de homologia em sequência na região de interesse. O polinucleotídeo doador pode ser de fita dupla ou fita simples de DNA ou RNA e pode ser introduzido em uma célula em forma linear ou circular. Consulte, por exemplo, as publicações de patente nºs U.S. 20100047805, 20110281361, 20110207221 e pedido nº U.S. 13/889.162. Se for introduzido em forma linear, as extremidades da sequência doadora podem ser protegidas (por exemplo, contra a degradação exonucleolítica) por métodos conhecidos dos versados na técnica. Por exemplo, um ou mais resíduos de didesoxinucleotídeo são adicionados à terminação 3' de uma molécula linear e/ou oligonucleotídeos autocomplementares são ligados a uma ou ambas as extremidades. Consulte, por exemplo, Chang *et al.* (1987) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 84:4.959 a 4.963; Nehls *et al.* (1996) *Science* 272:886 a 889. Os métodos adicionais para a proteção de polinucleotídeos exógenos contra a degradação incluem, mas não se limitam a, adição de grupo(s) de amino terminal e o uso de uniões internucleotídicas modificadas como, por exemplo, fosforotioatos, fosforamidatos e resíduos de O-metil ribose ou de desoxirribose.

[0186] De acordo com uma modalidade, um método de preparo de uma planta de milho transgênica é fornecido, em que um DNA de interesse é inserido em um *locus* genômico de milho não gênico excelente. O método compreende as etapas de:

[0187] selecionar um *locus* excelente de milho não gênico como um alvo para a inserção do ácido nucleico de interesse;

[0188] introduzir uma nuclease sítio-específica em uma célula de planta de milho, em que a nuclease sítio-específica cliva a sequência

não gênica;

[0189] introduzir o DNA de interesse na célula de planta; e

[0190] selecionar células de planta transgênicas que compreendem o DNA de interesse alvejado para a dita sequência não gênica.

[0191] De acordo com uma modalidade, um método para preparar uma célula de protoplasto de milho transgênica é fornecido em que um DNA de interesse foi inserido em um *locus* genômico excelente de milho não gênico. O método compreende as etapas de:

[0192] selecionar um *locus* excelente de milho não gênico como um alvo para a inserção do ácido nucleico de interesse;

[0193] introduzir uma nuclease específica quanto ao sítio em uma célula de protoplasto de milho, em que a nuclease específica quanto ao sítio cliva a sequência não gênica;

[0194] introduzir o DNA de interesse na célula de protoplasto de milho; e

[0195] selecionar a célula de protoplasto de milho transgênica que compreende o DNA de interesse alvejado à dita sequência não gênica.

[0196] Em uma modalidade, a nuclease específica quanto ao sítio é selecionada dentre o grupo que consiste em uma nuclease Dedo de Zinco, uma nuclease CRISPR, uma nuclease TALEN, ou uma meganuclease e, mais especificamente, em uma modalidade, a nuclease específica quanto ao sítio é uma nuclease Dedo de Zinco. De acordo com uma modalidade, o DNA de interesse está integrado no interior da dita sequência não gênica através de um método de integração de reparo direcionado por homologia. Alternativamente, em algumas modalidades, o DNA de interesse está integrado no interior da dita sequência não gênica através de um método de integração de união de extremidade não homóloga. Em modalidades adicionais, o DNA de interesse está integrado no interior da dita sequência não gênica através de um método de integração não descrito anteriormente. Em uma

modalidade, o método compreende selecionar um *locus* genômico excelente de milho não gênico para a inserção direcionada de um DNA de interesse que tem 2, 3, 4, 5, 6, 7 ou 8 das seguintes características:

[0197] a sequência não gênica tem pelo menos 1 Kb de comprimento e não contém mais que 1% de metilação de DNA no interior da sequência;

[0198] a sequência não gênica exibe uma taxa de 0,00041 para 62,42 cM/Mb de recombinação no interior do genoma de milho;

[0199] a sequência não gênica exibe um nível de 0 a 0,962 de ocupação de nucleossomos do genoma de milho;

[0200] a sequência não gênica compartilha menos que 40% de identidade de sequência com qualquer outra sequência contida no genoma de milho;

[0201] a sequência não gênica tem uma razão de valor relativo de local de 0,00373 para 0,99908 de distância genômica de um centrômero cromossômico de milho;

[0202] a sequência não gênica tem uma faixa de porcentagem de guanina/citosina de 25,17 a 68,3%;

[0203] a sequência não gênica está localizada próxima a uma sequência gênica; e,

[0204] uma região de 1 Mb de sequência genômica de milho que compreende a dita sequência não gênica compreende uma ou mais sequências não gênicas adicionais. Em uma modalidade, o *locus* excelente de milho não gênico é selecionado a partir de loci do aglomerado 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31 ou 32.

Entrega

[0205] As moléculas doadoras reveladas neste documento estão integradas no interior de um genoma de uma célula através de métodos independentes de homologia e/ou dependentes de homologia

alvejados. Para tal integração direcionada, o genoma é clivado em um local desejado (ou locais) com o uso de uma nuclease, por exemplo, uma fusão entre um domínio de ligação ao DNA (por exemplo, domínio de ligação dedo de zinco, o domínio efetor de CRISPR ou TAL é modificado para se ligar a um sítio-alvo em um sítio de clivagem predeterminado ou próximo ao mesmo) e domínio de nuclease (por exemplo, domínio de clivagem ou meio domínio de clivagem). Em determinadas modalidades, duas proteínas de fusão, em que cada uma compreende um domínio de ligação ao DNA e um meio domínio de clivagem, são expressas em uma célula e se ligam aos sítios-alvo que estão justapostos de tal modo que um domínio de clivagem funcional seja reconstituído e o DNA seja clivado nas adjacências dos sítios-alvo. Em uma modalidade, a clivagem ocorre entre os sítios-alvo dos dois domínios de ligação ao DNA. Um dos ou ambos os domínios de ligação ao DNA podem ser modificados. *Consulte, também,* a Patente nº U.S. 7.888.121; a Publicação de Patente nº U.S. 20050064474 e as Publicações de Patente Internacionais nºs U.S. WO05/084190, WO05/014791 e WO 03/080809.

[0206] As nucleases conforme descritas neste documento podem ser introduzidas como polipeptídeos e/ou polinucleotídeos. Por exemplo, dois polinucleotídeos, sendo que cada um compreende as sequências que codificam um dentre os polipeptídeos supracitados, podem ser introduzidos em uma célula e quando os polipeptídeos são expressos e cada um se liga à sequência-alvo dos mesmos, a clivagem ocorre na sequência-alvo ou próxima à mesma. Alternativamente, um único polinucleotídeo, que compreende as sequências que codificam ambos os polipeptídeos de fusão, é introduzido em uma célula. Os polinucleotídeos podem ser DNA, RNA ou quaisquer formas modificadas ou análogos ou DNA e/ou RNA.

[0207] Após a introdução de uma quebra de fita dupla na região de

interesse, o transgene é integrado à região de interesse de uma maneira direcionada através de métodos dependentes de não homologia (por exemplo, união de extremidade não homóloga (NHEJ)) seguida pela linearização de uma molécula doadora de fita dupla conforme descrito neste documento. O doador de fita dupla é, preferencialmente linearizado *in vivo* com uma nuclease, por exemplo, uma ou mais da mesma ou de diferentes nucleases que são usadas para introduzir a quebra de fita dupla no genoma. A clivagem sincronizada do cromossomo e do doador na célula pode limitar a degradação de DNA doador (em comparação com a linearização da molécula doadora antes da introdução na célula). Os sítios-alvo de nuclease usados para a linearização do doador, preferencialmente, não perturba a(s) sequência(s) de transgene(s).

[0208] O transgene pode ser integrado ao genoma na direção esperada por meio de ligação simples das saliências de nuclease (orientação designada "para frente" ou "AB") ou na direção alternada (orientação designada "inversa" ou "BA"). Em determinadas modalidades, o transgene é integrado após a ligação precisa das saliências de cromossomo e do doador. Em outras modalidades, a integração do transgene tanto na orientação BA quanto a AB resulta na deleção de diversos nucleotídeos.

[0209] Através da aplicação de conjuntos de procedimentos tais como esses, as células de, virtualmente, quaisquer espécies podem ser transformadas de maneira estável. Em algumas modalidades, DNA de transformação é integrado ao genoma da célula hospedeira. No caso de espécies multicelulares, as células transgênicas podem ser regeneradas em um organismo transgênico. Qualquer um de tais conjuntos de procedimentos pode ser usado para produzir uma planta transgênica, por exemplo, que compreende uma ou mais sequências ácidas de polinucleotídeo doador no genoma da planta transgênica.

[0210] A entrega de ácidos nucleicos pode ser introduzida em uma célula de planta nas modalidades da invenção por qualquer método conhecido pelos elementos versados na técnica, incluindo, por exemplo, e sem limitação: através da transformação de protoplastos (consulte, por exemplo, a Patente nº U.S. 5.508.184); através de aceitação de DNA mediada por dessecação/inibição (consulte, por exemplo, Potrykus *et al.* (1985) Mol. Gen. Genet. 199:183 a 188); através de eletroporação (Consulte, por exemplo, a Patente nº U.S. 5.384.253); através de agitação com fibras de carboneto de silício (Consulte, por exemplo, as Patentes nºs U.S. 5.302.523 e 5.464.765); através de transformação mediada por *Agrobacterium* (Consulte, por exemplo, as Patentes nºs U.S. 5.563.055, 5.591.616, 5.693.512, 5.824.877, 5.981.840 e 6.384.301); através de aceleração de partículas revestidas com DNA (Consulte, por exemplo, as Patentes nºs U.S. 5.015.580, 5.550.318, 5.538.880, 6.160.208, 6.399.861 e 6.403.865) e através de peptídeos de penetração de célula, Nanopartículas e nanotransportadores (documentos nºs WO201126644A2; WO2009046384A1; WO2008148223A1) nos métodos para entrega de DNA, RNA, Peptídeos e/ou proteínas ou combinações de ácidos nucleicos e peptídeos em células de planta.

[0211] O método mais amplamente utilizado para introduzir um vetor de expressão em plantas é baseado no sistema de transformação natural de *Agrobacterium*. *A. tumefaciens* e *A. rhizogenes* são bactérias de solo patogênicas de planta que transformam geneticamente as células de planta. Os plasmídeos T_i e R_i de *A. tumefaciens* e *A. rhizogenes*, respectivamente, transportam genes responsáveis pela transformação genética da planta. Os plasmídeos T_i (de indução de tumor) contêm um grande segmento, conhecido como T-DNA, que é transferido para plantas transformadas. Outro segmento do plasmídeo T_i, a região vir, é responsável pela transferência de T-DNA. A região de T-DNA é contornada pelos contornos de mão esquerda e mão direita

que são, cada um, compostos por sequências nucleotídicas repetidas terminais. Em alguns vetores binários modificados, os genes de indução de tumor foram deletados e as funções da região vir são utilizadas para transferir o DNA estranho contornado pelas sequências de contorno de T-DNA. A T-região também pode conter, por exemplo, um marcador selecionável para a recuperação eficaz de plantas e células transgênicas e um sítio de múltiplas clonagens para inserir as sequências para a transferência, tais como um ácido nucleico que codifica uma proteína de fusão da invenção.

[0212] Dessa forma, em algumas modalidades, um vetor de transformação de planta é derivado de um plasmídeo T_i de *A. tumefaciens* (Consulte, por exemplo, as Patentes nºs U.S. 4.536.475, 4.693.977, 4.886.937 e 5.501.967; e a Patente Europeia nº EP 0 122 791) ou um plasmídeo R_i de *A. rhizogenes*. Os vetores de transformação de planta adicionais incluem, por exemplo, e sem limitação, aqueles descritos por Herrera-Estrella *et al.* (1983) Nature 303:209 a 213; Bevan *et al.* (1983), *supra*; Klee *et al.* (1985) Bio/Technol. 3:637 a 642; e na Patente Europeia nº EP 0 120 516 e aqueles derivados de qualquer um dos documentos supracitados. Outras bactérias, tais como *Sinorhizobium*, *Rhizobium* e *Mesorhizobium*, que naturalmente interagem com as plantas podem ser modificadas para mediar a transferência de gene para diversas plantas. Tais bactérias simbióticas associadas a planta podem se tornar competentes para a transferência de gene através da aquisição tanto de um plasmídeo T_i desarmado quanto um vetor binário adequado.

Ácido Nucleico de Interesse

[0213] As sequências doadoras de polinucleotídeo para a inserção direcionada em um *locus* genômico de milho, tipicamente, variam de comprimento na faixa de cerca de 10 a cerca de 5.000 nucleotídeos. Entretanto, os nucleotídeos substancialmente mais longos, de até

20.000 nucleotídeos podem ser usados, incluindo as sequências de cerca de 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 e 12 Kb de comprimento. Adicionalmente, as sequências doadoras podem compreender uma molécula de vetor que contém as sequências que não são homólogas à região substituída. Em uma modalidade, o ácido nucleico de interesse irá incluir uma ou mais regiões que compartilham a homologia com os *loci* genômicos alvejados. Em geral, a(s) região(ões) homóloga(s) da sequência de interesse de ácido nucleico terá(ão) pelo menos 50% de identidade de sequência com uma sequência genômica com a qual a recombinação é desejável. Em determinadas modalidades, a(s) região(ões) homóloga(s) do ácido nucleico de interesse compartilha(m) 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 98%, 99% ou 99,9% de identidade de sequência com as sequências localizadas no *locus* genômico alvejado. Entretanto, qualquer valor entre 1% e 100% de identidade de sequência pode estar presente, dependendo do comprimento do ácido nucleico de interesse.

[0214] Um ácido nucleico de interesse pode conter diversas regiões descontínuas de sequência que compartilham uma identidade relativamente alta de sequência com a cromatina celular. Por exemplo, para a inserção direcionada de sequências não presentes normalmente em um *locus* genômico alvejado, as sequências únicas podem estar presentes em uma molécula de ácido nucleico doadora e flanqueada por regiões de sequências que compartilham uma identidade de sequência relativamente alta com uma sequência presente no *locus* genômico alvejado.

[0215] Um ácido nucleico de interesse também pode ser inserido em um *locus* genômico alvejado para servir como um reservatório para o uso posterior. Por exemplo, uma primeira sequência de ácido nucleico que compreende as sequências homólogas a uma região não gênica do genoma de milho, porém, que contém um ácido nucleico de interesse (que codifica, opcionalmente, uma ZFN sob o controle de um promotor

induzível), pode ser inserida em um *locus* genômico alvejado. Em seguida, uma segunda sequência de ácido nucleico é introduzida na célula para induzir a inserção de um DNA de interesse em um *locus* genômico excelente de milho não gênico. Ou primeira sequência de ácido nucleico compreende ZFNs específicas para o *locus* genômico excelente de milho não gênico e a segunda sequência de ácido nucleico compreende a sequência de interesse de DNA ou vice versa. Em uma modalidade, a ZFN irá clivar tanto o *locus* genômico excelente de milho não gênico quanto o ácido nucleico de interesse. A quebra de fita dupla resultante no genoma pode, então, se tornar o sítio de integração para o ácido nucleico de interesse liberado a partir do *locus* genômico excelente. Alternativamente, a expressão de uma ZFN já localizada no genoma pode ser induzida após a introdução do DNA de interesse para induzir uma quebra de fita dupla no genoma que pode, então, se tornar o sítio de integração para o ácido nucleico de interesse introduzido. De tal maneira, a eficiência da integração direcionada de um DNA de interesse em qualquer região de interesse pode ser aprimorada devido ao fato de que o método não depende de aceitação simultânea de ambos os ácidos nucleicos que codificam as ZFNs e o DNA de interesse.

[0216] Um ácido nucleico de interesse pode, também, ser inserido em um *locus* genômico excelente de milho não gênico para servir como um sítio-alvo para as inserções subsequentes. Por exemplo, um ácido nucleico de interesse que compreende sequências de DNA que contêm sítios de reconhecimento para desenhos de ZFN adicionais podem ser inseridos no *locus*. Subsequentemente, os desenhos de ZFN adicionais podem ser gerados e expressos nas células de modo que o ácido nucleico de interesse original seja clivado e modificado através de recombinação homóloga ou de reparo. De tal modo, as integrações reiterativas de ácido nucleico de interesses podem ocorrer no *locus*

genômico excelente de milho não gênico.

[0217] As sequências exógenas exemplificadoras que podem ser inseridas em um *locus* genômico excelente de milho não gênico incluem, mas sem limitações: qualquer sequência de codificação de polipeptídeo (por exemplo, cDNAs), promotor, intensificador e outras sequências reguladoras (por exemplo, sequências de RNA de interferência, cassetes de expressão de shRNA, etiquetas de epítipo, genes marcadores, sítios de reconhecimento de enzima de clivagem e vários tipos de construções de expressão. Tais sequências podem ser prontamente obtidas com o uso de conjuntos de procedimentos-padrão biológicos moleculares (clonagem, síntese, etc.) e/ou estão disponíveis comercialmente.

[0218] Para expressar as ZFNs, as sequências que codificam as proteínas de fusão são, tipicamente, subclonadas em um vetor de expressão que contém um promotor para direcionar a transcrição. Os promotores procarióticos e eucarióticos adequados são bem conhecidos na técnica e descritos, por exemplo, em Sambrook et al., *Molecular Cloning, A Laboratory Manual* (2ª edição 1989; 3.sup.rd ed., 2001); Kriegler, *Gene Transfer and Expression: A Laboratory Manual* (1990); e *Current Protocols in Molecular Biology* (Ausubel et al., supra. Os sistemas de expressão bacteriana para expressar as ZFNs estão disponíveis em, por exemplo, *E. coli*, *Bacillus* sp., e *Salmonella* (Palva et al., *Gene* 22:229 a 235 (1983)). Os kits para tais sistemas de expressão estão comercialmente disponíveis. Os sistemas de expressão eucarióticos para células de mamíferos, levedura, e células de inseto são bem conhecidos pelos elementos versados na técnica e também estão comercialmente disponíveis.

[0219] O vetor de expressão específico usado para transportar o material genético para o interior da célula é selecionado considerando-se o uso pretendido das proteínas de fusão, por exemplo, a expressão

nas plantas, animais, bactérias, fungo, protozoários, etc. (consulte os vetores de expressão descritos abaixo). Os vetores de expressão-padrão bacterianos e animais são conhecidos na técnica e estão descritos em detalhes, por exemplo, na Publicação de Patente nº U.S. 20050064474A1 e nas Publicações de Patente Internacionais nºs U.S. WO05/084190, WO05/014791 e WO03/080809.

[0220] Os métodos-padrão de transfecção podem ser usados para produzir linhagens celulares bacterianas, de mamífero, de levedura ou de inseto que expressam grandes quantidades de proteína, que podem, então, ser purificadas com o uso de conjuntos de procedimentos-padrão (consulte, por exemplo, Colley et al., J. Biol. Chem. 264:1.7619 a 1.7622 (1989); Guide to Protein Purification, in Methods in Enzymology, volume 182 (Deutscher, ed., 1990)). A transformação de células eucarióticas e procarióticas é realizada de acordo com os conjuntos de procedimentos-padrão (consulte, por exemplo, Morrison, J. Bact. 132:349 a 351 (1977); Clark-Curtiss & Curtiss, Methods in Enzymology 101:347 a 362 (Wu et al., eds., 1983).

[0221] Os métodos e composições revelados podem ser usados para inserir as sequências doadoras de polinucleotídeo em um local predeterminado, tal como em dentre os *loci* genômicos excelentes de milho não gênico. Isso é útil à medida que a expressão de um transgene introduzido no genoma de milho depende criticamente do sítio de integração do mesmo. Consequentemente, os genes que codificam a tolerância ao herbicida, resistência a insetos, moléculas nutrientes, antibióticas ou terapêuticas podem ser inseridos através de recombinação direcionada.

[0222] Em uma modalidade, o ácido nucleico de interesse é combinado ou "empilhado" com sequências de codificação de gene que fornecem resistência adicional ou tolerância a glifosato ou outro herbicida e/ou fornecem resistência a insetos ou doenças seletos e/ou

intensificação nutricional e/ou características agronômicas aprimoradas e/ou proteínas ou outros produtos úteis nos usos de alimentação, alimento, industrial, farmacêutico ou outros usos. O "empilhamento" de duas ou mais sequências de interesse de ácido nucleico no interior de um genoma de planta pode ser alcançado, por exemplo, através de reprodução de planta convencional com o uso de dois ou mais eventos, transformação de uma planta com uma construção que contém as sequências de interesse, retransformação de uma planta transgênica ou adição de novos traços através da integração direcionada através de recombinação homóloga.

[0223] Tais sequências de interesse nucleotídicas doadoras de polinucleotídeo incluem, mas não se limitam aos exemplos fornecidos abaixo:

Genes ou Sequências de codificação (por exemplo, iRNA) Que Conferem Resistência contra Pestes ou Doenças

[0224] Genes de Resistência contra Doença de Planta. As defesas da planta são, frequentemente, ativadas por interação específica entre o produto de um gene de resistência à doença (R) na planta e o produto de um gene de avirulência correspondente (Avr) no patógeno. Uma variedade de plantas pode ser transformada com gene de resistência clonado, em plantas modificadas que são resistentes a cepas de patógeno específico. Os exemplos de tais genes incluem: o gene de tomate Cf-9 por resistência ao *Cladosporium fulvum* (Jones et al., 1994 Science 266:789), gene de tomate Pto, que codifica uma quinase de proteína por resistência ao *Pseudomonas syringae* pv. em tomate (Martin et al., 1993 Science 262:1.432), e o gene *Arabidopsis* RSSP2 por resistência ao *Pseudomonas syringae* (Mindrinos et al., 1994 Cell 78:1.089).

[0225] Uma proteína de *Bacillus thuringiensis*, um derivado da mesma ou um polipeptídeo sintético modelado na mesma, tal como,

uma sequência nucleotídica de um gene Bt δ -endotoxina (Geiser et al., 1986 Gene 48:109), e um gene inseticida vegetativo (VIP) (consulte, por exemplo, Estruch et al. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. 93:5.389 a 5.394). Ademais, as moléculas de DNA que codificam genes δ -endotoxina podem ser adquiridos junto à American Type Culture Collection (Rockville, Md.), sob os números de adesão da ATCC: 40098, 67136, 31995 e 31998.

[0226] Uma lectina, tal como, sequências nucleotídicas de diversos genes de lectina de ligação à manose de *Clivia miniata* (Van Damme et al., 1994 Plant Molec. Biol. 24:825).

[0227] Uma proteína de ligação à vitamina, tal como uma avidina e homólogo de avidina que são úteis como larvicidas contra pestes de inseto. Consulte a Patente nº U.S. 5.659.026.

[0228] Um inibidor de enzima, por exemplo, um inibidor de protease ou um inibidor de amilase. Os exemplos de tais genes incluem um inibidor de proteinase de cisteína de arroz (Abe et al., 1987 J. Biol. Chem. 262:16.793), um inibidor de proteinase de tabaco I (Huub et al., 1993 Plant Molec. Biol. 21:985), e um inibidor de α -amilase (Sumitani et al., 1993 Biosci. Biotech. Biochem. 57:1.243).

[0229] Um hormônio ou feromônio específico de inseto, tal como, um ecdisteróide e hormônio juvenil, uma variação do mesmo, um mimético baseado no mesmo, ou um antagonista ou agonista do mesmo, tais como, expressão de baculovírus de esterase de hormônio juvenil clonada, um inativador de hormônio juvenil (Hammock et al., 1990 Nature 344:458).

[0230] Um peptídeo específico de inseto ou neuropeotídeo que, mediante a expressão, perturba a fisiologia da peste afetada (J. Biol. Chem. 269:9). Os exemplos de tais genes incluem um receptor de hormônio diuréticos de inseto (Regan, 1994), uma alostatina identificada em *Diploptera punctata* (Pratt, 1989) e neurotoxinas parálíticas

específicas de inseto (Patente nº U.S. 5.266.361).

[0231] Um veneno específico de inseto produzido na natureza por uma cobra, uma vespa, etc., tal como um peptídeo inseto-tóxico de escorpião (Pang, 1992 Gene 116:165).

[0232] Uma enzima responsável por um hiperacúmulo de monoterpeno, um sesquiterpeno, um esteroide, ácido hidroxâmico, um derivado de fenilpropanoide ou outra molécula não proteína com atividade inseticida.

[0233] Uma enzima envolvida na modificação, incluindo a modificação pós-traducional, de uma molécula biologicamente ativa; por exemplo, enzima glicolítica, uma enzima proteolítica, uma enzima lipolítica, uma nuclease, uma ciclase, uma transaminase, uma esterase, uma hidrolase, uma fosfatase, uma quinase, uma fosforilase, uma polimerase, uma elastase, uma quitinase e uma glicanase, sendo, essas, naturais ou sintéticas. Os exemplos de tais genes incluem, um gene de calas (pedido publicado de PCT WO93/02197), sequências que codificam quitinase (que podem ser obtidas, por exemplo, junto à ATCC sob os números de adesão: 3999637 e 67152), quitinase de ancilóstomo de tabaco (Kramer et al., 1993 Insect Molec. Biol. 23:691), e o gene ubi4-2 poliubiquitina de salsa (Kawalleck et al., 1993 Plant Molec. Biol. 21:673).

[0234] Uma molécula que estimula a transdução de sinal. Os exemplos de tais moléculas incluem as sequências nucleotídicas por clones de cDNA de calmodulina de feijão-mungo (Botella et al., 1994 Plant Molec. Biol. 24:757) e uma sequência nucleotídica de um clone de cDNA de calmodulina de milho (Griess et al., 1994 Plant Physiol. 104:1.467).

[0235] Um peptídeo de momento hidrofóbico. Consulte as Patentes nºs U.S. 5.659.026 e 5.607.914; as mesmas ensinam a respeito de peptídeos antimicrobianos sintéticos que conferem resistência contra a

doença.

[0236] Uma permease de membrana, um formador de canal ou um bloqueador de canal, tal como um análogo de peptídeo de cecropin- β lítico (Jaynes et al., 1993 Plant Sci. 89:43) que transforma plantas de tabaco transgênicas resistentes a *Pseudomonas solanacearum*.

[0237] Uma proteína invasiva viral ou uma toxina complexa derivada da mesma. Por exemplo, o acúmulo de proteínas de revestimento virais em células de planta transformadas confere resistência contra a infecção viral e/ou desenvolvimento de doenças causadas pelo vírus do qual o gene de proteína de revestimento é derivado, assim como através de vírus relacionados. A resistência mediada por proteína de revestimento foi conferida às plantas transformadas contra o vírus mosaico de alfafa, vírus mosaico de pepino, vírus da nervura do tabaco, vírus X da batata, vírus Y da batata, vírus de "etch" de tabaco, vírus de "rattle" do tabaco e vírus mosaico do tabaco. Consulte, por exemplo, Beachy et al. (1990) Ann. Rev. Phytopathol. 28:451.

[0238] Um anticorpo específico de inseto ou uma imunotoxina derivada do mesmo. Dessa forma, um anticorpo alvejado para uma função metabólica crítica nas entranhas do inseto inativa uma enzima afetada, matando, assim, o inseto. Por exemplo, Taylor et al. (1994) Abstract #497, Seventh Int'l. O simpósio em Interações Moleculares de Planta-Micróbio (Molecular Plant-Microbe Interactions) mostra a inativação enzimática no tabaco transgênico através da produção de fragmentos de anticorpo de cadeia única.

[0239] Um anticorpo específico quanto ao vírus. Consulte, por exemplo, Tavladoraki et al. (1993) Nature 266:469, que mostra que as plantas transgênicas que expressam os genes de anticorpo recombinantes estão protegidas do ataque de vírus.

[0240] Uma proteína de interrupção de desenvolvimento produzida

na natureza por um patógeno ou um parasita. Dessa forma, a endo- α -1,4-D-poligalacturonase fúngica facilita a colonização de fungos e a liberação de nutriente de planta solubilizando-se a parede de célula de planta homo- α -1,4-D-galacturonase (Lamb et al., 1992) Bio/Technology 10:1436. A clonagem e caracterização de um gene que codifica uma proteína inibidora de endopoligalacturonase de grão é descrita por Toubart et al. (1992 Plant J. 2:367).

[0241] Uma proteína de interrupção de desenvolvimento produzida na natureza por uma planta, tal como o gene de inativação de ribossomo de cevada que fornece uma resistência aumentada contra a doença fúngica (Longemann et al., 1992). Bio/Technology 10:3.305.

[0242] A interferência de RNA, em uma molécula de RNA é usada para inibir a expressão de um gene-alvo. Uma molécula de RNA em um exemplo é, parcial ou completamente, de fita dupla, o que aciona uma resposta de silenciamento, resultando na clivagem de dsRNA de modo a se tornar pequenos RNAs de interferência, que são, então, incorporados no complexo de direcionamento que destrói os mRNAs homólogos. Consulte, por exemplo, Fire et al., Patente nº U.S. 6.506.559; Graham et al. 6.573.099.

Genes Que Conferem Resistência contra um Herbicida

[0243] Genes que codificam a resistência ou tolerância a um herbicida que inibe o ponto de crescimento ou meristema, tal como um herbicida imidazalinona, sulfonilamida ou sulfonilureia. Os genes exemplificadores nesse código de categoria para mutante de acetolactato sintase (ALS) (Lee et al., 1988 EMBOJ. 7:1.241) também conhecida como a enzima acetohidroxiácido sintase (AHAS) (Miki et al., 1990 Theor. Appl. Genet. 80:449).

[0244] Um ou genes adicionais de codificação de resistência ou tolerância ao glifosato conferido pelos genes de mutante de EPSP sintase e aroA, ou através de inativação metabólica através de genes

tais como DGT-28, 2mEPSPS, GAT (glifosato acetiltransferase) ou GOX (glifosato oxidase) e outros compostos de fosfono, tais como, glifosinato (genes *pat*, *bar*, e *dsm-2*) e ácidos ariloxifenoxipropiônico e ciclohexanedionas (genes de codificação de inibidor de ACCase). Consulte, por exemplo, a Patente nº U.S. 4.940.835, que revela a sequência nucleotídica de uma forma de EPSP que pode conferir resistência ao glifosato. Uma molécula de DNA que codifica um gene mutante *aroA* pode ser obtida sob um número de adesão de ATCC, 39256 e a sequência nucleotídica do gene mutante está revelada na Patente nº U.S. 4.769.061. O Pedido de Patente Europeia nº EP 0 333 033 e a Patente nº U.S. 4.975.374 revelam as sequências nucleotídicas de genes de sintetase de glutamina que conferem resistência aos herbicidas, tais como o L-fosfinotricina. A sequência nucleotídica de um gene de fosfinotriciacetil-transferase é fornecida no Pedido Europeu nº 0 242 246. De Greef et al. (1989) *Bio/Technology* 7:61 descreve a produção de plantas transgênicas que expressam codificação de genes *bar* quiméricos para atividade de fosfinotricin acetil transferase. Os exemplificadores de genes que conferem resistência aos ácidos ariloxifenoxipropiônico e ciclohexanedionas, tais como setoxidim e haloxifope, são os genes *Accl-S1*, *Accl-S2* e *Accl-S3* descritos por Marshall et al. (1992) *Theor. Appl. Genet.* 83:435.

[0245] Genes que codificam a resistência ou tolerância a um herbicida que inibe a fotossíntese, tal como uma triazina (genes *psbA* e *gs+*) e uma bezonitrila (gene nitrilase). Przibilla et al. (1991) *Plant Cell* 3:169 descreve o uso de plasmídeos que codificam os genes mutantes *psbA* para transformar as *Chlamydomonas*. As sequências nucleotídicas para os genes nitrilase estão reveladas na Patente nº U.S. 4.810.648 e as moléculas de DNA que contêm tais genes estão disponíveis sob os números de adesão de ATCC 53435, 67441 e 67442. A clonagem e a expressão de codificação de DNA para uma glutatona

S-transferase é descrita por Hayes et al. (1992) Biochem. J. 285:173.

[0246] Genes que codificam a resistência ou tolerância a um herbicida que se liga ao hidroxifenilpiruvato dioxigenase (HPPD), as enzimas que catalisam a reação em que o para-hidroxifenilpiruvato (HPP) é transformado em homogentisato. Isso inclui os herbicidas, tais como, isoxazóis (documentos n^{os} EP418175, EP470856, EP487352, EP527036, EP560482, EP682659, Patente n^o U.S. 5.424.276), particularmente, o isoxaflutol, que é um herbicida seletivo para milho, dicetonitrilas (documentos n^{os} EP496630, EP496631), particularmente, 2-ciano-3-ciclopropil-1-(2-SO₂CH₃-4-CF₃ fenil)propano-1,3-diona e 2-ciano-3-ciclopropil-1-(2-SO₂CH₃-4-2,3Cl₂fenil)propano-1,3-diona, tricetonas (documentos n^{os} EP625505, EP625508, Patente n^o U.S. 5.506.195), particularmente, sulcotriona, e pirazolinatos. Um gene que produz um excesso de HPPD em plantas pode fornecer a tolerância ou resistência a tais herbicidas, incluindo, por exemplo, os genes descritos nas Patentes n^{os} U.S. 6.268.549 e 6.245.968 e na Publicação de Pedido de Patente n^o U.S. 20030066102.

[0247] Genes que codificam a resistência ou tolerância aos herbicidas de fenóxi auxina, tais como ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) e que também podem conferir resistência ou tolerância aos herbicidas de ariloxifenoxipropionato (AOPP). Os exemplos de tais genes incluem o gene de enzima dioxigenase dependente de α -cetoglutarato (aad-1), descrito na Patente n^o U.S. 7.838.733.

[0248] Genes que codificam a resistência ou tolerância aos herbicidas fenóxi auxina, tais como o ácido 2,4-diclorofenóxiacético (2,4-D) e que também conferem a resistência ou tolerância aos herbicidas piridilóxi auxina, tais como fluoroxipir ou triclopir. Os exemplos de tais genes incluem o gene de enzima dependente de α -cetoglutarato (aad-12), descrito no documento n^o WO 2007/053482 A2.

[0249] Genes que codificam a resistência ou tolerância ao dicamba

(consulte, por exemplo, a Publicação de Patente nº U.S. No. 20030135879).

[0250] Genes que fornecem resistência ou tolerância aos herbicidas que inibem protoporfirinogênio oxidase (PPO) (consulte a Patente nº U.S. 5.767.373).

[0251] Genes que fornecem resistência ou tolerância aos herbicidas de triazina (tais como a atrazina) e herbicidas de derivados de ureia (tais como o diurón) que se ligam às proteínas de núcleo de centros de reação de fotossistema II (PS II) (Consulte Brussian et al., (1989) EMBO J. 1989, 8(4): 1.237 a 1.245.

Genes Que Conferem ou Contribuem para um Traço Adicionado de Valor

[0252] O metabolismo de ácido graxo modificado, por exemplo, através da transformação de milho ou Brassica com um gene antissenso ou estearoil-ACP desaturase para aumentar o teor de ácido esteárico da planta (Knultzon et al., 1992) Proc. Nat. Acad. Sci. EUA 89:2.624.

[0253] Teor de fitato diminuído

[0254] A introdução de um gene de codificação de fitase, tal como o gene fitase de *Aspergillus niger* (Van Hartingsveldt et al., 1993 Gene 127:87), intensifica a decomposição do fitato, adicionando mais fosfato livre à planta transformada.

[0255] Um gene que reduz o teor de fitato pode ser introduzido. No milho, isso, por exemplo, pode ser alcançado através da clonagem e, então, reintrodução de DNA associado ao alelo único que é responsável por mutantes de milho caracterizados por níveis baixos de ácido fítico (Raboy et al., 1990 Maydica 35:383).

[0256] A composição de carboidrato modificado realizada, por exemplo, transformando-se as plantas com uma codificação de gene para uma enzima que altera o padrão de ramificação de amido. Os exemplos de tais enzimas incluem, o gene frutossiltransferase de

Streptococcus mucus (Shiroza et al., 1988) J. Bacteriol. 170:810, gene de levansucrase de *Bacillus subtilis* (Steinmetz et al., 1985 Mol. Gen. Genel. 200:220), *Bacillus licheniformis* α -amilase (Pen et al., 1992 Bio/Technology 10:292), genes de invertase de tomate (Elliot et al., 1993), gene de amilase de cevada (Sogaard et al., 1993 J. Biol. Chem. 268:22480) e enzima II de ramificação de amido de endosperma de milho (Fisher et al., 1993 Plant Physiol. 102:10.450).

Construções Recombinantes

[0257] Conforme revelado neste documento, a presente invenção fornece sequências genômicas recombinantes que compreendem uma sequência genômica excelente de milho não gênico de pelo menos 1 Kb e um DNA de interesse, em que o DNA de interesse inserido é inserido na dita sequência não gênica. Em uma modalidade, o DNA de interesse é um domínio analítico, um gene ou sequência de codificação (por exemplo, iRNA) que confere resistência às pestes ou doenças, os genes que conferem resistência a um herbicida ou genes que conferem ou contribuem para um traço adicionado de valor e a sequência genômica excelente de milho não gênico compreende 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ou 8 das seguintes características:

[0258] a sequência não gênica tem cerca de 1 Kb a cerca de 8,3 Kb de comprimento e não contém uma polinucleotídeo metilado;

[0259] a sequência não gênica exibe uma taxa de 0,00041 para 62,42 cM/Mb de recombinação no interior do genoma de milho;

[0260] a sequência não gênica exibe um nível de 0 a 0,962 de ocupação de nucleossomos do genoma de milho;

[0261] a sequência não gênica compartilha menos que 40% de identidade de sequência com qualquer outra sequência contida no genoma de milho;

[0262] a sequência não gênica tem uma razão de valor relativo de local de 0,00373 para 0,99908 de distância genômica de um centrômero

cromossômico de milho;

[0263] a sequência não gênica tem uma faixa de porcentagem de guanina/citosina de 25,17 a 68,3%;

[0264] a sequência não gênica está localizada próxima a uma sequência gênica que compreende uma sequência de codificação de milho conhecida ou prevista a 40 Kb do DNA genômico contíguo que compreende a sequência não gênica nativa; e,

[0265] a sequência não gênica está localizada em uma região de 1 Mb da sequência genômica de milho que compreende pelo menos uma segunda sequência não gênica. Em uma modalidade, a sequência genômica excelente de milho não gênico é adicionalmente caracterizada por ter uma região gênica que compreende de 1 a 9 sequências de codificação de milho conhecidas ou previstas a 40 Kb do DNA genômico contíguo que compreende a sequência não gênica nativa. Em uma modalidade, o *locus* excelente de milho não gênico é selecionado dos *loci* do aglomerado 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31 ou 32.

Plantas Transgênicas

[0266] As plantas transgênicas que compreendem os loci excelentes de milho não gênico recombinantes também são fornecidas de acordo com uma modalidade da presente invenção. Tais plantas transgênicas podem ser preparadas com o uso de conjuntos de procedimentos conhecidos pelos elementos versados na técnica.

[0267] Uma célula de milho transformada, calo, tecido ou planta pode ser identificada e isolada selecionando-se ou examinando-se o material de planta modificado por traços codificados pelos genes marcadores presentes no DNA de transformação. Por exemplo, a seleção pode ser realizada por meio do cultivo do material de planta modificado em meios que contêm uma quantidade inibidora do antibiótico ou herbicida ao qual a construção de gene de transformação

confere resistência. Ademais, as células transformadas também podem ser identificadas examinando-se pelas atividades de quaisquer genes marcadores visíveis (por exemplo, a proteína de fluorescência amarela, proteína de fluorescência verde, proteína de fluorescência vermelha, beta-glicuronidase, luciferase, genes B ou C1) que podem estar presentes nas construções de ácido nucleico recombinantes. Tais metodologias de seleção e de exame são bem conhecidas para os elementos versados na técnica.

[0268] Os métodos físico e bioquímico também podem ser usados para identificar os transformantes de planta ou célula de planta que contêm construções de gene inseridos. Tais métodos incluem, mas sem limitação: 1) Análise por Southern Blotting ou amplificação de PCR para detectar e determinar a estrutura da inserção de DNA recombinante; 2) Northern blot, proteção de S1 RNase, extensão de iniciador ou amplificação de PCR de transcriptase reversa para detectar e examinar as transcrições de RNA das construções de gene; 3) ensaios enzimáticos para detectar a atividade de ribozima ou enzima, em que tais produtos de gene são codificados pela construção de gene; 4) eletroforese em gel de proteína, conjuntos de procedimentos de Western blot, imunoprecipitação ou imunoenaios ligados à enzima (ELISA), em que os produtos de construção de gene são as proteínas. Os conjuntos de procedimentos adicionais, tais como hibridização *in situ*, marcação de enzima e imunomarcação, também podem ser usados para detectar a presença ou expressão da construção recombinante em órgãos e tecidos de planta. Os métodos para realizar todos esses ensaios são bem conhecidos pelos elementos versados na técnica.

[0269] Os efeitos de manipulação de gene com o uso dos métodos revelados neste documento podem ser observados, por exemplo, através de Northern blots do RNA (por exemplo, mRNA) isolado dos

tecidos de interesse. Tipicamente, se o mRNA estiver presente ou a quantidade de mRNA tiver diminuído, pode-se presumir que o transgene correspondente está expresso. Outros métodos de medição de atividade de gene e/ou polipeptídeo codificado podem ser usados. Diferentes tipos de ensaios enzimáticos podem ser usados, dependendo do substrato usado e o método de detecção do aumento ou diminuição de um produto de reação ou supbroduto. Além disso, os níveis de polipeptídeo expresso podem ser medidos através de imunoquímica, isto é, ELISA, RIA, EIA e outros ensaios à base de anticorpo bem conhecidos pelos elementos versados na técnica, tal como através de ensaios de detecção eletroforética (tanto com dot blot quanto com western blotting). Como um exemplo não limitante, a detecção das proteínas AAD-1 (ariloxialcanoato dioxigenase; consulte o documento nº WO 2005/107437) e PAT (fosfinotricon-N-acetil-transferase (PAT)) com o uso de um ensaio ELISA está descrita na Publicação de Patente nº U.S. 20090093366 que está ora incorporada integralmente, a título de referência. O transgene pode ser expresso seletivamente em alguns tecidos da planta ou em alguns estágios de desenvolvimento ou o transgene pode ser expresso em, substancialmente, todos os tecidos de planta, substancialmente, ao longo de todo o ciclo de vida da mesma. Entretanto, qualquer modo de expressão combinatório também é aplicável.

[0270] Um elemento versado na técnica irá perceber que após a sequência exógena de polinucleotídeo doador ser incorporada de maneira estável nas plantas transgênicas e ser confirmada como operante, a mesma pode ser introduzida em outras plantas através de cruzamento sexual. Qualquer um dentre diversos conjuntos de procedimentos-padrão de reprodução pode ser usado, dependendo das espécies a serem cruzadas.

[0271] A presente invenção também engloba as sementes das

plantas transgênicas descritas acima, em que a semente tem o transgene ou construção de gene. A presente invenção engloba adicionalmente: progênie, clones, linhagens de célula ou células das plantas transgênicas descritas acima, em que a progênie, clone, linhagem de célula ou célula têm o transgene ou construção de gene inseridos em *loci* genômicos excelentes.

[0272] As células de planta transformadas que são produzidas por qualquer um dentre os conjuntos de procedimentos de transformação acima podem ser cultivadas para regenerar uma planta inteira que tenha o genótipo transformado e, assim, o fenótipo desejado. Tais conjuntos de procedimentos de regeneração dependem da manipulação de determinados fitormônios em um meio de crescimento de cultura de tecido, tipicamente, dependendo de um marcador de biocida e/ou herbicida que foi introduzido junto com as sequências nucleotídicas desejadas. A regeneração de planta dos protoplastos cultivados está descrita em Evans, et al., "Protoplasts Isolation and Culture" em Handbook of Plant Cell Culture, páginas 124 a 176, Macmillian Publishing Company, New York, 1983; e Binding, Regeneration of Plants, Plant Protoplasts, páginas 21 a 73, CRC Press, Boca Raton, 1985. A regeneração também pode ser obtida a partir de calo de planta, explantes, órgãos, pólenes, embriões ou partes dos mesmos. Tais conjuntos de procedimentos de regeneração estão descritos, em geral, em Klee et al. (1987) Ann. Rev. of Plant Phys. 38:467 a 486.

[0273] Uma planta transgênica ou material de planta que compreende uma sequência nucleotídica que codifica um polipeptídeo pode, em algumas modalidades, exibir uma ou mais dentre as seguintes características: expressão do polipeptídeo em uma célula da planta; expressão de uma porção do polipeptídeo em um plastídeo de uma célula da planta; importação do polipeptídeo do citosol de uma célula da planta para o interior do plastídeo da célula; expressão específica

quanto ao plastídeo do polipeptídeo em uma célula da planta; e/ou localização do polipeptídeo em uma célula da planta. Tal planta pode ter, adicionalmente, um ou mais traços desejados além da expressão do polipeptídeo codificado. Tais traços podem incluir, por exemplo: resistência aos insetos, outras pestes, e agentes causadores de doença; tolerâncias aos herbicidas; estabilidade intensificada, rendimento, ou extensão do prazo validade; tolerâncias ambientais; produção farmacêutica; produção de produto industrial; e melhorias nutricionais.

[0274] De acordo com uma modalidade, uma célula de protoplasto de milho transgênica é fornecida, sendo que compreende um *locus* excelente recombinante de milho não gênico. Mais especificamente, uma célula de planta de protoplasto de milho é fornecida, sendo que compreende um DNA de interesse inserido em loci genômicos excelentes de milho não gênico da célula de protoplasto de milho, em que os ditos loci genômico de milho não gênico tem cerca de 1 Kb a cerca de 8,3 Kb de comprimento e não tem quaisquer nucleotídeos metilados. Em uma modalidade, a célula de protoplasto de milho transgênica compreende um DNA de interesse inserido no *locus* genômico excelente de milho não gênico em que o DNA de interesse compreende um domínio analítico, e/ou um quadro de leitura aberta. Em uma modalidade, o DNA de interesse inserido codifica um peptídeo e em uma modalidade adicional, o DNA de interesse compreende pelo menos um cassete de expressão de gene que compreende um transgene.

[0275] De acordo com uma modalidade, é fornecida uma planta de milho transgênica, parte de planta de milho ou célula de planta de milho que compreende um *locus* de milho não gênico excelente recombinante. Mais particularmente, é fornecida uma planta de milho, parte de planta de milho ou célula de planta de milho que compreende um DNA de

interesse inserido em *loci* genômicos excelentes de milho não gênico da planta de milho, parte de planta de milho ou célula de planta de milho, em que os ditos *loci* genômicos de milho não gênico têm cerca de 1 Kb a cerca de 8,5 Kb de comprimento e é desprovido de quaisquer nucleotídeos metilados. Em uma modalidade, a planta de milho transgênica, parte de planta de milho ou célula de planta de milho compreende um DNA de interesse inserido no *locus* genômico de milho não gênico excelente, em que o DNA de interesse compreende um domínio analítico e/ou um quadro de leitura aberta. Em uma modalidade, o DNA de interesse inserido codifica um peptídeo e, em uma modalidade adicional, o DNA de interesse compreende pelo menos um cassete de expressão de gene que compreende um transgene.

[0276] De acordo com a modalidade 1, é fornecida uma sequência recombinante em que a dita sequência recombinante compreende uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529) e um DNA de interesse, em que o DNA de interesse é inserido na dita sequência não gênica para produzir a dita sequência recombinante. De acordo com a modalidade 2, é fornecida uma sequência recombinante da modalidade 1 em que o dito DNA de interesse é inserido proximal a um sítio alvo de dedo de zinco específico

à sequência não gênica e, mais particularmente, um sítio alvo de dedo de zinco da Tabela 8. De acordo com a modalidade 3, é fornecida uma sequência recombinante da modalidade 1, em que o dito DNA de interesse é inserido entre um par de sítios alvo de dedo de zinco específicos à sequência não gênica e, mais particularmente, um par de sítios alvo de dedo de zinco selecionados a partir da Tabela 8. De acordo com uma modalidade, é fornecida uma sequência recombinante, em que a dita sequência recombinante consiste em uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem 100% de identidade de sequência com uma sequência presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268), *loci_203075_G1* (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), *loci_232228_G1* (SEQ ID NO: 4529) e um DNA de interesse, em que o DNA de interesse é inserido na dita sequência não gênica para produzir a dita sequência recombinante.

[0277] De acordo com a modalidade 4, é fornecida uma sequência recombinante, de acordo com qualquer uma das modalidades 1, 2 ou 3, em que o dito DNA de interesse compreende um domínio analítico. De acordo com a modalidade 5, é fornecida uma sequência recombinante, de acordo com qualquer uma das modalidades 1, 2 ou 3, em que o dito DNA de interesse não codifica um peptídeo. De acordo com a modalidade 6, é fornecida uma sequência recombinante, de acordo com qualquer uma das modalidades 1, 2 ou 3, em que o dito DNA de

interesse codifica um peptídeo. De acordo com modalidade 7, é fornecida uma sequência recombinante da modalidade 6, em que o dito DNA de interesse compreende um cassete de expressão de gene que compreende um gene de resistência a inseticida, gene de tolerância a herbicida, gene de eficiência de uso de nitrogênio, gene de eficiência de uso de água, gene de qualidade nutricional, gene de ligação de DNA e gene marcador selecionável. De acordo com a modalidade 8, é fornecida uma sequência recombinante, de acordo com qualquer uma das modalidades 1 a 7, em que o dito DNA de interesse compreende dois ou mais cassetes de expressão de gene. De acordo com a modalidade 9, é fornecida uma sequência recombinante, de acordo com a modalidade 8, em que duas ou mais das ditas sequências não gênicas compreendem, cada uma, um DNA de interesse inserido para produzir duas ou mais sequências recombinantes, em que as duas ou mais sequências recombinantes ficam localizadas em um mesmo cromossomo. De acordo com a modalidade 10, é fornecida uma sequência recombinante, de acordo com qualquer uma das modalidades 1 a 9, em que o dito DNA de interesse e/ou a dita sequência não gênica são modificados durante a inserção do dito DNA de interesse na dita sequência não gênica. De acordo com a modalidade 11, é fornecida uma planta de milho, parte de planta de milho ou célula de planta de milho que compreende uma sequência recombinante, de acordo com qualquer uma das modalidades 1 a 10. De acordo com a modalidade 12, é fornecido um método para a fabricação de uma célula de planta transgênica que compreende um DNA de interesse, em que o método compreende selecionar um *locus* genômico de milho não gênico alvo que tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência a partir do grupo que consiste em *loci_137693_G1* (SEQ ID NO:387), *loci_265551_G1* (SEQ ID NO:463), *loci_128078_G1* (SEQ ID NO:560), *loci_168286_G1* (SEQ ID NO:573), *loci_3733_G1* (SEQ ID NO:1268),

loci_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci_232484_G1* (SEQ ID NO:2053), *loci_136086_G1* (SEQ ID NO:4425), *loci_203704_G1* (SEQ ID NO:2033), *loci_127268_G1* (SEQ ID NO:2709), *loci_204637_G1* (SEQ ID NO:2731), *loci_291068_G1* (SEQ ID NO:3230), *loci_232222_G1* (SEQ ID NO:3357), *loci_43577_G1* (SEQ ID NO:3428), *loci_204726_G1* (SEQ ID NO:424), *loci_232228_G1* (SEQ ID NO:4529), selecionar uma nuclease sítio-específica que especificamente se liga e cliva o dito *locus* genômico de milho não gênico alvo, opcionalmente, um selecionado a partir da Tabela 8, introduzir a dita nuclease sítio-específica em uma célula de planta de milho, introduzir o DNA de interesse na célula de planta, inserir o DNA de interesse nos ditos *loci* genômicos alvo de milho não gênico, e selecionar células de planta transgênicas que compreendem o DNA de interesse direcionada ao dito *locus* não gênico. De acordo com a modalidade 18, é fornecido um método para a fabricação de uma célula de planta transgênica, de acordo com a modalidade 12, em que a dita nuclease sítio-específica é selecionada a partir do grupo que consiste em um nuclease dedo de zinco, uma nuclease CRISPR, uma TALEN, uma endonuclease de alojamento ou uma meganuclease. De acordo com a modalidade 19, é fornecido um método para a fabricação de uma célula de planta transgênica, de acordo com a modalidade 12 ou 18, em que o dito DNA de interesse é integrado dentro do dito *locus* não gênico através de um método de integração de reparação direcionada por homologia. De acordo com a modalidade 20, um método para a fabricação de uma célula de planta transgênica, de acordo com a modalidade 12 ou 18, em que o dito DNA de interesse é integrado dentro do dito *locus* não gênico através de um método de integração de união terminal não homóloga. De acordo com a modalidade 21, é fornecido um método para a fabricação de a célula de planta transgênica, de acordo com a modalidade 12, 18, 19 ou 20, em que dois ou mais do dito DNA de

interesse são inseridos em dois ou mais dos ditos *loci* genômicos alvo de milho não gênico, opcionalmente, em que os dois ou mais dos ditos *loci* genômicos alvo de milho não gênico ficam localizados em um mesmo cromossomo.

[0278] De acordo com a modalidade 1, é fornecida uma sequência de milho não gênica purificada de pelo menos 1 Kb e que tem pelo menos 90%, 95% ou 99% de identidade de sequência com uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci*_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), *loci*_136086_G1 (SEQ ID NO:4425), *loci*_203704_G1 (SEQ ID NO:2033), *loci*_127268_G1 (SEQ ID NO:2709), *loci*_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), *loci*_291068_G1 (SEQ ID NO:3230), *loci*_232222_G1 (SEQ ID NO:3357), *loci*_43577_G1 (SEQ ID NO:3428), *loci*_204726_G1 (SEQ ID NO:424), *loci*_232228_G1 (SEQ ID NO: 4529). De acordo com uma modalidade, é fornecida uma sequência de milho não gênica purificada, em que a dita sequência consiste em uma sequência de ácidos nucleicos de pelo menos 1 Kb e que tem 100% de identidade de sequência com uma sequência presente em uma sequência não gênica selecionada a partir do grupo que consiste em *loci*_137693_G1 (SEQ ID NO:387), *loci*_265551_G1 (SEQ ID NO:463), *loci*_128078_G1 (SEQ ID NO:560), *loci*_168286_G1 (SEQ ID NO:573), *loci*_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), *loci*_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), *loci*_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), *loci*_136086_G1 (SEQ ID NO:4425), *loci*_203704_G1 (SEQ ID NO:2033), *loci*_127268_G1 (SEQ ID NO:2709), *loci*_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), *loci*_291068_G1 (SEQ ID NO:3230), *loci*_232222_G1 (SEQ ID NO:3357), *loci*_43577_G1 (SEQ ID NO:3428), *loci*_204726_G1 (SEQ ID NO:424), *loci*_232228_G1 (SEQ ID NO: 4529).

EXEMPLOS

Exemplo 1: Identificação de *loci* genômicos direcionáveis em *Zea mays*

[0279] O genoma de *Zea mays* foi examinado com uma abordagem de bioinformática com o uso de critérios específicos para selecionar *loci* genômicos excelentes para o direcionamento de um doador de polinucleotídeo. Os critérios específicos usados para selecionar os *loci* genômicos foram desenvolvidos com o uso de considerações para a expressão excelente de um transgene dentro do genoma de planta, considerações para a ligação excelente de DNA genômico por uma proteína de ligação de DNA sítio-específica, e exigências de desenvolvimento de produto de planta transgênica. Com a finalidade de identificar e selecionar os *loci* genômicos, conjuntos de dados genômicos e epigenômicos do genoma de *Zea mays* foram varridos com o uso de uma abordagem de bioinformática. A triagem de conjuntos de dados genômicos e epigenômicos resultou em *loci* selecionados que atenderam os seguintes critérios: 1) hipometilado e maior que 1 Kb de comprimento; 2) alvejável através da integração mediada por nuclease sítio-específica de um doador de polinucleotídeo; 3) não gênico ou neutro de forma agrônômica; 4) regiões a partir das quais um transgene integrado pode ser expresso; e 5) regiões com recombinação dentro/em torno do *locus*. Consequentemente, um total de 5.286 *loci* genômicos (SEQ ID NO:1 a SEQ ID NO:5286) foram identificados com o uso desses critérios específicos. Os critérios específicos são adicionalmente descritos em detalhes abaixo.

Hipometilação

[0280] O genoma de *Zea mays* foi varrido para selecionar *loci* genômicos excelentes maiores que 1 Kb que foram hipometilado com DNA. Os níveis de metilação de DNA de genoma inteiro de tecido de broto e raiz isolado a partir de *Zea mays* c.v. B73 foram avaliados através de um método de bioinformática com o uso de dados de

sequenciamento paralelo Illumina™/Solexa™ 1G. Os dados foram gerados a partir de DNA genômico isolado a partir da planta de *Zea mays* descrita acima, de acordo com o protocolo especificado em Wang *et al.*, (2009) Genome-Wide and Organ-Specific Landscapes of Epigenetic Modifications and Their Relationships to mRNA and Small RNA Transcriptomes in Maize. *Plant Cell* 21(4): (1053 a 1069). Esses dados estão disponíveis no NCBI Genbank, nº. de acesso; GEO:GSE15286. As leituras de sequenciamento bruto foram coletadas e equiparadas ao genoma de referência de *Zea mays* c.v. B73 com o uso do software de mapeamento Bismark™, conforme descrito em Krueger F, Andrews SR (2011) Bismark: a flexible aligner and methylation caller for Bisulfite-Seq applications. *Bioinformatics* 27: (1571 a 1572).

[0281] O nível de metilação para cada base de citosina no genoma foi calculado como uma porcentagem do número de leituras metiladas que equiparam um local de base de citosina particular ao número total de leituras que se equiparam àquele local. A seguinte hipótese explica como os níveis de metilação foram calculados para cada base dentro do genoma de *Zea mays*. Por exemplo, considera-se que existe uma base de citosina na posição 100 no cromossomo 1 da sequência de referência de *Zea mays* c.v. B73. Se existir um total de 20 leituras equiparadas com base em citosina na posição 100, e 10 dessas leituras forem metiladas, então, o nível de metilação para a base de citosina na posição 100 no cromossomo 1 é estimado como 50%. Consequentemente, um perfil do nível de metilação para todos os pares de bases de DNA genômico obtidos a partir do tecido de broto e raiz de *Zea mays* foi calculado. As leituras que não poderiam ser corretamente equiparadas aos locais peculiares no genoma de *Zea mays* se equiparam a sequências repetitivas que estão dispersas no genoma de *Zea mays*, e são conhecidas na técnica como predominantemente

metiladas.

[0282] Com o uso do protocolo descrito acima, os níveis de metilação para o genoma de *Zea mays* c.v. B73 foram medidos. Como tal, as regiões do genoma de *Zea mays* que contêm leituras metiladas indicaram que essas regiões do genoma de *Zea mays* eram metiladas. Ao contrário, as regiões do genoma de *Zea mays* que estavam ausentes de leituras metiladas indicaram que essas regiões do genoma de *Zea mays* eram não metiladas. As regiões do genoma de *Zea mays* a partir dos tecidos de broto e raiz que eram não metiladas e não continham qualquer leitura metilada são consideradas como regiões "hipometiladas". Para tornar os perfis de metilação de raiz e broto disponíveis para a visualização, os gráficos de oscilação (<http://useast.ensembl.org/info/website/upload/wig.html>) foram gerados para cada um dos cromossomos de *Zea mays* c.v. B73. Uma amostra de captura de tela de um gráfico de oscilação para o perfil de metilação de DNA de tecidos de raiz e broto obtidos a partir do cromossomo número 1 de *Zea mays* c.v. B73 é mostrada na Figura 1.

[0283] Os perfis de metilação estabelecidos para os tecidos de broto e raiz de *Zea mays* c.v. B73, conforme descrito acima, foram combinados em um perfil de metilação consenso e usados para identificar regiões hipometiladas no genoma de *Zea mays* c.v. B73. O perfil de metilação consenso genômico de *Zea mays* resultante foi varrido para identificar os locais genômicos sem evidência de metilação, isto é, não contêm leituras metiladas equiparadas. Os trechos de DNA genômico maiores que 100 pb que eram hipometilados foram identificados. O comprimento específicos de cada uma dessas regiões hipometiladas foi calculado determinando-se o número total de pares de bases entre duas regiões genômicas que mostraram a evidência de metilação. A Tabela 1 resume as regiões hipometiladas identificadas. Além disso, uma distribuição dos comprimentos das regiões hipometiladas do genoma de *Zea mays* c.v.

B73 é mostrada na Figura 2.

Tabela 1. Perfil de hipometilação do genoma de *Zea mays* c.v. B73.

Tamanho de genoma de <i>Zea mays</i> c.v. B73 total	~2,1 Gb
Comprimento combinado total de região hipometilada	~663 Mb (31,5% do genoma de <i>Zea mays</i> c.v. B73)
Número de regiões hipometiladas acima de 100 Pb	1.564.310
Número de regiões hipometiladas acima de 1 Kb	130.917
Número de regiões hipometiladas acima de 2 Kb	47.045
Número de regiões hipometiladas acima de 10 Kb	206
Comprimento mínimo de região hipometilada	100 Pb
Comprimento máximo de região hipometilada	90.202 Pb

[0284] Essas regiões hipometiladas do genoma de *Zea mays* c.v. B73 foram adicionalmente caracterizadas para identificar e selecionar *loci* genômicos específicos, à medida que o contexto livre de metilação dessas regiões indicou a presença de cromatina aberta. Como tal, todas as análises subsequentes foram conduzidas sobre as regiões hipometiladas identificadas.

Capacidade de direcionamento

[0285] Os sites hipometilados identificados no *Zea mays* c.v. B73 foram adicionalmente analisados para determinar quais sítios eram direcionáveis através da integração mediada por nuclease sítio-específica de um doador de polinucleotídeo. O genoma de *Zea mays* é conhecido na técnica por conter trechos longos de DNA altamente repetitivos que são metilados e têm altos níveis de duplicação de sequência. As informações de anotação de regiões repetitivas conhecidas e no genoma de *Zea mays* foram coletadas a partir do Maize Genome Database (disponível em <http://www.maizegdb.org/>, e Lawrence, CJ et al (2008) MaizeGDB: The Maize Model Organism Database for Basic, Translational, and Applied Research. Int J Plant Genomics. 2008:496957).

[0286] Consequentemente, os sites hipometilados identificados acima foram examinados para remover quaisquer sítios que se alinham com as regiões repetitivas conhecidas anotadas no genoma de milho. Os sítios hipometilados restantes que passaram nessa primeira triagem foram subsequentemente varridos com o uso de uma pesquisa de

homologia com base em BLAST™ de um banco de dados genômicos de milho através do software NCBI BLAST™ (versão 2.2.23) executado com o uso de configurações de parâmetro padrão (Stephen F. Altschul *et al* (1997) Gapped BLAST e PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25:3389 a 3402). Como um resultado da triagem de BLAST™, quaisquer sítios hipometilados que tiveram correspondências significantes em outro lugar no genoma, com cobertura de alinhamento de sequência maior que 40%, foram removidos das análises adicionais.

Não gênico ou neutro de forma agronômica

[0287] Os sítios hipometilados identificados no *Zea mays* c.v. B73 foram analisados para determinar quais sítios eram não gênicos ou neutros de forma agronômica. Como tal, os sítios hipometilados descritos acima foram examinados para remover quaisquer sítios que se sobrepuseram ou continham quaisquer sequências de codificação de *Zea mays* c.v. B73 endógenas conhecidas ou previstas. Para esse propósito, os dados de anotação de genes conhecidos e informações de mapeamento de dados de etiqueta de sequência expressada (EST) foram coletados a partir de Maize Genomics Database (disponível em www.maizegdb.org e Monaco, M., et al., Maize Metabolic Network Construction and Transcriptome Analysis. doi:10.3835/plantgenome 2012.09.0025; publicado online no dia 23 de janeiro de 2013). Qualquer região genômica imediatamente 2 Kb a montante e 1 Kb a jusante a um quadro de leitura aberta também foi considerada. Essas regiões a montante e a jusante podem conter elementos reguladores conservados conhecidos ou desconhecidos que são essenciais para a função do gene. Os sítios hipometilados descritos anteriormente acima foram analisados acerca da presença dos genes conhecidos (que inclui as regiões de 2 Kb a montante e 1 Kb a jusante) e ESTs. Quaisquer sítios hipometilados que se alinharam com ou sobrepuseram com genes

conhecidos (que inclui as regiões de 2 Kb a montante e 1 Kb a jusante) ou ESTs foram removidos da análise a jusante.

Expressão

[0288] Os sítios hipometilados identificados no *Zea mays* c.v. B73 foram adicionalmente analisados para determinar quais sítios estão dentro da proximidade a um gene de milho expresso. A expressão de nível de transcrição de genes de *Zea mays* foi medida analisando-se os dados de perfilagem de transcriptoma gerados a partir de tecidos de raiz e broto de *Zea mays* c.v. B73 com o uso da tecnologia RNAseq™, conforme descrito em Wang *et al.*, (2009) Genome-Wide and Organ-Specific Landscapes of Epigenetic Modifications and Their Relationships to mRNA and Small RNA Transcriptomes in Maize. *Plant Cell*. 21(4): 1053 a 1069. Para cada sítio hipometilado, uma análise foi concluída para identificar quaisquer genes anotados presentes dentro de uma região de 40 Kb nas proximidades do sítio hipometilado, e um nível de expressão média do(s) gene(s) anotado localizado em proximidade ao sítio hipometilado. Os sítios hipometilados localizados mais que 40 Kb de um gene anotado com um nível de expressão média diferente de zero foram determinados como não proximais a um gene de *Zea mays* expresso e foram removidos das análises adicionais.

Recombinação

[0289] Os sítios hipometilados identificados no *Zea mays* c.v. B73 foram adicionalmente analisados para determinar quais sítios tinham evidência de recombinação e poderiam facilitar a introgressão dos *loci* genômicos excelentes em outras linhagens de *Zea mays* através de melhoramento genético convencional. Diversos genótipos de *Zea mays* são habitualmente cruzados durante o melhoramento genético convencional para desenvolver linhagens de *Zea mays* novas e aperfeiçoadas contendo traços de interesse agrônômico. Como tal, os traços agrônômicos que são submetidos à introgressão em *loci*

genômicos excelentes dentro de uma linhagem de *Zea mays*, através da transformação mediada por planta de um transgene, deveriam ter capacidade para serem adicionalmente submetidos à introgressão em outras linhagens de *Zea mays*, especialmente as linhagens de elite, através de recombinação meiótica durante o melhoramento genético de planta convencional. Os sítios hipometilados descritos acima foram examinados para identificar e selecionar os sítios que possuíam algum nível de recombinação meiótica. Quaisquer sítios hipometilados que estavam presentes dentro das regiões cromossômicas caracterizadas como "pontos frios" de recombinação foram identificados e removidos. Em *Zea mays*, esses pontos frios foram definidos com o uso de um conjunto de dados marcador de alta resolução gerado a partir de múltiplas populações de mapeamento. (Jafar Mammadov, Wei Chen, Anastasia Chueva, Karthik Muthuraman, Ruihua Ren, David Meyer e Siva Kumpatla. 2011. Distribution of Recombinant Frequencies across the Maize Genome. 52^a Annual Maize Genetics Conference).

[0290] As frequências de recombinação meiótica entre qualquer par de marcadores genômicos de *Zea mays* através de um cromossomo foram calculadas com base na razão entre a distância genética entre marcadores (em centimorgan (cM)) e a distância física entre os marcadores (em megabases (Mb)). Por exemplo, se a distância genética entre um par de marcadores fosse de 1 cM, e a distância física entre o mesmo par de marcadores fosse de 2 Mb, então, a frequência de recombinação calculada seria determinada como 0,5 cM/Mb. Para cada sítio hipometilado identificado acima, um par de marcadores pelo menos 1 Mb afastado foi escolhido e a frequência de recombinação foi calculada. A implantação desse método foi usada para calcular a frequência de recombinação dos sítios hipometilados. Quaisquer sítios hipometilados com uma frequência de recombinação de 0,00041 cM/Mb

foram identificados e removidos da análise adicional. As regiões hipometiladas restantes que compreendem uma frequência de recombinação maior que 0,00041 cM/Mb foram selecionadas para a análise adicional.

Identificação de *loci* genômicos excelentes

[0291] A aplicação dos critérios de seleção descritos acima resultou na identificação de um total de 52.885 *loci* genômicos excelentes a partir do genoma de *Zea mays*. A Tabela 2 resume os comprimentos dos *loci* genômicos excelentes identificados. Esses *loci* genômicos excelentes possuem as seguintes características: 1) *loci* genômicos hipometilados maiores que 1 Kb de comprimento; 2) *loci* genômicos que são direcionáveis através da integração mediada por nuclease sítio-específica de um doador de polinucleotídeo; 3) *loci* genômicos que são não gênicos ou neutros de forma agronômica; 4) *loci* genômicos a partir dos quais um transgene pode ser expresso; e 5) evidência de recombinação dentro dos *loci* genômicos. Dentre todos os *loci* genômicos excelentes descritos na Tabela 2, somente os *loci* genômicos excelentes que eram maiores que 1 Kb foram adicionalmente analisados e utilizados para o direcionamento de uma sequência de polinucleotídeo doador. As sequências desses *loci* genômicos excelentes são reveladas como SEQ ID NO:1 a SEQ ID NO:5.286. Coletivamente, esses *loci* genômicos excelentes são locais dentro do genoma de *Zea mays* que podem ser alvejados com uma sequência de polinucleotídeo doador, conforme demonstrado adicionalmente no presente documento abaixo.

[0292] Tabela 2. Relaciona a faixa de tamanhos de *loci* genômicos excelentes identificados no genoma de *Zea mays* que são hipometilados, mostram evidência de recombinação, direcionáveis, não gênicos ou neutros de forma agronômica e estão em proximidade a um gene endógeno expresso.

Número de <i>loci</i> genômicos excelentes maiores que 100 Pb	52.885
Número de <i>loci</i> genômicos excelentes maiores que 1 Kb	5.286
Número de <i>loci</i> genômicos excelentes maiores que 2 Kb	770
Número de <i>loci</i> genômicos excelentes maiores que 4 Kb	16

Exemplo 2: Distribuição F e Análise de componente principal para aglomerar *loci* genômicos excelentes a partir de *Zea mays*

[0293] Os 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados (SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 5.286) foram adicionalmente analisados com o uso dos métodos estatísticos de distribuição F e análise de componente principal para definir uma população representativa e aglomerados para o agrupamento dos *loci* genômicos excelentes.

Análise de distribuição F

[0294] Os 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados foram analisados estatisticamente com o uso de uma análise estatística de distribuição de probabilidade contínua. Como uma modalidade da análise estatística de distribuição de probabilidade contínua, um teste e distribuição F foi concluído para determinar um número representativo de *loci* genômicos excelentes. A análise de teste de distribuição F foi concluída com o uso de equações e métodos conhecidos pelos elementos versados na técnica. Para uma maior orientação, a análise de teste de distribuição F, conforme descrito em K.M Remund, D. Dixon, DL. Wright e LR. Holden. Statistical considerations in seed purity testing for transgenic traits. Seed Science Research (2001) 11, 101 a 119, incorporado ao presente documento a título de referência, é um exemplo não limitante de um teste de distribuição F. O teste de distribuição F presume a amostragem aleatória dos *loci* genômicos excelentes, de modo que quaisquer *loci* não válidos sejam uniformemente distribuídos através dos 5.286 *loci* genômicos excelentes, e que o número de *loci* genômicos excelentes amostrados é de 10% ou menos da população total de 5.286 *loci* genômicos excelentes.

[0295] A análise de distribuição F indicou que 72 dentre os 5.286 *loci* genômicos excelentes forneceram um número representativo dos

5.286 *loci* genômicos excelentes, em um nível de confiança de 95%. Consequentemente, a análise de distribuição F mostrou que se 72 *loci* genômicos excelentes fossem testados e todos fossem direcionáveis com uma sequência de polinucleotídeo doador, então, esses resultados indicariam que 96% ou mais dos 5.286 *loci* genômicos excelentes são positivos no nível de confiança de 95%. A melhor estimativa para validar a porcentagem total dos 5.286 *loci* genômicos excelentes seria se 100% dos 72 *loci* genômicos excelentes testados fossem direcionáveis. Consequentemente, 96% é realmente o limite inferior da porcentagem verdadeira validada no nível de confiança de 95%. Esse limite inferior tem por base o quantil de 0,95 da distribuição F, para o nível de confiança de 95%. (Remund K, Dixon D, Wright D e Holden L. Statistical considerations in seed purity testing for transgenic traits. *Seed Science Research* (2001) 11, 101 a 119).

Análise de componente principal

[0296] A seguir, um método estatístico de análise de componente principal (PCA) foi completado para avaliar e visualizar, adicionalmente, similaridades e diferenças do conjunto de dados que compreendem os 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados para possibilitar a amostragem de *loci* variados para a validação de direcionamento. A PCA envolve um algoritmo matemático que transforma um número maior de variáveis correlacionadas em um número menor de variáveis não correlacionadas chamadas componentes principais.

[0297] A PCA foi concluída nos 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados por meio da geração de um conjunto de recursos ou atributos calculáveis que poderiam ser usados para descrever os 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados. Cada recurso é numericamente calculável e é definido especificamente para capturar o contexto genômico e epigenômico dos 5.286 *loci* genômicos excelentes identificados. Um conjunto de 10 recursos para cada um dos *loci*

genômicos excelentes de *Zea mays* foi identificado e é descrito em maiores detalhes abaixo.

Comprimento dos *loci* genômicos excelentes

[0298] O comprimento dos *loci* genômicos excelentes nesse conjunto de dados variou a partir de um mínimo de 1.000 Pb a um máximo de 8.267 Pb.

Frequência de recombinação em uma região de 1 MB em torno dos *loci* genômicos excelentes

[0299] Em milho, a frequência de recombinação para um local cromossômico foi definida com o uso de um conjunto de dados de marcador interno de alta resolução gerado a partir de múltiplas populações de mapeamento (Jafar Mammadov, Wei Chen, Anastasia Chueva, Karthik Muthuraman, Ruihua Ren, David Meyer e Siva Kumpatla. 2011. Distribution of Recombinant Frequencies across the Maize Genome. 52^a Annual Maize Genetics Conference).

[0300] As frequências de recombinação entre quaisquer pares de marcadores através do cromossomo foram calculadas com base na razão entre a distância genética entre marcadores (em centimorgan (cM)) e a distância física entre os marcadores (em Mb). Por exemplo, se a distância genética entre um par de marcadores for de 1 cM e a distância física entre os mesmos pares de marcadores for de 2 Mb, a frequência de recombinação calculada é de 0,5 cM/Mb. Para cada um dos *loci* genômicos excelentes, um par de marcadores pelo menos 1 Mb afastado foi escolhido e a frequência de recombinação foi calculada dessa maneira. Esses valores de recombinação variaram a partir de um mínimo de 0,00041 cM/Mb a um máximo de 62,42 cM/Mb.

Nível de peculiaridade de sequência de *loci* genômicos excelentes

[0301] Para cada um dos *loci* genômicos excelentes, a sequência de nucleotídeos dos *loci* genômicos excelentes foi varrida contra o genoma de *Zea mays* c.v. B73 com o uso de uma pesquisa de

homologia com base em BLAST™ com o uso do software NCBI BLAST™ (versão 2.2.23) executado com o uso das configurações de parâmetro padrão (Stephen F. Altschul et al (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389 a 3402). À medida que essas sequências de *loci* genômicos excelentes são identificadas a partir do genoma de *Zea mays* c.v. B73, o primeiro resultado de BLAST™ identificado através dessa pesquisa representa a própria sequência de *Zea mays* c.v. B73. O segundo resultado de BLAST™ para cada sequência de *loci* genômicos excelentes foi identificado e a cobertura de alinhamento (representada como a porcentagem dos *loci* genômicos excelentes cobertos pelo resultado de BLAST™) do resultado foi usada como uma medida de peculiaridade da sequência de *loci* genômicos excelentes dentro do genoma de *Zea mays*. Esses valores de cobertura de alinhamento para o segundo resultado de BLAST™ variaram a partir de um mínimo de 0% a um máximo de 39,98% de identidade de sequência. Quaisquer sequências que se alinharam em níveis maiores de identidade de sequência não foram consideradas.

Distância a partir dos *loci* genômicos excelentes ao gene mais próximo na vizinhança dos mesmos

[0302] Informações de anotação de gene e o local de genes conhecidos no genoma de *Zea mays* foram extraídos a partir do Maize Genome Database (disponível em www.maizegdb.org e Monaco, M., et al., Maize Metabolic Network Construction and Transcriptome Analysis. doi:10.3835/plantgenome2012.09.0025; publicado online em 23 de janeiro de 2013). Para cada um dos *loci* genômicos excelentes, o gene anotado mais próximo, considerando-se tanto os locais a montante como a jusante, foi identificado e a distância entre a sequência de *loci* genômicos excelentes e o gene foi medida (em Pb). Por exemplo, se um *locus* genômico excelente ficar localizado no cromossomo 1 a partir

da posição 500 à posição 1.500, e o gene mais próximo a esse *locus* genômico excelente ficar localizado no cromossomo 1 a partir de posição 2.000 à posição 3.000, a distância a partir dos loci genômicos excelentes a esse gene mais próximo é calculada como de 500 Pb. Esses valores para todo o conjunto de dados de 5.286 *loci* genômicos excelentes variaram a partir de um mínimo de 1.001 Pb a um máximo de 34.809 Pb.

% de GC na sequência de *loci* genômicos excelentes

[0303] Para cada *locus* genômico excelente, a sequência de nucleotídeo foi analisada para estimar o número de bases de citosina e guanina presentes. Essa contagem foi representada como uma porcentagem do comprimento de sequência de cada *locus* genômico excelente e fornece uma medição para % de GC. Esses valores de % de GC para o conjunto de dados de loci genômicos excelentes de milho variam a partir de 25,17% a 68,3%.

Número de genes em uma vizinhança de 40 Kb em torno da sequência de loci genômicos excelentes

[0304] As informações de anotação de gene e o local de genes conhecidos no genoma de *Zea mays* c.v. B73 foram extraídos a partir de Maize Genome Database. Para cada uma das 5.286 sequências de *loci* genômicos excelentes, uma janela de 40 Kb em torno da sequência de *loci* genômicos excelentes foi definida e o número de genes anotados com os locais sobrepondo essa janela foi contada. Esses valores variaram a partir de um mínimo de 1 gene a um máximo de 9 genes dentro da vizinhança de 40 Kb.

Expressão de gene média em uma vizinhança de 40 Kb em torno dos *loci* genômicos excelentes

[0305] A expressão de nível de transcrição de genes de milho foi medida analisando-se os dados de perfilagem de transcriptoma disponíveis gerados a partir de tecidos de raiz e broto de *Zea mays* c.v.

B73 com o uso da tecnologia RNAseq™ (Mortazavi, A. *et al.*, Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq. *Nat. Methods*. 5, 621 a 628 (2008); Wang *et al.*, Genome-Wide and Organ-Specific Landscapes of Epigenetic Modifications and Their Relationships to mRNA and Small RNA Transcriptomes in Maize. *Plant Cell*, abril de 2009; 21(4): 1053 a 1069). As informações de anotação de gene e o local de genes conhecidos no genoma de *Zea mays* c.v. B73 foram extraídos a partir de Maize Genome Database. Para cada *locus* genômico excelente, os genes anotados dentro do genoma de *Zea mays* c.v. B73 que estavam presentes em uma vizinhança de 40 Kb em torno dos *loci* genômicos excelentes foram identificados. Os níveis de expressão para cada um dos genes foram extraídos dos perfis de transcriptoma descritos nas citações mencionadas acima e um nível de expressão de gene média foi calculado. Os valores de expressão de todos os genes dentro do genoma de *Zea mays* variam muito. O valor de expressão mínimo é de 0 e o valor de expressão máximo é de 2.511,397, com um valor de expressão médio de 18,489 e um valor de expressão mediano de 3,604. Os valores de expressão média para todo o conjunto de dados de 5.286 *loci* genômicos excelentes variaram a partir de um mínimo de 0,00369 a um máximo de 2233,06.

Nível de ocupação de nucleossomo em torno dos *loci* genômicos excelentes

[0306] O entendimento do nível de ocupação de nucleossomo para uma sequência de nucleotídeos particular fornece informações sobre as funções cromossômicas e o contexto genômico da sequência. O pacote estatístico NuPoP™ foi usado para prever a ocupação de nucleossomo e o mapa de posicionamento de nucleossomo mais provável para qualquer tamanho de sequências genômicas (Xi, L., Fondufe-Mittendorf, Y., Xia, L., Flatow, J., Widom, J. e Wang, J.-P., Predicting nucleosome positioning using a duration Hidden Markov

Model, *BMC Bioinformatics*, 2010, doi:10.1186/1471-2105-11-346.). Para cada um dos 5.286 loci genômicos excelentes, a sequência de nucleotídeos foi submetida à análise com o software NuPoP™ e uma pontuação de ocupação de nucleossomo foi calculada. Essas pontuações de ocupação de nucleossomo para o conjunto de dados de loci genômicos excelentes de milho variaram a partir de um mínimo de 0 a um máximo de 0,962.

Local relativo dentro do cromossomo (proximidade ao centrômero)

[0307] Um centrômero é uma região em um cromossomo que une duas cromátides-irmãs. As partes de um cromossomo em cada lado do centrômero são conhecidas como braços cromossômicos. Os locais genômicos de centrômeros em todos os 10 cromossomos de milho foram identificados na sequência de referência de *Zea mays* c.v. B73 publicada (Schnable, P., *et al.*, (2009) The B73 maize genome: complexity, diversity and dynamics. *Science*, 326(5956): 1112 a 1115). As informações sobre a posição do centrômero em cada um dos cromossomos de *Zea mays* e os comprimentos dos braços cromossômicos foram extraídas a partir de Maize Genome Database. Para cada *locus* genômico excelente, a distância genômica a partir da sequência de *locus* genômico excelente ao centrômero do cromossomo que a mesma está localizada, é medida (em Pb). O local relativo de loci genômicos excelentes dentro do cromossomo é representado como a razão da distância genômica dos mesmos ao centrômero em relação ao comprimento do braço cromossômico específico que o mesmo se encontra. Esses valores de local relativos para o conjunto de dados de loci genômicos excelentes de milho variaram a razão de distância genômica a partir de um mínimo de 0,00373 a um máximo de 0,99908.

Número de loci genômicos excelentes em uma região de 1 Mb

[0308] Para cada um dos loci genômicos excelentes, uma janela genômica de 1 Mb em torno do local de loci genômicos excelentes foi

definida e o número de outros loci genômicos excelentes adicionais presentes dentro ou que sobrepõem essa região foi calculado, que inclui os loci genômicos excelentes sob consideração. O número de loci genômicos excelentes em um 1 Mb variou a partir de um mínimo de 1 a um máximo de 22.

[0309] Todos os 5.286 loci genômicos excelentes foram analisados com o uso dos recursos e atributos descritos acima. Os resultados ou valores para a pontuação dos recursos e atributos de cada *locus* genômico excelente são adicionalmente descritos na Tabela 3 (incorporada ao presente documento, a título de referência, como um depósito eletrônico separado). O conjunto de dados resultante foi usado no método estatístico de PCA para aglomerar os 5.286 loci genômicos excelentes identificados em aglomerados. Durante o processo de aglomeração, após estimar os componentes principais de "p" dos loci genômicos excelentes, a designação dos loci genômicos excelentes para um dentre os 32 aglomerados prosseguiu no espaço euclidiano dimensional de "p". Cada um dos eixos geométricos de "p" foi dividido em "k" intervalos. Os loci genômicos excelentes designados para o mesmo intervalo foram agrupados em conjunto para formar aglomerados. Com o uso dessa análise, cada eixo geométrico de PCA foi dividido em dois intervalos, os quais foram escolhidos com base em uma informação *a priori* em relação ao número de aglomerados exigido para a validação experimental. Todas as análises e a visualização dos aglomerados resultantes foram realizadas com o software Molecular Operating Environment™ (MOE) disponível junto a Chemical Computing Group Inc. (Montreal, Quebec, Canadá).

[0310] A abordagem de PCA foi usada para aglomerar o conjunto de 5.286 loci genômicos excelentes identificados em 32 aglomerados distintos com base nos valores de recurso dos mesmos, descrito acima. Durante o processo de PCA, cinco componentes principais (PC) foram

gerados, com os três PCs do topo contendo cerca de 90% da validação total no conjunto de dados (Tabela 4). Esses três PCAs foram usados para representar graficamente os 32 aglomerados em um gráfico tridimensional (Figura 3). Depois que o processo de aglomeração foi completado, um *locus* genômico excelente representativo foi escolhido a partir de cada aglomerado. Isso foi executado mediante a escolha de um *locus* genômico excelente selecionado, dentro de cada aglomerado, que estava mais próximo ao centroide daquele aglomerado (Tabela 4). Os locais cromossômicos dos 32 loci genômicos excelentes representativos são uniformemente distribuídos entre os 10 cromossomos de milho e não se inclinaram em direção a qualquer local genômico particular, conforme mostrado na Figura 4.

Tabela 4. Descrição dos 32 loci genômicos excelentes representativos de milho identificados a partir da PCA

Nome de Loci genômicos excelentes	Local genômico	Comprimento (Pb)	Número de Aglomerado	SEQ ID NO:
optimal loci 59517 G1	chr2:43352132..43353146	1.015	1	1
optimal loci 159525 G1	chr4:172518643..172519712	1.070	2	199
optimal loci 9811 G1	chr1:52159463..52161841	2.379	3	365
optimal loci 7507 G1	chr1:39334848..39337271	2.424	4	543
optimal loci 178978 G1	chr5:35776311..35777560	1.250	5	687
optimal loci 285621 G1	chr8:118321357..118322528	1.172	6	875
optimal loci 221721 G1	chr6:91309097..91311722	2.626	7	1.089
optimal loci 83937 G1	chr2:192746622..192748862	2.241	8	1.233
optimal loci 37146 G1	chr1:223833176..223834563	1.388	9	1.369
optimal loci 156393 G1	chr4:154313884..154315253	1.370	10	1.571
optimal loci 343678 G1	chr10:113837795..113839503	1.709	11	1.795
optimal loci 60209 G1	chr2:47513705..47515145	1.441	12	1.980
optimal loci 282323 G1	chr8:100763204..100764398	1.195	13	2.171
optimal loci 64542 G1	chr2:72203716..72205045	1.330	14	2.349
optimal loci 162531 G1	chr4:189896984..189899332	2.349	15	2.557
optimal loci 337001 G1	chr10:77188319..77190007	1.689	16	2.693
optimal loci 66202 G1	chr2:83483805..83484909	1.105	17	2.855
optimal loci 185454 G1	chr5:80270170..80271254	1.085	18	3.004
optimal loci 239863 G1	chr7:14997553..14999296	1.744	19	3.151
optimal loci 257541 G1	chr7:125978470..125980969	2.500	20	3.289
optimal loci 217939 G1	chr6:67227678..67228708	1.031	21	3.455
optimal loci 326869 G1	chr10:12348441..12349499	1.059	22	3.586
optimal loci 31710 G1	chr1:194939396..194943360	3.965	23	3.731
optimal loci 81941 G1	chr2:181418576..181421181	2.606	24	3.849
optimal loci 198387 G1	chr5:164712378..164713567	1.190	25	3.981
optimal loci 197372 G1	chr5:158680601..158681681	1.081	26	4.192
optimal loci 106202 G1	chr3:85647138..85648635	1.498	27	4.401
optimal loci 232228 G1	chr6:144719567..144723469	3.903	28	4.529
optimal loci 244324 G1	chr7:40299412..40300584	1.173	29	4.646
optimal loci 157315 G1	chr4:158710709..158711983	1.275	30	4.836
optimal loci 137489 G1	chr4:29898267..29899725	1.459	31	5.046
optimal loci 31764 G1	chr1:195178584..195182163	3.580	32	5.162

Seleção Final de 72 Loci genômicos para o direcionamento de uma sequência de polinucleotídeos doadoras de polinucleotídeo

[0311] Um total de 72 loci genômicos foram identificados e selecionados para o direcionamento com uma sequência de polinucleotídeo doador a partir dos 5.286 loci genômicos que foram aglomerados dentro de 32 aglomerados distintos. Para cada um dentre os 32 aglomerados, um *locus* genômico representativo (32 loci genômicos representativos que estavam mais próximos ao centroide daquele aglomerado, conforme descrito acima na Tabela 4) e um *locus* genômico adicional dentro de cada aglomerado foram escolhidos. Os loci genômicos excelentes adicionais foram selecionados primeiramente mediante a triagem de todas as 5.286 sequências genômicas excelentes selecionadas contra um banco de dados de genoma total que consiste em dados de sequência de DNA genômico tanto para *Zea mays* c.v. Hi-II (linhagem de triagem de direcionamento) como para *Zea mays* c.v. B104 (linhagem de transformação) para determinar a cobertura (quantos loci genômicos excelentes estavam presentes em ambos os genomas) e a porcentagem de identidade de sequência no genoma a partir de ambas as linhagens. Os loci genômicos excelentes adicionais com 100% de cobertura (o comprimento de sequência inteiro dos loci excelentes alinhados entre ambos os genomas) e 100% de identidade tanto nos bancos de dados de Hi-II como de B104 foram selecionados para a validação de direcionamento (Figura 5). De maneira comparativa, um número pequeno dos loci genômicos representativos tinha identidade de sequência que tinha menos do que 100% de cobertura e identidade tanto no banco de dados genômicos de Hi-II como de B104 (Figura 5). Outros critérios, tais como tamanho de loci genômicos, extensão de peculiaridade, teor de % de GC e distribuição cromossômica dos loci genômicos excelentes também foram levados em consideração na seleção dos loci genômicos

excelentes adicionais. O local cromossômico dos 72 loci genômicos excelentes selecionados e a configuração genômica específica de cada um dos loci genômicos excelentes *Zea de mays* são mostrados na Figura 6 e Tabela 5, respectivamente.

TABELA 5. Descrição dos loci genômicos excelentes de milho selecionados escolhidos para validação de direcionamento. A partir desses loci genômicos excelentes listados nessa tabela, 72 loci genômicos excelentes de milho são representativos do total identificado de 5.286 loci genômicos excelentes de milho selecionados.

Nome de loci genômicos excelentes	Localização genômica	Comprimento (pb)	Número de aglomerados	SEQ ID NO:
optimal loci 59517 G1	chr2:43352132..43353146	1.015	1	1
optimal loci 25001 G1	chr1:151371224..151372260	1.037	1	100
optimal loci 112632 G1	chr3:128098856..128100257	1.402	2	203
optimal loci 28905 G1	chr1:177037718..177038919	1.202	2	295
optimal loci 129164 G1	chr3:221246027..221247542	1.516	3	384
optimal loci 204726 G1	chr5:200665730..200670667	4.938	3	424
optimal loci 2425 G1	chr1:12810845..12814490	3.646	3	451
optimal loci 122036 G1	chr3:184608166..184609697	1.532	4	547
optimal loci 5735 G1	chr1:29190279..29192844	2.566	4	671
optimal loci 178978 G1	chr5:35776311..35777560	1.250	5	687
optimal loci 288388 G1	chr8:133290442..133291481	1.040	5	781
optimal loci 60310 G1	chr2:47967092..47968271	1.180	5	843
optimal loci 285621 G1	chr8:118321357..118322528	1.172	6	875
optimal loci 243330 G1	chr7:34630402..34631577	1.176	6	967
optimal loci 127038 G1	chr3:210603611..210605198	1.588	7	1107
optimal loci 262784 G1	chr7:155767046..155769049	2.004	7	1147
optimal loci 344662 G1	chr10:119131667..119133955	2.289	7	1190
optimal loci 153894 G1	chr4:139979597..139981225	1.629	8	1252
optimal loci 28771 G1	chr1:176062139..176063611	1.473	8	1300
optimal loci 1098 G1	chr1:5582601..5583834	1.234	9	1371
optimal loci 97772 G1	chr3:30209253..30210607	1.355	9	1569
optimal loci 156393 G1	chr4:154313884..154315253	1.370	10	1571
optimal loci 236662 G1	chr6:165975716..165977010	1.295	10	1663
optimal loci 139485 G1	chr4:42804231..42805751	1.521	11	1822
optimal loci 301175 G1	chr9:20325171..20326621	1.451	11	1906
optimal loci 152337 G1	chr4:130033092..130035481	2.390	12	2003
optimal loci 202616 G1	chr5:188822901..188824814	1.914	12	2027
optimal loci 203704 G1	chr5:194836270..194840217	3.948	12	2033
optimal loci 282323 G1	chr8:100763204..100764398	1.195	13	2171
optimal loci 262782 G1	chr7:155759080..155760097	1.018	13	2256
optimal loci 64542 G1	chr2:72203716..72205045	1.330	14	2349
optimal loci 236455 G1	chr6:164795991..164797027	1.037	14	2428
optimal loci 162531 G1	chr4:189896984..189899332	2.349	15	2557
optimal loci 301774 G1	chr9:23468085..23470278	2.194	15	2632
optimal loci 344663 G1	chr10:119143167..119144795	1.629	15	2649
optimal loci 337001 G1	chr10:77188319..77190007	1.689	16	2693
optimal loci 204637 G1	chr5:200298202..200301414	3.213	16	2731
optimal loci 238100 G1	chr7:4899227..4900708	1.482	16	2753
optimal loci 66202 G1	chr2:83483805..83484909	1.105	17	2855
optimal loci 264359 G1	chr7:163504241..163505487	1.247	17	2934
optimal loci 282653 G1	chr8:102704765..102705924	1.160	18	3086
optimal loci 80282 G1	chr2:173420834..173421870	1.037	18	3139

optimal loci 291068 G1	chr8:148277606..148279985	2.380	19	3230
optimal loci 56395 G1	chr2:24801482..24803132	1.651	19	3270
optimal loci 200497 G1	chr5:176879526..176881345	1.820	20	3334
optimal loci 232222 G1	chr6:144700575..144702126	1.552	20	3357
optimal loci 43577 G1	chr1:256469704..256472666	2.963	20	3428
optimal loci 5607 G1	chr1:28613065..28615113	2.049	20	3435
optimal loci 114664 G1	chr3:140106950..140108061	1.112	21	3457
optimal loci 228254 G1	chr6:126085629..126086823	1.195	21	3497
optimal loci 120993 G1	chr3:179419306..179420357	1.052	22	3593
optimal loci 53137 G1	chr2:7304197..7305496	1.300	22	3702
optimal loci 31710 G1	chr1:194939396..194943360	3.965	23	3731
optimal loci 344664 G1	chr10:119144946..119146850	1.905	23	3815
optimal loci 81941 G1	chr2:181418576..181421181	2.606	24	3849
optimal loci 321514 G1	chr9:140776147..140777584	1.438	24	3939
optimal loci 198387 G1	chr5:164712378..164713567	1.190	25	3981
optimal loci 301180 G1	chr9:20328932..20330129	1.198	25	4113
optimal loci 197372 G1	chr5:158680601..158681681	1.081	26	4192
optimal loci 348776 G1	chr10:142097590..142098803	1.214	26	4350
optimal loci 244439 G1	chr7:41068791..41070248	1.458	27	4458
optimal loci 348258 G1	chr10:139297032..139298517	1.486	27	4487
optimal loci 232228 G1	chr6:144719567..144723469	3.903	28	4529
optimal loci 322501 G1	chr9:146078534..146080201	1.668	28	4610
optimal loci 244324 G1	chr7:40299412..40300584	1.173	29	4646
optimal loci 97232 G1	chr3:27463016..27464143	1.128	29	4832
optimal loci 157315 G1	chr4:158710709..158711983	1.275	30	4836
optimal loci 282499 G1	chr8:101771408..101772767	1.360	30	4953
optimal loci 155031 G1	chr4:146991391..146993137	1.747	31	5060
optimal loci 301773 G1	chr9:23465509..23467762	2.254	31	5110
optimal loci 283161 G1	chr8:105321958..105323571	1.614	32	5213
optimal loci 55524 G1	chr2:20099003..20100485	1.483	32	5264
optimal loci 127268 G1	chr3:211767898..211770046	2.149	16	2709
optimal loci 136086 G1	chr4:22531506..22534989	3.484	27	4425
optimal loci 232484 G1	chr6:146122164..146125580	3.417	12	2053
optimal loci 203075 G1	chr5:191370802..191374627	3.826	12	2030
optimal loci 3733 G1	chr1:19232372..19235997	3.626	11	1923
optimal loci 168286 G1	chr4:219987223..219990695	3.473	4	573
optimal loci 128078 G1	chr3:215482594..215485640	3.047	4	560
optimal loci 265551 G1	chr7:170127188..170130734	3.547	3	463
optimal loci 137693 G1	chr4:31118968..31122359	3.392	3	387

[0312] Um grande número de 5.286 localizações genômicas foi identificado no genoma *Zea mays* como loci genômicos excelentes para direcionamento com uma sequência polinucleotídica doadora que usa tecnologias de engenharia de genoma de precisão. Uma abordagem de análise estatística foi implantada para agrupar os 5.286 loci genômicos selecionados em 32 aglomerados com contextos genômicos similares, e para identificar um subconjunto de 72 loci genômicos selecionados representativos do conjunto de 5.286 loci genômicos selecionados. Os 72 loci representativos foram validados como loci genômicos excelentes através do direcionamento com uma sequência polinucleotídica doadora. Ao realizar a análise estatística PCA para os valores

numéricos gerados para os dez conjuntos de recursos ou atributos que são descritos acima, os dez recursos ou atributos foram computados em componentes PCA com menos dimensões. Desse modo, os componentes PCA foram reduzidos a 5 dimensões que são representativas dos dez recursos ou atributos descritos acima (Tabela 6). Cada componente PCA é equivalente a uma combinação dos dez recursos ou atributos descritos acima. A partir desses componentes PCA que compreendem cinco dimensões, conforme computados usando a análise estatística PCA, os 32 aglomerados foram determinados.

TABELA 6. Os cinco componentes PCA (PCA1, PCA2, PCA3, PCA4 e PCA5) que definem cada um dos 32 aglomerados e as sequências (SEQ ID NO:1 –SEQ ID NO:5286) que forma cada aglomerado. As cinco dimensões são representativas dos dez recursos ou atributos descritos acima que foram usados para identificar os loci genômicos excelentes. Os valores mínimos (Mín.), médios, medianos e máximos (Máx.) para cada componente PCA são proporcionados.

		Cluster 1 (SEQ ID NO:1 -- SEQ ID NO:198)	Cluster 2 (SEQ ID NO:199 - - SEQ ID NO:364)	Cluster 3 (SEQ ID NO:365 - - SEQ ID NO:542)	Cluster 4 (SEQ ID NO: 543- - SEQ ID NO:686)	Cluster 5 (SEQ ID NO:687-- SEQ ID NO:874)	Cluster 6 (SEQ ID NO:875 -- SEQ ID NO:1088)	Cluster 7 (SEQ ID NO:1089 -- SEQ ID NO:1232)	Cluster 8 (SEQ ID NO:1233 -- SEQ ID NO:1368)	Cluster 9 (SEQ ID NO:1369- - SEQ ID NO:1570)	Cluster 10 (SEQ ID NO:1571 -- SEQ ID NO:1794)	Cluster 11 (SEQ ID NO:1795 -- SEQ ID NO:1979)	Cluster 12 (SEQ ID NO:1980 -- SEQ ID NO:2170)	Cluster 13 (SEQ ID NO:2171-- SEQ ID NO:2348)
PCA1	Mín.	-0,38899	-0,93177	-0,39537	-0,93241	-0,39582	-0,93174	-0,38719	-0,93217	-0,38101	-0,93175	-0,39194	-0,93253	-0,38415
	Média	0,73994	-0,70291	0,797903	-0,72366	0,696097	-0,70419	0,759996	-0,69832	0,799943	-0,71434	0,770295	-0,73093	0,655148
	Mediana	0,444732	-0,72051	0,581978	-0,72065	0,41229	-0,72032	0,468691	-0,71729	0,546926	-0,72051	0,347427	-0,72075	0,31035
	Máx.	3,016652	-0,40085	3,06313	-0,40153	3,823763	-0,40276	3,007282	-0,40162	4,260435	-0,41456	3,072388	-0,402	3,054517
PCA2	Mín.	0,200459	0,211002	-9,82023	-5,15632	0,200591	0,233367	-4,04364	-4,90205	0,204949	0,205064	-5,36888	-6,75555	0,206839
	Média	0,607958	0,651683	-0,77754	-0,94886	0,62733	0,640492	-0,7257	-0,69802	0,613344	0,639532	-1,0031	-1,01406	0,618082
	Mediana	0,616048	0,69582	-0,4007	-0,60703	0,654722	0,662685	-0,5115	-0,48357	0,642703	0,673247	-0,52447	-0,66079	0,639485
	Máx.	0,941211	0,950602	0,188311	0,193638	0,933845	0,95102	0,194718	0,193615	0,950028	0,956661	0,197865	0,193687	0,950172
PCA3	Mín.	-0,19912	-0,19998	-0,19915	-0,19817	-0,3145	-0,32531	-0,30392	-0,31372	-0,19958	-0,19843	-0,19868	-0,19755	-0,31583
	Média	0,251544	0,348751	0,153077	0,230562	-0,26578	-0,28236	-0,25128	-0,26153	0,244656	0,257424	0,121116	0,22983	-0,2653
	Mediana	-0,02809	-0,04129	-0,02763	-0,01853	-0,26978	-0,28873	-0,2537	-0,26577	-0,02402	-0,02638	-0,05745	-0,02841	-0,26895
	Máx.	6,481119	34,90501	11,24551	10,67521	-0,20057	-0,20094	-0,20105	-0,20248	5,739189	11,2077	3,384549	16,92247	-0,20086
PCA4	Mín.	-0,39542	-0,39731	-0,39369	-0,39886	-0,37619	-0,37126	-0,39716	-0,39684	-1,25027	-1,22084	-1,21449	-1,13853	-1,24332
	Média	1,030652	0,94334	0,839835	0,728573	1,088658	1,125488	0,837988	0,867379	-0,881	-0,83045	-0,8525	-0,80304	-0,87789
	Mediana	0,956571	0,843296	0,664549	0,334136	1,025711	1,062969	0,491677	0,598316	-0,87578	-0,82491	-0,84403	-0,81514	-0,89279
	Máx.	2,82969	2,82634	2,890302	2,848484	2,875967	2,891137	2,869785	2,792003	-0,41074	-0,40079	-0,43247	-0,41111	-0,417 2
PCA5	Mín.	-0,19722	-0,19899	-0,18939	-0,1958	-0,1959	-0,1976	-0,19078	-0,19095	-0,19058	-0,18616	-0,19615	-0,18815	-0,196
	Média	0,692886	0,757261	0,642033	0,698495	0,682658	0,693974	0,661659	0,618725	0,84803	0,77689	0,822063	0,791532	0,824284
	Mediana	0,537914	0,609134	0,438724	0,587864	0,500322	0,514611	0,457563	0,432322	0,775864	0,59967	0,802156	0,730284	0,795933
	Máx.	2,938322	4,205435	2,765824	2,808973	4,140417	2,995524	3,446519	2,717293	2,760305	2,593518	2,351784	2,947057	2,67123

		Cluster 14 (SEQ ID NO: 2349 -- SEQ ID NO:2556)	Cluster 15 (SEQ ID NO: 2557-- SEQ ID NO:2692)	Cluster 16 (SEQ ID NO: 2693 -- SEQ ID NO:2854)	Cluster 17 (SEQ ID NO: 2854-- SEQ ID NO:3003)	Cluster 18 (SEQ ID NO: 3004-- SEQ ID NO:3150)	Cluster 19 (SEQ ID NO: 3151-- SEQ ID NO:3288)	Cluster 20 (SEQ ID NO: 3289-- SEQ ID NO:3455)	Cluster 21 (SEQ ID NO: 3456-- SEQ ID NO:3585)	Cluster22 (SEQ ID NO: 3586-- SEQ ID NO:3730)
PCA1	Mín.	-1,03449	-0,3984	-0,93226	-0,4	-0,93176	-0,3845	-0,93215	-0,39456	-0,93174
	Média	-0,70636	0,519692	-0,72131	0,788093	-0,72141	0,822434	-0,7062	0,648476	-0,71986
	Mediana	-0,72054	0,149839	-0,72068	0,474147	-0,72052	0,469551	-0,72007	0,373243	-0,72054
	Máx.	-0,40125	2,973061	-0,4106	3,076914	-0,4042	3,022389	-0,40471	2,902287	-0,41693
PCA2	Mín.	0,206354	-4,6237	-4,17636	0,201471	0,200304	-12,4583	-5,15079	0,202767	0,202637
	Média	0,613673	-0,71726	-0,89472	0,585603	0,656596	-0,99953	-0,84736	0,618663	0,60694
	Mediana	0,642803	-0,38947	-0,58265	0,600619	0,671923	-0,69949	-0,41126	0,650056	0,588239
	Máx.	0,955582	0,178297	0,199158	0,947875	0,957912	0,189554	0,199151	0,949085	0,95292
PCA3	Mín.	-0,3256	-0,30535	-0,31509	-0,19941	-0,19977	-0,19819	-0,19983	-0,31601	-0,32437
	Média	-0,27114	-0,2528	-0,26165	0,635893	0,335092	0,188191	0,219518	-0,27138	-0,27931
	Mediana	-0,27173	-0,25626	-0,26456	-0,04339	0,008014	-0,04381	-0,04394	-0,27672	-0,29129
	Máx.	-0,20023	-0,20007	-0,20018	34,91703	8,740083	7,182482	13,78985	-0,20023	-0,20086
PCA4	Mín.	-1,17361	-1,13483	-1,21844	-0,39205	-0,38758	-0,39849	-0,39561	-0,36964	-0,38206
	Média	-0,85262	-0,83671	-0,8048	0,614565	0,833197	0,600433	0,604744	0,646062	0,758589
	Mediana	-0,87973	-0,86109	-0,8269	0,451215	0,567642	0,449885	0,359338	0,523269	0,57825
	Máx.	-0,4226	-0,43388	-0,41083	2,809658	3,04613	2,884778	2,972785	2,6186	2,974322
PCA5	Mín.	-0,19829	-0,19924	-0,19297	-1,79801	-2,53365	-2,6192	-2,44086	-2,6779	-2,62344
	Média	0,810572	0,736591	0,728155	-0,72144	-0,84754	-0,80889	-0,82297	-0,72856	-0,70873
	Mediana	0,764994	0,693731	0,657955	-0,72833	-0,77132	-0,70957	-0,77948	-0,59442	-0,57736
	Máx.	2,416623	2,278981	2,616655	-0,20335	-0,20762	-0,20218	-0,20251	-0,20116	-0,20382

		Cluster 23 (SEQ ID NO: 3731 -- SEQ ID NO:3848)	Cluster 24 (SEQ ID NO: 3849-- SEQ ID NO:3980)	Cluster 25 (SEQ ID NO: 3981-- SEQ ID NO:4191)	Cluster 26 (SEQ ID NO: 4192-- SEQ ID NO:4400)	Cluster 27 (SEQ ID NO: 4401-- SEQ ID NO:4528)	Cluster 28 (SEQ ID NO: 4529-- SEQ ID NO:4645)	Cluster 29 (SEQ ID NO: 4646-- SEQ ID NO:4835)	Cluster 30 (SEQ ID NO: 4836-- SEQ ID NO:5045)	Cluster 31 (SEQ ID NO: 5046-- SEQ ID NO:5161)	Cluster 32 (SEQ ID NO:5162 -- SEQ ID NO:5286)
PCA1	Mín.	-0,39968	-0,93205	-0,38484	-0,93175	-0,36299	-0,93202	-0,39541	-0,93174	-0,38676	-0,93219
	Média	0,569528	-0,7112	0,89369	-0,71148	0,847871	-0,6997	0,733638	-0,71468	0,713562	-0,72235
	Mediana	0,307897	-0,71444	0,656779	-0,7205	0,473467	-0,71199	0,522102	-0,72051	0,378272	-0,72062
	Máx.	2,76172	-0,40915	3,044789	-0,40213	6,206739	-0,40329	2,997077	-0,40188	2,942702	-0,40344
PCA2	Mín.	-4,50821	-4,32937	0,205796	0,217611	-3,95614	-4,39001	0,203336	0,213622	-3,27891	-4,31097
	Média	-0,777	-0,77438	0,615151	0,627195	-0,58233	-0,66813	0,642413	0,668567	-0,54379	-0,6389
	Mediana	-0,41811	-0,59493	0,63135	0,641379	-0,23895	-0,27959	0,691753	0,727605	-0,27039	-0,39873
	Máx.	0,196954	0,180603	0,941307	0,956251	0,199442	0,199682	0,947101	0,955864	0,197573	0,197193
PCA3	Mín.	-0,30606	-0,31336	-0,19852	-0,19834	-0,19909	-0,19493	-0,31606	-0,32335	-0,30162	-0,31598
	Média	-0,25642	-0,26736	0,171006	0,21757	0,20907	0,183239	-0,26663	-0,28001	-0,25672	-0,27043
	Mediana	-0,26139	-0,27169	-0,03015	-0,02662	-0,03223	-0,06903	-0,27011	-0,28811	-0,25858	-0,27998
	Máx.	-0,20052	-0,20409	4,462448	7,171082	7,193004	6,524651	-0,20077	-0,20004	-0,20218	-0,20128
PCA4	Mín.	-0,39748	-0,39925	-0,7756	-0,74818	-0,78247	-0,75487	-0,79614	-0,74639	-0,78065	-0,74365
	Média	0,668717	0,649507	-0,63225	-0,6052	-0,61175	-0,59977	-0,62563	-0,61235	-0,62339	-0,59687
	Mediana	0,41274	0,413211	-0,63785	-0,61495	-0,61728	-0,60438	-0,63223	-0,61292	-0,63546	-0,6038
	Máx.	2,854384	2,911189	-0,40047	-0,40417	-0,40476	-0,41372	-0,41488	-0,40099	-0,40756	-0,40546
PCA5	Mín.	-2,18571	-2,49096	-2,21238	-2,21096	-2,21537	-2,20254	-2,39722	-2,17311	-2,11438	-2,35552
	Média	-0,85226	-0,79404	-0,8952	-0,956	-0,91416	-0,91719	-0,96664	-0,96062	-0,95439	-0,98418
	Mediana	-0,79315	-0,76484	-0,83735	-0,91891	-0,92024	-0,83148	-0,90166	-0,94788	-0,90938	-0,885
	Máx.	-0,20566	-0,20015	-0,20978	-0,20039	-0,22084	-0,20408	-0,2077	-0,21493	-0,20199	-0,22725

EXEMPLO 3: DESENHO DE DEDOS DE ZINCO PARA LIGAR OS LOCI GENÔMICOS AO ZEA MAYS

[0313] Proteínas dedo de zinco voltadas contra as sequências de DNA identificadas dos loci genômicos representativos foram desenhadas conforme previamente descrito. *Consulte, por exemplo, Urnov et al., (2005) Nature 435:646 a 551.* A sequência-alvo e as hélices de reconhecimento exemplificativas são mostradas na Tabela 7 (desenhos de regiões de hélice de reconhecimento) e na Tabela 8 (sítios-alvo). Na Tabela 8, os nucleotídeos no sítio-alvo que entram em contato com as hélices de reconhecimento ZFP são indicados em letras maiúsculas e os nucleotídeos que não entram em contato são indicados em letras minúsculas. Os sítios-alvo de Nuclease Dedo de Zinco (ZFN) foram desenhados para todos os 72 loci genômicos selecionados previamente descritos. Inúmeros designs ZFP foram desenvolvidos e testados para identificar os dedos que se ligaram com o nível mais alto de eficiência com 72 sítios-alvo de loci genômicos representativos diferentes que foram identificados e selecionados em *Zea mays*, conforme descrito acima. As hélices de reconhecimento ZFP específicas (Tabela 7) que se ligam com o nível mais alto de eficiência às sequências de reconhecimento de dedo de zinco foram usadas para direcionamento e integração de uma sequência doadora dentro do genoma de *Zea mays*.

TABELA 7. desenhos de dedo de zinco para os loci genômicos selecionados de *Zea mays* (N/A indica "não aplicável"). Deve notar-se que as hélices de reconhecimento ZFP que são identificadas com um asterisco (*) foram desenhadas para direcionamento e integração de uma sequência doadora, porém, a conclusão de integração de doador dentro desses loci genômicos não foi concluída.

Número pDAB	Número ZFP	F1	F2	F3	F4	F5	F6
111879	111879 ZFN5	SEQ ID NO:5287 QSGDLTR	SEQ ID NO:5288RKD QLVA	SEQ ID NO:5289 RSDDLTR	SEQ ID NO:5290 TSSNRKT	SEQ ID NO:5291 RSDTLSE	SEQ ID NO:5292 ARSTRTN
	111879 ZFN7	SEQ ID NO:5293 RSDSLSV	SEQ ID NO:5294DRS NRKT	SEQ ID NO:5295QSS HLTR	SEQ ID NO:5296 RSDALAR	SEQ ID NO:5297 RSDDLTR	SEQ ID NO:5298 DPSALRK
111885	111885 ZFN1	SEQ ID NO:5299 RSDNLSQ	SEQ ID NO:5300 ASNDRKK	SEQ ID NO:5301 ERGTLAR	SEQ ID NO:5302 RSDHLSR	SEQ ID NO:5303 ERGTLAR	SEQ ID NO:5304 QSGHLSR
	111885 ZFN2	SEQ ID NO:5305 RSANLAR	SEQ ID NO:5306 DRSDLSR	SEQ ID NO:5307 RSDTLSQ	SEQ ID NO:5308RSA DLSR	SEQ ID NO:5309 DRSNLSR	SEQ ID NO:5310 NSRNLRN
117404	SIG115737_31 v1	SEQ ID NO:5311 RSDSLSV	SEQ ID NO:5312 DRSHLAR	SEQ ID NO:5313 DRSNLSR	SEQ ID NO:5314 RRSDLKR	SEQ ID NO:5315 RSDTLSE	SEQ ID NO:5316 QNATRIN
	SIG115737_32 v1	SEQ ID NO:5317 QSGSLTR	SEQ ID NO:5318 QSGDLTR	SEQ ID NO:5319 RSDVLSE	SEQ ID NO:5320 TRNGLKY	N/A	N/A
117408	SIG120523_11 v1	SEQ ID NO:5321 RSDNLSR	SEQ ID NO:5322 DNSNRKT	SEQ ID NO:5323QNA HRKT	SEQ ID NO:5324 QKATRIT	SEQ ID NO:5325 DRSHLTR	SEQ ID NO:5326 RSDDRKK
	SIG120523_12 v1	SEQ ID NO:5327 ASKTRTN	SEQ ID NO:5328 QSGSLTR	SEQ ID NO:5329 LRHHLTR	SEQ ID NO:5330 QSAHLKA	N/A	N/A
117400	SIG115246_5	SEQ ID NO:5331 QSGDLTR	SEQ ID NO:5332 ASHNLRT	SEQ ID NO:5333 DRSNLTR	SEQ ID NO:5334 QSSDLRSR	SEQ ID NO:5335 DAGNRNK	N/A
	SIG115246_6	SEQ ID NO:5336 DRSDLSR	SEQ ID NO:5337 RSDNLTR	SEQ ID NO:5338 DRSHLSR	SEQ ID NO:5339 TSGNLTR	SEQ ID NO:5340 QSSDLRSR	N/A
117402	SIG115636_1v 1	SEQ ID NO:5341 QSSDLRSR	SEQ ID NO:5342 HRSTRNR	SEQ ID NO:5343 RSDDLTR	SEQ ID NO:5344 DRSNLKA	SEQ ID NO:5345 DRSHLTR	SEQ ID NO:5346 QRSTLKS
	SIG115636_2v 1	SEQ ID NO:5347 RSDALSR	SEQ ID NO:5348 RSDDLTR	SEQ ID NO:5349 DRSHLTR	SEQ ID NO:5350 TSSNRKT	SEQ ID NO:5351 RSDTLSE	SEQ ID NO:5352 DRSHLAR
117406	SIG120417_11 v1	SEQ ID NO:5353 DRSARTR	SEQ ID NO:5354 QSGHLSR	SEQ ID NO:5355 QSGNLAR	SEQ ID NO:5356 RSDVLST	SEQ ID NO:5357 RYAYLTS	SEQ ID NO:5358 RRWTLVG
	SIG120417_12 v1	SEQ ID NO:5359 RSDNLSQ	SEQ ID NO:5360 ASNDRKK	SEQ ID NO:5361 QSGDLTR	SEQ ID NO:5362 LKDTLRR	SEQ ID NO:5363 QSGNLAR	N/A
117411	SIG120621_15 v1	SEQ ID NO:5364 QSGDLTR	SEQ ID NO:5365 MQNYLSR	SEQ ID NO:5366 RSDHLSE	SEQ ID NO:5367 QNANRKT	SEQ ID NO:5368 RSADLTR	N/A
	SIG120621_16 v1	SEQ ID NO:5369 RSDNLSE	SEQ ID NO:5370 QSANRTK	SEQ ID NO:5371 RSDALSR	SEQ ID NO:5372 DRSALAR	SEQ ID NO:5373 RSDHLSE	SEQ ID NO:5374 DSQNRKI
117413	SIG12078_11v 1	SEQ ID NO:5375 QSGDLTR	SEQ ID NO:5376 DKGNLTK	SEQ ID NO:5377 RSADLTR	SEQ ID NO:5378 DRSHLAR	SEQ ID NO:5379 RSDTLSE	SEQ ID NO:5380 DRSNRKT
	SIG12078_12v 1	SEQ ID NO:5381 DRSNLSR	SEQ ID NO:5382 LRQDLKR	SEQ ID NO:5383 RSDHLSE	SEQ ID NO:5384 DRSALAR	SEQ ID NO:5385 DRSALS	SEQ ID NO:5386 NRRGRWS
117429	SIG157315_1v 1	SEQ ID NO:5387 RPYTLRL	SEQ ID NO:5388 HRSSLRR	SEQ ID NO:5389 RSDSLLR	SEQ ID NO:5390 WLSLSA	SEQ ID NO:5391 QSGDLTR	SEQ ID NO:5392 DRSHLAR
	SIG157315_2v 1	SEQ ID NO:5393 DRSNLSR	SEQ ID NO:5394 LKQHLNE	SEQ ID NO:5395 LRHHLTR	SEQ ID NO:5396 QSGNLHV	SEQ ID NO:5397 TSGHLSR	N/A
124802		SEQ ID NO:5495 QSSDLRSR	SEQ ID NO:5496 QSGNLAR	SEQ ID NO:5497 DRSNRTT	SEQ ID NO:5498 DNSNRKI	N/A	N/A
		SEQ ID NO:5499 QSSDLRSR	SEQ ID NO:5500 RTDALRG	SEQ ID NO:5501 RSDHLSE	SEQ ID NO:5502 SYRSRWG	SEQ ID NO:5503 DRSALAR	N/A
121900	SIGPPL05_1	SEQ ID NO:5504 RSDTLSE	SEQ ID NO:5505 QSGDLTR	SEQ ID NO:5506 TSGNLTR	SEQ ID NO:5507 DRSALAR	N/A	N/A
	SIGPPL05_2	SEQ ID NO:5508 RSDSLSV	SEQ ID NO:5509 QSGDLTR	SEQ ID NO:5510 DRSNLSR	SEQ ID NO:5511 RQDSRSQ	SEQ ID NO:5512 RSDHLA	SEQ ID NO:5513 QHGLSLAS
124810	SIGPPL06_9	SEQ ID NO:5514 RSANLAR	SEQ ID NO:5515 RSDHLTT	SEQ ID NO:5516 RSANLAR	SEQ ID NO:5517 TNQNRIT	N/A	N/A
	SIGPPL06_10	SEQ ID NO:5518 QSGNLAR	SEQ ID NO:5519 QSNQLAV	SEQ ID NO:5520 QNAHRKT	SEQ ID NO:5521 RSDDLRSK	SEQ ID NO:5522 RSDTRKT	N/A

Continuação

121902	SIGPPL07_1	SEQ ID NO:5523 QSSHLTR	SEQ ID NO:5524 QSSDLTR	SEQ ID NO:5525 RSDDLTR	SEQ ID NO:5526 QSSDLRR	SEQ ID NO:5527 TSGSLSR	SEQ ID NO:5528 TSSNRAV
	SIGPPL07_2	SEQ ID NO:5529 RSDHLSR	SEQ ID NO:5530 DRSARNS	SEQ ID NO:5531 RSDTLSE	SEQ ID NO:5532 SRCWRRK	N/A	N/A
123802	ZmPPL18SIG_5	SEQ ID NO:5533 TSGNLTR	SEQ ID NO:5534 LKQMLAV	SEQ ID NO:5535 QSSNLAR	SEQ ID NO:5536 RSDNLTR	SEQ ID NO:5537 RSDNLST	SEQ ID NO:5538 QSGHLSR
	ZmPPL18SIG_6	SEQ ID NO:5539 RSDNLAR	SEQ ID NO:5540 QKKDRSY	SEQ ID NO:5541 RSDVLSR	SEQ ID NO:5542 DSRDRKN	N/A	N/A
123805	ZmSIGPPL19_1	SEQ ID NO:5543 RSAHLSR	SEQ ID NO:5544 QSANRTK	SEQ ID NO:5545 QSSDLSR	SEQ ID NO:5546 QSSDLSR	SEQ ID NO:5547 QWSTRKR	N/A
	ZmSIGPPL19_2	SEQ ID NO:5548 QSSDLSR	SEQ ID NO:5549 QSAHRKN	SEQ ID NO:5550 RSDNLST	SEQ ID NO:5551 DSSTRKT	SEQ ID NO:5552 RSDHLSR	SEQ ID NO:5553 DRSNRKT
121992	ZmPPL20v2_1	SEQ ID NO:5554 QSSDLSR	SEQ ID NO:5555 QAGNLSK	SEQ ID NO:5556 DRSNLSR	SEQ ID NO:5557 LKQHLTR	N/A	N/A
	ZmPPL20v2_2	SEQ ID NO:5558 DRSNLSR	SEQ ID NO:5559 QSGDLTR	SEQ ID NO:5560 QSSDLSR	SEQ ID NO:5561 QAGNLSK	SEQ ID NO:5562 QNAHRKT	N/A
118643	SIGPPL09_1	SEQ ID NO:5563 RSDHLSQ	SEQ ID NO:5564 QNAHRIT	SEQ ID NO:5565 RSDDLTR	SEQ ID NO:5566 QRSTLSS	SEQ ID NO:5567 TSGNLTR	SEQ ID NO:5568 DRSNLTR
	SIGPPL09_2	SEQ ID NO:5569 TSGNLTR	SEQ ID NO:5570 RSDDLTR	SEQ ID NO:5571 QSGDLTR	SEQ ID NO:5572 MQNYLSR	SEQ ID NO:5573 QSGNLAR	SEQ ID NO:5574 DQSGLAH
118648	SIGPPL10_5	SEQ ID NO:5575 rsdnlst	SEQ ID NO:5576 drsalar	SEQ ID NO:5577 lkqhltr	SEQ ID NO:5578 rrddlrm	SEQ ID NO:5579 rsddltr	SEQ ID NO:5580 drsnlka
	SIGPPL10_6	SEQ ID NO:5581 rsdtlse	SEQ ID NO:5582 qsgdltr	SEQ ID NO:5583 qsgdltr	SEQ ID NO:5584 drsvlrr	SEQ ID NO:5585 rsdnlar	SEQ ID NO:5586 drsnlrr
118650	SIGPPL21_1	SEQ ID NO:5587 DRSHLTR	SEQ ID NO:5588 QSGDLTR	SEQ ID NO:5589 QSGDLTR	SEQ ID NO:5590 RSDNLSE	SEQ ID NO:5591 KRGNRAK	N/A
	SIGPPL21_2	SEQ ID NO:5592 ERGTLAR	SEQ ID NO:5593 RSDALAR	SEQ ID NO:5594 RSDALSR	SEQ ID NO:5595 DRSALAR	SEQ ID NO:5596 ERGTLAR	SEQ ID NO:5597 DRSALAR
118654	SIGPPL22_3	SEQ ID NO:5598 QSSDLSR	SEQ ID NO:5599 RSDHLSR	SEQ ID NO:5600 RSDTLSQ	SEQ ID NO:5601 QKATRIT	SEQ ID NO:5602 RSDALAR	N/A
	SIGPPL22_4	SEQ ID NO:5603 RSDNLVS	SEQ ID NO:5604 DRSHLAR	SEQ ID NO:5605 RSDTLRS	SEQ ID NO:5606 QSADRTK	SEQ ID NO:5607 TSGHLSR	N/A
118656	SIGPPL23_1	SEQ ID NO:5608 QRSNLVR	SEQ ID NO:5609 DRSHLAR	SEQ ID NO:5610 RSDTLSE	SEQ ID NO:5611 RMYTLSE	SEQ ID NO:5612 DRSALSR	SEQ ID NO:5613 RSDDLTR
	SIGPPL23_2	SEQ ID NO:5614 RSDALTQ	SEQ ID NO:5615 DRSDLSR	SEQ ID NO:5616 RRTDLRR	SEQ ID NO:5617 RSDNLAR	SEQ ID NO:5618 QRSPLPA	N/A
118659	SIGPPL24_4	SEQ ID NO:5619 RSDLSA	SEQ ID NO:5620 QNAHRKT	SEQ ID NO:5621 ERGTLAR	SEQ ID NO:5622 RSDNLTR	SEQ ID NO:5623 TSGNLTR	SEQ ID NO:5624 QRSHLSD
	SIGPPL24_3	SEQ ID NO:5625 QSGDLTR	SEQ ID NO:5626 QRSNLNI	SEQ ID NO:5627 RSDNLAR	SEQ ID NO:5628 DRSVLHR	SEQ ID NO:5629 DRSDLSR	SEQ ID NO:5630 RQDTLRS
118660	SIGPPL25_2	SEQ ID NO:5631 RSDALSR	SEQ ID NO:5632 QSGSLTR	SEQ ID NO:5633 RSDALSV	SEQ ID NO:5634 DSSHRTT	SEQ ID NO:5635 QSGDLTR	SEQ ID NO:5636 QSGHLSR
	SIGPPL25_1	SEQ ID NO:5637 RSDNLAR	SEQ ID NO:5638 HRNTLLG	SEQ ID NO:5639 TSGSLSR	SEQ ID NO:5640 RSDHLTT	SEQ ID NO:5641 QSGDLTR	SEQ ID NO:5642 RPYTLRL

Continuação

118767	SIGPPL26_1	SEQ ID NO : 5643 RSADLTR	SEQ ID NO : 5644 RSDALAR	SEQ ID NO : 5645 RSDTLSQ	SEQ ID NO : 5646 RSDDRKK	SEQ ID NO : 5647 TSGSLSR	N/A
	SIGPPL26_2	SEQ ID NO : 5648 RSDTLA	SEQ ID NO : 5649 RSADRKK	SEQ ID NO : 5650 QRSNLVR	SEQ ID NO : 5651 DRSHLAR	SEQ ID NO : 5652 RSDALSV	N/A
118769	SIGPPL27_1	SEQ ID NO : 5653 DRSNLSR	SEQ ID NO : 5654 QSGNLAR	SEQ ID NO : 5655 RSDHLTQ	SEQ ID NO : 5656 QSGDLTR	SEQ ID NO : 5657 LRHQLKS	N/A
	SIGPPL27_2	SEQ ID NO : 5658 RSADLTR	SEQ ID NO : 5659 QSGDLTR	SEQ ID NO : 5660 DRSHLSR	SEQ ID NO : 5661 TSGNLTR	SEQ ID NO : 5662 RSDHLSA	SEQ ID NO : 5663 TTRYRNR
118663	SIGPPL28_1	SEQ ID NO : 5664 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5665 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5666 QSGHLSR	SEQ ID NO : 5667 TSGNLTR	SEQ ID NO : 5668 QSGHLSR	N/A
	SIGPPL28_2	SEQ ID NO : 5669 QSGNLAR	SEQ ID NO : 5670 DISNRSK	SEQ ID NO : 5671 DRSDLSR	SEQ ID NO : 5672 RRTDLRR	SEQ ID NO : 5673 TSGSLTR	N/A
118668	SIGPPL29_5	SEQ ID NO : 5674 DRSHLSR	SEQ ID NO : 5675 TSGNLTR	SEQ ID NO : 5676 DRSNLSR	SEQ ID NO : 5677 FPGSRTR	SEQ ID NO : 5678 RNDDRKK	N/A
	SIGPPL29_6	SEQ ID NO : 5679 TSGSLSR	SEQ ID NO : 5680 QLNNLKT	SEQ ID NO : 5681 RSDVLST	SEQ ID NO : 5682 ASGNLLN	SEQ ID NO : 5683 RSDNLSR	SEQ ID NO : 5684 DNSNRKT
118669	SIGPPL30_1	SEQ ID NO : 5685 RSDTLSQ	SEQ ID NO : 5686 ASANRTK	SEQ ID NO : 5687 QSSNLAR	SEQ ID NO : 5688 DSSDRKK	SEQ ID NO : 5689 RSDHLST	SEQ ID NO : 5690 QSGHLSR
	SIGPPL30_2	SEQ ID NO : 5691 RSDHLSA	SEQ ID NO : 5692 SYWSRTV	SEQ ID NO : 5693 DRSALSR	SEQ ID NO : 5694 DRSHLAR	SEQ ID NO : 5695 RSDNLTR	N/A
118670	SIGPPL31_1	SEQ ID NO : 5696 DRSDLSR	SEQ ID NO : 5697 DRSNRKN	SEQ ID NO : 5698 RSDVLSE	SEQ ID NO : 5699 RNFSLTM	SEQ ID NO : 5700 RSDALAR	N/A
	SIGPPL31_2	SEQ ID NO : 5701 QSGALAR	SEQ ID NO : 5702 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5703 RRDILHQ	SEQ ID NO : 5704 RSADLTR	SEQ ID NO : 5705 QSGDLTR	N/A
118673	SIGPPL32_5	SEQ ID NO : 5706 QSGALAR	SEQ ID NO : 5707 DRSNLSR	SEQ ID NO : 5708 LKQHLTR	SEQ ID NO : 5709 RSDNLST	SEQ ID NO : 5710 RSDHLSR	N/A
	SIGPPL32_6	SEQ ID NO : 5711 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5712 HRSNLNK	SEQ ID NO : 5713 DRSNLSR	SEQ ID NO : 5714 DASNLRQ	SEQ ID NO : 5715 TSSNLSR	N/A
118674	SIGPPL33_1	SEQ ID NO : 5716 RSDSLLR	SEQ ID NO : 5717 CREYRGK	SEQ ID NO : 5718 TSGHLSR	SEQ ID NO : 5719 RSDVLSA	SEQ ID NO : 5720 RNDHRIN	NA
	SIGPPL33_2	SEQ ID NO : 5721 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5722 RSDNLRE	SEQ ID NO : 5723 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5724 RLDNRTA	SEQ ID NO : 5725 RSDVLSN	SEQ ID NO : 5726 DRSTRIT
118676	SIGPPL34_1	SEQ ID NO : 5727 RSDSLLR	SEQ ID NO : 5728 WLSSLSA	SEQ ID NO : 5729 ERGTLAR	SEQ ID NO : 5730 TSGSLTR	SEQ ID NO : 5731 RSDTLSE	SEQ ID NO : 5732 QSGHLSR
	SIGPPL34_2	SEQ ID NO : 5733 QSGNLAR	SEQ ID NO : 5734 DISNRSK	SEQ ID NO : 5735 RSDHLSR	SEQ ID NO : 5736 HRYHRLS	N/A	N/A
118677	SIGPPL35_1	SEQ ID NO : 5737 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5738 DRSHLAR	SEQ ID NO : 5739 DRSALSR	SEQ ID NO : 5740 RSDALAR	SEQ ID NO : 5741 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5742 HKYHLRS
	SIGPPL35_2	SEQ ID NO : 5743 RSDHLSE	SEQ ID NO : 5744 RKDARIT	SEQ ID NO : 5745 ERGTLAR	SEQ ID NO : 5746 RSDALTQ	SEQ ID NO : 5747 DRSHLTR	SEQ ID NO : 5748 RSDHLTT
118680	SIGPPL36_1	SEQ ID NO : 5749 TSGSLSR	SEQ ID NO : 5750 QMHHLKT	SEQ ID NO : 5751 TSSNLSR	SEQ ID NO : 5752 QSGALAR	SEQ ID NO : 5753 RSDDLTR	N/A
	SIGPPL36_2	SEQ ID NO : 5754 DRSALSR	SEQ ID NO : 5755 RSDHLSR	SEQ ID NO : 5756 DRSARTR	SEQ ID NO : 5757 QSGHLSR	SEQ ID NO : 5758 RSDHLSE	SEQ ID NO : 5759 ARSTRTN

Continuação

118683	SIGPPL37_1	SEQ ID NO : 5760 RSANLAR	SEQ ID NO : 5761 RNDDRKK	SEQ ID NO : 5762 DRSHLTR	SEQ ID NO : 5763 DRSNLTR	N/A	N/A
	SIGPPL37_2	SEQ ID NO : 5764 TSGSLSR	SEQ ID NO : 5765 DSSDRKK	SEQ ID NO : 5766 QSGDLTR	SEQ ID NO : 5767 DRSHLTR	SEQ ID NO : 5768 DRSHLAR	N/A
118685	SIGPPL38_1	SEQ ID NO : 5769 RSDHLSA	SEQ ID NO : 5770 TKSNRTK	SEQ ID NO : 5771 DRSNLTR	SEQ ID NO : 5772 RSDDLTR	SEQ ID NO : 5773 QKSSLRT	N/A
	SIGPPL38_2	SEQ ID NO : 5774 RRDLIT	SEQ ID NO : 5775 TSSNLSR	SEQ ID NO : 5776 DRSALSR	SEQ ID NO : 5777 RSDDRKT	SEQ ID NO : 5778 RSDTLSE	SEQ ID NO : 5779 HRRSRWG
123833	ZmSIGPPL39_1	SEQ ID NO : 5780 RSDNLSA	SEQ ID NO : 5781 RNNDRKT	SEQ ID NO : 5782 QSGDLTR	SEQ ID NO : 5783 RSDDLTR	SEQ ID NO : 5784 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5785 HKYHLRS
	ZmSIGPPL39_2	SEQ ID NO : 5786 TNQNRIT	SEQ ID NO : 5787 HRSSLRR	SEQ ID NO : 5788 DSSTRKT	SEQ ID NO : 5789 QSATRTK	SEQ ID NO : 5790 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5791 HRKSLSR
118771	SIGPPL40_1	SEQ ID NO : 5792 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5793 QSTHRNA	SEQ ID NO : 5794 RSDHLTQ	SEQ ID NO : 5795 DRSDLSR	SEQ ID NO : 5796 RSDNLTR	N/A
	SIGPPL40_2	SEQ ID NO : 5797 QSGDLTR	SEQ ID NO : 5798 DRSHLTR	SEQ ID NO : 5799 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5800 DRSNLSR	SEQ ID NO : 5801 QSGNLAR	N/A
121943	ZmSIGPPL41_7	SEQ ID NO : 5802 DRSALSR	SEQ ID NO : 5803 RSDALTQ	SEQ ID NO : 5804 RSDSLLR	SEQ ID NO : 5805 RSDALTQ	SEQ ID NO : 5806 RSDNLST	SEQ ID NO : 5807 DNSNRIN
	ZmSIGPPL41_8	SEQ ID NO : 5808 RSDNLST	SEQ ID NO : 5809 RSDNRTK	SEQ ID NO : 5810 RSDVLST	SEQ ID NO : 5811 WSSSRAA	SEQ ID NO : 5812 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5813 TSSNRKT
121946	ZmSIGPPL42_7	SEQ ID NO : 5814 QSSHLTR	SEQ ID NO : 5815 RSDALTQ	SEQ ID NO : 5816 ERGTLAR	SEQ ID NO : 5817 RNDDRKK	N/A	N/A
	ZmSIGPPL42_8	SEQ ID NO : 5818 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5819 TSSNRKT	SEQ ID NO : 5820 RSDNLST	SEQ ID NO : 5821 QNANRIT	SEQ ID NO : 5822 ERGTLAR	SEQ ID NO : 5823 RSDDLTR
121949	ZmSIGPPL43_3	SEQ ID NO : 5824 RSDNLSE	SEQ ID NO : 5825 RHSALSA	SEQ ID NO : 5826 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5827 QSYNRFV	SEQ ID NO : 5828 ERGTLAR	SEQ ID NO : 5829 TSGSLTR
	ZmSIGPPL43_4	SEQ ID NO : 5830 ERGTLAR	SEQ ID NO : 5831 RSDDLTR	SEQ ID NO : 5832 RSDHLSE	SEQ ID NO : 5833 RNQHRKN	SEQ ID NO : 5834 DRSHLAR	N/A
121952	ZmSIGPPL44_1	SEQ ID NO : 5835 QSGNLAR	SEQ ID NO : 5836 QGANLIK	SEQ ID NO : 5837 RSDSLSV	SEQ ID NO : 5838 DRSDLSR	SEQ ID NO : 5839 QSGHLR	N/A
	ZmSIGPPL44_2	SEQ ID NO : 5840 TSGSLSR	SEQ ID NO : 5841 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5842 RSAHLR	SEQ ID NO : 5843 RSDALST	SEQ ID NO : 5844 DRSTRTK	N/A
121959	ZmSIGPPL45_7	SEQ ID NO : 5845 RSDDLST	SEQ ID NO : 5846 QSATRTK	SEQ ID NO : 5847 RSDALTQ	SEQ ID NO : 5848 DRSHLTR	SEQ ID NO : 5849 TSSNRKT	N/A
	ZmSIGPPL45_8	SEQ ID NO : 5850 DRSALSR	SEQ ID NO : 5851 TSSNRKT	SEQ ID NO : 5852 RSADLTR	SEQ ID NO : 5853 RSDDLTR	SEQ ID NO : 5854 RSDVLST	SEQ ID NO : 5855 DCRNRWR
121963	ZmSIGPPL46_7	SEQ ID NO : 5856 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5857 QSGSLTR	SEQ ID NO : 5858 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5859 RSDNLST	SEQ ID NO : 5860 RSDNRTK	N/A
	ZmSIGPPL46_8	SEQ ID NO : 5861 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5862 AASNRSK	SEQ ID NO : 5863 DRSHLTR	SEQ ID NO : 5864 DRSHLAR	SEQ ID NO : 5865 RSDTLAS	SEQ ID NO : 5866 RSADRKK
121971	ZmSIGPPL48_7	SEQ ID NO : 5867 RSDNLST	SEQ ID NO : 5868 DRSNRKT	SEQ ID NO : 5869 RSDALAR	SEQ ID NO : 5870 RSDNLST	SEQ ID NO : 5871 DRSALAR	N/A
	ZmSIGPPL48_8	SEQ ID NO : 5872 DRSDLSR	SEQ ID NO : 5873 DRSNRKN	SEQ ID NO : 5874 QSSDLSR	SEQ ID NO : 5875 WRSSLRQ	SEQ ID NO : 5876 RSDHLSQ	SEQ ID NO : 5877 TRSPLTT

Continuação

121972	ZmSIGPPL49_1	SEQ ID NO: 5878 TRDHLST	SEQ ID NO: 5879 RSDARTN	SEQ ID NO: 5880 RSDHLSLSE	SEQ ID NO: 5881 QSNHRKT	SEQ ID NO: 5882 RSDALAR	N/A
	ZmSIGPPL49_2	SEQ ID NO: 5883 ERGTLAR	SEQ ID NO: 5884 RSDALTQ	SEQ ID NO: 5885 RSDSLSV	SEQ ID NO: 5886 DRSALAR	SEQ ID NO: 5887 QSSNLAR	SEQ ID NO: 5888 QSADRTK
124097	ZmSIGPPL50_5	SEQ ID NO: 5889 RSDHLSA	SEQ ID NO: 5890 QSGDLTR	SEQ ID NO: 5891 QSSDLRS	SEQ ID NO: 5892 RSDNLAR	SEQ ID NO: 5893 FREGLYK	N/A
	ZmSIGPPL50_6	SEQ ID NO: 5894 TSGNLTR	SEQ ID NO: 5895 LKQMLAV	SEQ ID NO: 5896 ERGTALR	SEQ ID NO: 5897 RSDHLSR	SEQ ID NO: 5898 QSSHLTR	SEQ ID NO: 5899 QSSDLTR
123818	ZmPPL51_7	SEQ ID NO: 5900 RSDTLSE	SEQ ID NO: 5901 HRRSRWG	SEQ ID NO: 5902 RSDDLVS	SEQ ID NO: 5903 TSSNRKT	N/A	N/A
	ZmPPL51_8	SEQ ID NO: 5904 RSDTLSQ	SEQ ID NO: 5905 QRDHRIK	SEQ ID NO: 5906 DRSNLSR	SEQ ID NO: 5907 TSGNLTR	SEQ ID NO: 5908 RSDSLLR	SEQ ID NO: 5909 WLSSLASA
118705	SIGPPL52_5	SEQ ID NO: 5910 DRSNLSR	SEQ ID NO: 5911 LRQNLIM	SEQ ID NO: 5912 QNAHRKT	SEQ ID NO: 5913 QSGALAR	SEQ ID NO: 5914 QSGHLSR	N/A
	SIGPPL52_6	SEQ ID NO: 5915 QSGNLAR	SEQ ID NO: 5916 LAYDRRK	SEQ ID NO: 5917 RSDVLSE	SEQ ID NO: 5918 RNFSLTM	SEQ ID NO: 5919 RSADLTR	SEQ ID NO: 5920 DSSDRKK
118711	SIGPPL54_5	SEQ ID NO: 5921 RSDNLAR	SEQ ID NO: 5922 DQSYRRT	SEQ ID NO: 5923 RSDNLSE	SEQ ID NO: 5924 TSSNRKT	N/A	N/A
	SIGPPL54_6	SEQ ID NO: 5925 TSGSLSR	SEQ ID NO: 5926 RKELLRS	SEQ ID NO: 5927 RPYTLRL	SEQ ID NO: 5928 HRSSLRR	SEQ ID NO: 5929 DRSTRTK	SEQ ID NO: 5930 RSDYLAK
118718	ZmSIGPPL57_1	SEQ ID NO: 5931 QSSDLRS	SEQ ID NO: 5932 QSTHRNA	SEQ ID NO: 5933 RSADLTR	SEQ ID NO: 5934 RSDDLTR	SEQ ID NO: 5935 DRSNLSR	SEQ ID NO: 5936 QSGNLAR
	ZmSIGPPL57_2	SEQ ID NO: 5937 QSGHLAR	SEQ ID NO: 5938 DRSHLAR	SEQ ID NO: 5939 RSANLAR	SEQ ID NO: 5940 QSANRTK	SEQ ID NO: 5941 RSDHLTQ	N/A
118722	ZmSIGPPL58_3	SEQ ID NO: 5942 QSSDLRS	SEQ ID NO: 5943 RSDHLTQ	SEQ ID NO: 5944 DRSALAR	SEQ ID NO: 5945 RSDYLAK	SEQ ID NO: 5946 QSGDLTR	N/A
	ZmSIGPPL58_4	SEQ ID NO: 5947 RSDNLSQ	SEQ ID NO: 5948 QRQHRKT	SEQ ID NO: 5949 DQSNLRA	SEQ ID NO: 5950 RPYTLRL	SEQ ID NO: 5951 QSSNLAR	SEQ ID NO: 5952 RSDNLTT
118726	SIGPPL59_5	SEQ ID NO: 5953 QSGHLAR	SEQ ID NO: 5954 QRVALQA	SEQ ID NO: 5955 ERGTALR	SEQ ID NO: 5956 QSGDLTR	SEQ ID NO: 5957 RSDDLTR	N/A
	SIGPPL59_6	SEQ ID NO: 5958 QSSDLRS	SEQ ID NO: 5959 HRSNLNK	SEQ ID NO: 5960 RSADLTR	SEQ ID NO: 5961 TNQNRIT	SEQ ID NO: 5962 RSDALAR	N/A
118728	ZmSIGPPL60_3	SEQ ID NO: 5963 DSSALIN	SEQ ID NO: 5964 TSSNLSR	SEQ ID NO: 5965 RSDHLSR	SEQ ID NO: 5966 YGWYRHK	SEQ ID NO: 5967 TSGHLSR	SEQ ID NO: 5968 RSDNLTR
	ZmSIGPPL60_4	SEQ ID NO: 5969 QSGHLAR	SEQ ID NO: 5970 QRTNLVE	SEQ ID NO: 5971 DRSTRTK	SEQ ID NO: 5972 QSGNLHV	SEQ ID NO: 5973 RSDHLTQ	N/A
118732	SIGPPL61_5	SEQ ID NO: 5974 RSDNLST	SEQ ID NO: 5975 RSDNRKT	SEQ ID NO: 5976 RSDNLAR	SEQ ID NO: 5977 QKVNLMs	SEQ ID NO: 5978 QSGALAR	N/A
	SIGPPL61_6	SEQ ID NO: 5979 QSGDLTR	SEQ ID NO: 5980 TQGYLRK	SEQ ID NO: 5981 RSDNLAR	SEQ ID NO: 5982 DSSGLTH	SEQ ID NO: 5983 RNDDRKK	N/A
118733	ZmSIGPPL62_1	SEQ ID NO: 5984 DRSDLSR	SEQ ID NO: 5985 RRDYLRT	SEQ ID NO: 5986 RSDTLSE	SEQ ID NO: 5987 NNRDRTK	SEQ ID NO: 5988 RSDTLSE	SEQ ID NO: 5989 QSGDLTR
	ZmSIGPPL62_2	SEQ ID NO: 5990 QSSDLRS	SEQ ID NO: 5991 QSTHRNA	SEQ ID NO: 5992 RSDDLKS	SEQ ID NO: 5993 RSDALAR	N/A	N/A

Continuação

118735	SIGPPL62_5	SEQ ID NO : 5994 RSANLAR	SEQ ID NO : 5995 RSDDLTR	SEQ ID NO : 5996 RSDALST	SEQ ID NO : 5997 DRSTRTK	SEQ ID NO : 5998 QSGNLAR	SEQ ID NO : 5999 QSTPLFA
	SIGPPL62_6	SEQ ID NO : 6000 QSGHLAR	SEQ ID NO : 6001 ERIALVR	SEQ ID NO : 6002 RSDHLSE	SEQ ID NO : 6003 RSAHLRS	SEQ ID NO : 6004 RSDNLSV	N/A
118739	ZmSIGPPL64_1	SEQ ID NO : 6005 RSDTLSE	SEQ ID NO : 6006 QSHNRTK	SEQ ID NO : 6007 DRSHLTR	SEQ ID NO : 6008 DRSALAR	SEQ ID NO : 6009 TSGSLTR	N/A
	ZmSIGPPL64_2	SEQ ID NO : 6010 LRHHLTR	SEQ ID NO : 6011 QSYARTL	SEQ ID NO : 6012 RSDNLST	SEQ ID NO : 6013 RSDDLTR	SEQ ID NO : 6014 RSAHLRS	SEQ ID NO : 6015 RSDNLTR
118742	SIGPPL65_1	SEQ ID NO : 6016 RSDDLST	SEQ ID NO : 6017 DRSNRKT	SEQ ID NO : 6018 DRSNLSR	SEQ ID NO : 6019 QRTHLRD	SEQ ID NO : 6020 QSGHLRS	N/A
	SIGPPL65_2	SEQ ID NO : 6021 QSSDLRS	SEQ ID NO : 6022 QSGNRTT	SEQ ID NO : 6023 DRSNLTR	SEQ ID NO : 6024 QSGHLAR	SEQ ID NO : 6025 QRTNLVE	N/A
118745	ZmSIGPPL66_1	SEQ ID NO : 6026 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6027 RRDPLIN	SEQ ID NO : 6028 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6029 RSDSLRS	SEQ ID NO : 6030 DKSNRIK	N/A
	ZmSIGPPL66_2	SEQ ID NO : 6031 QSSDLRS	SEQ ID NO : 6032 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6033 QSSDLRS	SEQ ID NO : 6034 TSGNLTR	SEQ ID NO : 6035 QTSDRNK	N/A
124081	ZmSIGPPL67_3	SEQ ID NO : 6036 QSGSLTR	SEQ ID NO : 6037 RNDDRKK	SEQ ID NO : 6038 RSDSLSA	SEQ ID NO : 6039 QNAHRKT	SEQ ID NO : 6040 QNAHRKT	N/A
	ZmSIGPPL67_4	SEQ ID NO : 6041 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6042 DKGNLTK	SEQ ID NO : 6043 QSSDLRS	SEQ ID NO : 6044 QSAHRKN	SEQ ID NO : 6045 QSSDLRS	N/A
125361		SEQ ID NO : 6046 RSDALSR	SEQ ID NO : 6047 QSGSLTR	SEQ ID NO : 6048 QSGSLTR	SEQ ID NO : 6049 QSGSLTR	SEQ ID NO : 6050 TSGHLRS	SEQ ID NO : 6051 DRSHLAR
		SEQ ID NO : 6052 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6053 RSDHLRS	SEQ ID NO : 6054 RSDHLST	SEQ ID NO : 6055 RSDHLRS	N/A	N/A
118753	SIGPPL69_5	SEQ ID NO : 6056 QSSDLRS	SEQ ID NO : 6057 RSDYLTK	SEQ ID NO : 6058 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6059 LRQTLNS	SEQ ID NO : 6060 QSGHLRS	N/A
	SIGPPL69_6	SEQ ID NO : 6061 RSDTLVS	SEQ ID NO : 6062 DNSTRIK	SEQ ID NO : 6063 RSDNLST	SEQ ID NO : 6064 DNSNRIN	SEQ ID NO : 6065 TSSNLRS	N/A
124878		SEQ ID NO : 6066 RSDVLSA	SEQ ID NO : 6067 QNATRIN	SEQ ID NO : 6068 RSDVLSE	SEQ ID NO : 6069 QSGNLAR	SEQ ID NO : 6070 RSDNLSV	N/A
		SEQ ID NO : 6071 QSADRTK	SEQ ID NO : 6072 DRSNLTR	SEQ ID NO : 6073 RSDNLSE	SEQ ID NO : 6074 KRCNLRC	N/A	N/A
123829	ZmSIGPPL71_5	SEQ ID NO : 6075 DRSNLSR	SEQ ID NO : 6076 DSSARNT	SEQ ID NO : 6077 TSGNLTR	SEQ ID NO : 6078 DRSNLTR	SEQ ID NO : 6079 DRSNLSR	SEQ ID NO : 6080 QRSNLDS
	ZmSIGPPL71_6	SEQ ID NO : 6081 QSGNLAR	SEQ ID NO : 6082 QKVNRAG	SEQ ID NO : 6083 RSDNLSV	SEQ ID NO : 6084 QRNHRTT	SEQ ID NO : 6085 QKATRIT	N/A
118761	ZmSIGPPL72_3	SEQ ID NO : 6086 QSGALAR	SEQ ID NO : 6087 LRHNLRA	SEQ ID NO : 6088 DRSTRTK	SEQ ID NO : 6089 HRSARKR	SEQ ID NO : 6090 RSDHLSE	SEQ ID NO : 6091 TSSDRTK
	ZmSIGPPL72_4	SEQ ID NO : 6092 RSDSLRS	SEQ ID NO : 6093 DKSNRIK	SEQ ID NO : 6094 RSDDLTR	SEQ ID NO : 6095 DRSHLTR	SEQ ID NO : 6096 DRSNLTR	N/A
121904	SIGPPL74_1	SEQ ID NO : 6097 RSDNLST	SEQ ID NO : 6098 RQWSLRI	SEQ ID NO : 6099 TSGHLRS	SEQ ID NO : 6100 QSSDLRS	SEQ ID NO : 6101 RSDDLTR	N/A
	SIGPPL74_2	SEQ ID NO : 6102 RSANLAR	SEQ ID NO : 6103 RLDNRTA	SEQ ID NO : 6104 QSGHLAR	SEQ ID NO : 6105 DSSNREA	N/A	N/A

Continuação

121905	ZmSIGPPL75_1	SEQ ID NO : 6106 RSDALSR	SEQ ID NO : 6107 RSDNLTR	SEQ ID NO : 6108 RSADLTR	SEQ ID NO : 6109 RSDNLTR	N/A	N/A
	ZmSIGPPL75_2	SEQ ID NO : 6110 RSDNLSV	SEQ ID NO : 6111 RSDTRTE	SEQ ID NO : 6112 TSGSLSR	SEQ ID NO : 6113 QSGNLAR	SEQ ID NO : 6114 RSADLTR	N/A
121917	SIGPPL76_2	SEQ ID NO : 6115 TSGSLSR	SEQ ID NO : 6116 RSDHLTT	SEQ ID NO : 6117 RSDDLTR	SEQ ID NO : 6118 QRSTLSS	SEQ ID NO : 6119 ERGTLAR	SEQ ID NO : 6120 QSGHLSR
	SIGPPL76_1	SEQ ID NO : 6121 RSDHLSQ	SEQ ID NO : 6122 DNASRIR	SEQ ID NO : 6123 RSDNLST	SEQ ID NO : 6124 AQWTRAC	SEQ ID NO : 6125 RSDHLSE	SEQ ID NO : 6126 DKANRTR
121918	ZmSIGPPL77_2	SEQ ID NO : 6127 QSSDLSR	SEQ ID NO : 6128 LRHNLRA	SEQ ID NO : 6129 RSDTLST	SEQ ID NO : 6130 DRSSRIK	N/A	N/A
	ZmSIGPPL77_1	SEQ ID NO : 6131 QSGALAR	SEQ ID NO : 6132 RSDNLTR	SEQ ID NO : 6133 RSDNLST	SEQ ID NO : 6134 DRSNLTR	SEQ ID NO : 6135 DRSDLSR	SEQ ID NO : 6136 DSSTRRR
121909	SIGPPL78_1	SEQ ID NO : 6137 DRSALAR	SEQ ID NO : 6138 DRSALSAR	SEQ ID NO : 6139 DRSHLAR	SEQ ID NO : 6140 RSDNLST	SEQ ID NO : 6141 RSDARAN	N/A
	SIGPPL78_2	SEQ ID NO : 6142 RSDHLST	SEQ ID NO : 6143 DSSNRIK	SEQ ID NO : 6144 QSGALAR	SEQ ID NO : 6145 RSDDLTR	SEQ ID NO : 6146 QSGSLTR	N/A
121912	SIGPPL79_1	SEQ ID NO : 6147 DRSHLSR	SEQ ID NO : 6148 DRSHLAR	SEQ ID NO : 6149 QSSDLSR	SEQ ID NO : 6150 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6151 RSDNLSE	SEQ ID NO : 6152 HSNARKT
	SIGPPL79_2	SEQ ID NO : 6153 RSDALSV	SEQ ID NO : 6154 DSSHRTTR	SEQ ID NO : 6155 QSGDLTR	SEQ ID NO : 6156 ASHNLRT	SEQ ID NO : 6157 RSDHLST	SEQ ID NO : 6158 TSANLSR
121981	ZmSIGPPL80_3	SEQ ID NO : 6159 DRSDLSR	SEQ ID NO : 6160 DRSNLTR	SEQ ID NO : 6161 RSDSLLR	SEQ ID NO : 6162 RLDWLPM	SEQ ID NO : 6163 RSADLTR	SEQ ID NO : 6164 TSGNLTR
	ZmSIGPPL80_4	SEQ ID NO : 6165 RSDNLSQ	SEQ ID NO : 6166 DRSNRTK	SEQ ID NO : 6167 DSSDRKK	SEQ ID NO : 6168 RSDHLSE	SEQ ID NO : 6169 QSASRKN	N/A
124091	ZmSIGPPL81_3	SEQ ID NO : 6170 RSDVLST	SEQ ID NO : 6171 STAALSY	SEQ ID NO : 6172 QSANRTT	SEQ ID NO : 6173 QNAHRKT	SEQ ID NO : 6174 QSSDLSR	N/A
	ZmSIGPPL81_4	SEQ ID NO : 6175 QRNHRTT	SEQ ID NO : 6176 DRSNLTR	SEQ ID NO : 6177 TSGNLTR	SEQ ID NO : 6178 QSNQLRQ	SEQ ID NO : 6179 RSDALTQ	N/A
127268*		SEQ ID NO : 6620 DRSALAR	SEQ ID NO : 6621 DYYGRHG	SEQ ID NO : 6622 DRSHLAR	SEQ ID NO : 6623 YRSSLKE	SEQ ID NO : 6624 TSGNLTR	N/A
		SEQ ID NO : 6625 HHHVLVQ	SEQ ID NO : 6626 QNATRTK	SEQ ID NO : 6627 DRSTRTK	SEQ ID NO : 6628 RRDNLHS	SEQ ID NO : 6629 QKATRTT	SEQ ID NO : 6630 HRSSLRR
120993*		SEQ ID NO : 6631 QSSDLSR	SEQ ID NO : 6632 QWSTRKR	SEQ ID NO : 6633 RSDVLSE	SEQ ID NO : 6634 QTVHRNS	SEQ ID NO : 6635 RSDTLSE	SEQ ID NO : 6636 FRGSLTW
		SEQ ID NO : 6637 RSDNLST	SEQ ID NO : 6638 RSTHRTQ	SEQ ID NO : 6639 RSDNLSV	SEQ ID NO : 6640 QKATRIN	SEQ ID NO : 6641 DRSNLTR	N/A
228254*		SEQ ID NO : 6642 QSGNLAR	SEQ ID NO : 6643 CRQNLAN	SEQ ID NO : 6644 DRSNLSR	SEQ ID NO : 6645 DGRNLRH	SEQ ID NO : 6646 RSDHLST	SEQ ID NO : 6647 RSDNLTR
		SEQ ID NO : 6648 DRSNRTT	SEQ ID NO : 6649 QNATRIN	SEQ ID NO : 6650 QSGNLAR	SEQ ID NO : 6651 HKLSLSI	SEQ ID NO : 6652 DRSDLSR	SEQ ID NO : 6653 YRSNLVR
200497*		SEQ ID NO : 6654 DRSALSAR	SEQ ID NO : 6655 QSGSLTR	SEQ ID NO : 6656 RSDNLTR	SEQ ID NO : 6657 RQDCLSL	SEQ ID NO : 6658 RNDNRKT	N/A
		SEQ ID NO : 6659 QSGNLAR	SEQ ID NO : 6660 DQSGLAH	SEQ ID NO : 6661 QSANRTK	SEQ ID NO : 6662 DRSDLSR	SEQ ID NO : 6663 RSHHLKA	N/A

Continuação

66202*		SEQ ID NO: 6664 QSGNLAR	SEQ ID NO: 6665 QSGSLTR	SEQ ID NO: 6666 DRSALSR	SEQ ID NO: 6667 QSGSLTR	SEQ ID NO: 6668 QSGNLAR	N/A
		SEQ ID NO: 6669 QSGNLAR	SEQ ID NO: 6670 WRISLAA	SEQ ID NO: 6671 RSDNLSE	SEQ ID NO: 6672 RSQHRKT	SEQ ID NO: 6673 QSSDLSR	N/A
5607*		SEQ ID NO: 6674 RSANLAR	SEQ ID NO: 6675 RSDHLTT	SEQ ID NO: 6676 RSDNLSE	SEQ ID NO: 6677 DRSHLAR	SEQ ID NO: 6678 QSAHRKN	SEQ ID NO: 6679 LKHHLTD
		SEQ ID NO: 6680 TSGNLTR	SEQ ID NO: 6681 DRSNLTR	SEQ ID NO: 6682 RSDNLSQ	SEQ ID NO: 6683 RKADRTK	SEQ ID NO: 6684 TSGNLTR	SEQ ID NO: 6685 DSSNLAT

TABELA 8. Sítio-alvo de dedo de zinco de loci genômicos selecionados de *Zea mays*

ID de <i>Locus</i>	Nome	Número pDAB	Número ZFP e Sítio de Ligação (5'→3')	SEQ ID NO:
optimal_loci_204637	OGL1	111879	111879ZFN5:ctACTCCGTATGCGAAGGCACg	5398
			111879ZFN7: taTTCGCGGTGGGACACTTGat	5399
optimal_loci_204726	OGL2	111885	111885ZFN1: ccGGAGCCGGGGCCTCCCAGgc	5400
			111885ZFN2: atCGCGACGCGACGcGACGAGac	5401
optimal_loci_156393	OGL 12	117404	SIG115737_31v1: TGCATGCGCAGTA	5402
			SIG115737_32v1: ACACCGGCGCACGGCACG	5403
optimal_loci_198387	OGL 15	117408	SIG120523_11v1: AGAGGTGTAACC	5404
			SIG120523_12v1: TCGGGCAACAAGAAACGAG	5405
optimal_loci_31710	OGL 08	117400	SIG115246_5: TACGCTGACAATGCA	5406
			SIG115246_6: CCAGCTGATGGAGAGGAC	5407
optimal_loci_64542	OGL 11	117402	SIG115636_1v1: AGAGCAGGCGAG	5408
			SIG115636_2v1: AGCAAAGTGAGTAGTT	5409
optimal_loci_197372	OGL14	117406	SIG120417_11v1: TGGATGGAAGGAATC	5410
			SIG120417_12v1: GAAGCTACATCCAG	5411
optimal_loci_232228	OGL 16	117411	SIG120621_15v1: TACGCGCAACGGAACGCA	5412
			SIG120621_16v1: CACCGGTGTCGTGTAACAG	5413
optimal_loci_285621	OGL17	117413	SIG12078_11v1: CCCGGACGACGCCGAG	5414
			SIG12078_12v1: GACATGGCACGCGCATCGAG	5415
optimal_loci_157315	OGL 13	117429	SIG157315_1v1: GCATGTGTGGTTTTG	5416
			SIG157315_2v1: GGTCAAGGTAGTGAC	5417
optimal_loci_43577	OGL04	124802	ZFN_binding_1: AGCTTCAATAGTA	6180
			ZFN_binding_2: GTCTTCCGGTTGGCT	6181
optimal_loci_301774	OGL05	121900	ZFN_binding_3: GTCGATGCACCG	6182
			ZFN_binding_4: CTAAGGATGGACGCAGTG	6183
optimal_loci_232222	OGL06	124810	ZFN_binding_5: CATGAGAGGGAT	6184
			ZFN_binding_6: ATGTCGTAGAAAAGAA	6185
optimal_loci_203704	OGL07	121902	ZFN_binding_7: CATGTTTCGCTGCGGCTGGA	6186
			ZFN_binding_8: AGTCCGCTCGGG	6187
optimal_loci_59517	OGL09	118643	ZFN_binding_9:	6188

			GACGATCTAGCGAGAAGG	
			ZFN_binding_10: ATCGAAGAACGCAGCGGAT	6189
optimal_loci_25001	OGL10	118648	ZFN_binding_12: CACGCGCCGGGTGTCTAG	6190
			ZFN_binding_13: GACGAGCACCGCCCCACCG	6191
optimal_loci_112632	OGL18	123802	ZFN_binding_14: CGGGTACTGGGAAAGGAG	6192
			ZFN_binding_15: GAGCGTCCTGATTGACATG	6193
optimal_loci_28905	OGL19	123805	ZFN_binding_16: ACGGTGATCAAGCTTAAG	6194
			ZFN_binding_17: CAAGGGACCTAGTGAGCT	6195
optimal_loci_129164	OGL20	121992	ZFN_binding_18: GGTGAATAAGCT	6196
			ZFN_binding_19: AGATAAGCTGCAGAC	6197
optimal_loci_2425	OGL21	118650	ZFN_binding_20: GAGCAGGCAGGCAGGC	6198
			ZFN_binding_21: GTCGTCGTCGTGCGTGCC	6199
optimal_loci_122036	OGL22	118654	ZFN_binding_22: GTGGCAACGGGGGCT	6200
			ZFN_binding_23: GGTTCAGCGGGCTAG	6201
optimal_loci_5735	OGL23	118656	ZFN_binding_24: GCGGTCTTGCCGGGCGAA	6202
			ZFN_binding_25: CTAGAGGCGCCCATG	6203
optimal_loci_178978	OGL24	118659	ZFN_binding_26: ACGGACAGCCGAGAAAGCA	6204
			ZFN_binding_27: CGAGATCGAGGCCAGATCG	6205
optimal_loci_288388	OGL25	118660	ZFN_binding_28: TTGCCATGGGTTATTGAG	6206
			ZFN_binding_29: GGAGCATGGCCAGGTAGTG	6207
optimal_loci_60310	OGL26	118767	ZFN_binding_30: CCAGTTCCGACGAGTGGCG	6208
			ZFN_binding_31: GGCCTGGGCGAACGCCGCCG	6209
optimal_loci_243330	OGL27	118769	ZFN_binding_32: AGTGCAAGGGAAGAC	6210
			ZFN_binding_33: AGGAGGGATGGAGCAGCG	6211
optimal_loci_127038	OGL28	118663	ZFN_binding_34: GGAGATAGGAGTAGCT	6212
			ZFN_binding_35: GTTGCGCCCTACGAA	6213
optimal_loci_262784	OGL29	118668	ZFN_binding_36: TCGGTTGACCGATGGC	6214
			ZFN_binding_37: AACGAGCCATATGCAAGTT	6215
optimal_loci_344662	OGL30	118669	ZFN_binding_38: GGATGGCTCCGAATGATATG	6216
			ZFN_binding_39: GAGGCGTCTTGAGG	6217
optimal_loci_153894	OGL31	118670	ZFN_binding_40: GTGTTGCTGTACGAC	6218
			ZFN_binding_41: GCAGCGAACGGCTGTA	6219
optimal_loci_28771	OGL32	118673	ZFN_binding_42:	6220

			GGGTAGGGGTGACGTA	
			ZFN_binding_43: GATCACGACATATCCA	6221
optimal_loci_1098	OGL33	118674	ZFN_binding_44: TGGGTGGGTTTGCCTG	6222
			ZFN_binding_45: CCCATGCAGGTAAAGGTA	6223
optimal_loci_97772	OGL34	118676	ZFN_binding_46: GGACTGGGTGCCTGTGTG	6224
			ZFN_binding_47: CGTGGGTACGAA	6225
optimal_loci_236662	OGL35	118677	ZFN_binding_48: CGTGCTGTGGTCTGGCGTA	6226
			ZFN_binding_49: TGGGGCTATGGCCATGGGG	6227
optimal_loci_139485	OGL36	118680	ZFN_binding_50: GCGGTACGATAGTGT	6228
			ZFN_binding_51: ACTCGGGGAGTCGGGGTC	6229
optimal_loci_301175	OGL37	118683	ZFN_binding_52: GACGGATCGGAG	6230
			ZFN_binding_53: GGCGGATGCATCCGTT	6231
optimal_loci_152337	OGL38	118685	ZFN_binding_54: ATAGCGGACCGATCGG	6232
			ZFN_binding_55: ATCCCGGCCGGTCGATTGG	6233
optimal_loci_202616	OGL39	123833	ZFN_binding_56: cgtgcttgccgcaccgcag	6234
			ZFN_binding_57: gccgctgcaccgctcat	6235
optimal_loci_282323	OGL40	118771	ZFN_binding_58: GAGGACAGGCGAGCT	6236
			ZFN_binding_59: GAAGACGTAGGCGCA	6237
optimal_loci_262782	OGL41	121943	ZFN_binding_60: CACAAGATGGTGATGGTC	6238
			ZFN_binding_61: CATGTATGTATGTAGTAG	6239
optimal_loci_236455	OGL42	121946	ZFN_binding_62: TCGGCCATGGGA	6240
			ZFN_binding_63: GCGGCCAAAAAGCATGTA	6241
optimal_loci_162531	OGL43	121949	ZFN_binding_64: GGTGCCAAAGCCATGCAG	6242
			ZFN_binding_65: GGCTGGCGGGCGGCC	6243
optimal_loci_344663	OGL44	121952	ZFN_binding_66: GGAGACTCGATAAGAA	6244
			ZFN_binding_67: GCCATGTGGGTAGTT	6245
optimal_loci_337001	OGL45	121959	ZFN_binding_68: CATGGCATGGCATCG	6246
			ZFN_binding_69: CACATGCGCGGCGCATGTC	6247
optimal_loci_238100	OGL46	121963	ZFN_binding_70: TAGTAGGCTAGTAGCT	6248
			ZFN_binding_71: ACGCCGCGGCGCTTGCGCT	6249
optimal_loci_264359	OGL48	121971	ZFN_binding_72: ATCTAGGTGCAACTAG	6250
optimal_loci_282653	OGL49	121972	ZFN_binding_73: GTGAAACGGATGTGT	6251
			ZFN_binding_74:	6252

			TCAGAATATCATGATGGCC	
optimal_loci_80282	OGL50	124097	ZFN_binding_75: TGCGAGCGCTGCATGG	6253
			ZFN_binding_76: GCTGGAGGGGCCAATGAT	6254
optimal_loci_291068	OGL51	123818	ZFN_binding_77: TATCCGATCCCG	6255
			ZFN_binding_78: TGTGTGGATGACGAAACG	6256
optimal_loci_56395	OGL52	118705	ZFN_binding_79: GGAGTAAGAAATGAC	6257
			ZFN_binding_80: TCCGCGTTGCTGTCTGAA	6258
optimal_loci_114664	OGL54	118711	ZFN_binding_81: TATCAGCTCGAG	6259
			ZFN_binding_82: TAGACCTGTTTTGATGGTT	6260
optimal_loci_53137	OGL57	118718	ZFN_binding_83: GAAGACGCGCGGAGAGCT	6261
			ZFN_binding_84: AGGGAAGAGAGGAGGA	6262
optimal_loci_344664	OGL58	118722	ZFN_binding_85: GCACAGATCAGGGCT	6263
			ZFN_binding_86: AAGGATTTGCACAGACAG	6264
optimal_loci_81941	OGL59	118726	ZFN_binding_87: GCGGCAGCCATAGGA	6265
			ZFN_binding_88: GTGCATGCGTATCCA	6266
optimal_loci_321514	OGL60	118728	ZFN_binding_89: GAGGGTCTTGGGGTGATATC	6267
			ZFN_binding_90: AGGAAAGCCCAAGGA	6268
optimal_loci_301180	OGL61	118732	ZFN_binding_91: GTACAAGAGTAGTAG	6269
			ZFN_binding_92: TCGATCGAGGGCGCA	6270
optimal_loci_348776	OGL62	118733	ZFN_binding_93: CCACCGTCTCCGTAGGCC	6271
			ZFN_binding_94: GTGTCGAGAGCT	6272
optimal_loci_244439	OGL63	118735	ZFN_binding_95: ATAGAAAACCATGGCGGAG	6273
			ZFN_binding_96: AAGGGGCGGCAACGGA	6274
optimal_loci_348258	OGL64	118739	ZFN_binding_97: GTTGTCGGATAACCG	6275
			ZFN_binding_98: GAGGGGGAGTAGCTAGGT	6276
optimal_loci_322501	OGL65	118742	ZFN_binding_99: GGACGAGACCAATCG	6277
			ZFN_binding_100: CAAGGAGACAAAGCT	6278
optimal_loci_244324	OGL66	118745	ZFN_binding_101: TACGTGGCAATTGGCA	6279
			ZFN_binding_102: TCAGATGCTGCAGCT	6280
optimal_loci_97232	OGL67	124081	ZFN_binding_103: AGAAGATCGATCGGTA	6281
			ZFN_binding_104: GCTTGAGCTCACGCA	6282
optimal_loci_282499	OGL68	125361	ZFN_binding_105: CACTACTACTACTACCGCC	6283
			ZFN_binding_106:	6284

			GGGTGGGGGGCA	
optimal_loci_155031	OGL69	118753	ZFN_binding_107: GGACCTACAATAGGCA	6285
			ZFN_binding_108: GATCACAAGACCAAG	6286
optimal_loci_301773	OGL70	124878	ZFN_binding_109: CATTGTCAGTTCCTT	6287
			ZFN_binding_110: CAGCAGGACTCT	6288
optimal_loci_283161	OGL71	123829	ZFN_binding_111: AAGACAGACGATGTC	6289
			ZFN_binding_112: ACAAAAAAGCAAGAA	6290
optimal_loci_55524	OGL72	118761	ZFN_binding_113: TCACGGTGTTACCCATGTA	6291
			ZFN_binding_114: GACGGATGCGTACGTG	6292
optimal_loci_127268	OGL73	124086	ZFN_binding_131: GTTGTTATTCAAACA	6293
			ZFN_binding_132: CACAAGTAATGTGGA	6294
optimal_loci_137693	OGL74	121904	ZFN_binding_115: GCGGCTGGTTTGCAG	6295
			ZFN_binding_116: CACGGACAGGAG	6296
optimal_loci_265551	OGL75	121905	ZFN_binding_117: GAGGCGGAGGTG	6297
			ZFN_binding_118: AGGGCGGAAGTTACGGAG	6298
optimal_loci_128078	OGL76	121917	ZFN_binding_119: GGAGCCCCCAGCGTGGGTT	6299
			ZFN_binding_120: GACCGGTCAGTAGGTCAAG	6300
optimal_loci_168286	OGL77	121918	ZFN_binding_121: TTCACGTCATGCT	6301
			ZFN_binding_122: GCCGACGACTAGGAGGTA	6302
optimal_loci_3733	OGL78	121909	ZFN_binding_123: CTGTAGGGCGTCGTC	6303
			ZFN_binding_124: GTAGCGGTACTACTGG	6304
optimal_loci_203075	OGL79	121912	ZFN_binding_125: ATCCAGGCAGCTGGCGGC	6305
			ZFN_binding_126: GATTGGAATGCAGGCCCG	6306
optimal_loci_232484	OGL80	121981	ZFN_binding_127: GATGCGTCTGGTGTGACGAC	6307
			ZFN_binding_128: ACACAGTCCTACTAG	6308
optimal_loci_136086	OGL81	124091	ZFN_binding_129: GCTCGAAAACCTTATG	6309
			ZFN_binding_130: ATGAAAGATGACCGA	6310
optimal_loci_228254	OGL55	n/a	TTCATGGTTGTTACCACTCatnnnatGATCCCT TTGAAGTAAAC	6686
optimal_loci_66202	OGL47	n/a	TTCTACGATTACTTctannctGCTAGTCAGATT GAA	6687
optimal_loci_120993	OGL56	n/a	TGATGCAAGGTGGCGTAAAggnnggGACATA AAGAGGCAG	6688
optimal_loci_200497	OGL53	n/a	GATTACCTCCACCTTttnnctAGGCCCTAATAT CGAA	6689
optimal_loci_5607	OGL03	n/a	ATCCCTCTATCCTTACGaannngaAACGATCT CGAAGGACGAT	6690

[0314] Os desenhos de dedo de zinco de loci genômicos

representativos de *Zea mays* foram incorporados nos vetores de expressão de dedo de zinco que codificam pelo menos um dedo com uma estrutura CCHC. *Consulte*, a publicação de patente U.S. nº 2008/0182332. Em particular, o último dedo em cada proteína tinha uma cadeia principal CCHC para a hélice de reconhecimento. As sequências de codificação de dedo de zinco não canônicas foram fundidas ao domínio nuclease da enzima de restrição *FokI* tipo IIS (aminoácidos 384 a 579 da sequência de Wah *et al.*, (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:10.564 a 10.569) através de um ligante ZC de quatro aminoácidos e um sinal de localização nuclear *opaque-2* derivado de *Zea mays* para formar as nucleases dedo de zinco (ZFNs). *Consulte*, a patente U.S. nº 7.888.121. Os dedos de zinco para os diversos domínios funcionais foram selecionados para o uso *in vivo*. Das inúmeras ZFNs que foram desenhadas, produzidas e testadas para se ligar ao suposto sítio-alvo genômico, as ZFNs descritas na Tabela 8 acima foram identificadas com atividade *in vivo* e foram caracterizadas por serem capazes de se ligar e clivar de maneira eficiente os sítios-alvo de polinucleotídeo genômico de *Zea mays* peculiares *in planta*.

CONJUNTO DE CONSTRUÇÕES DE ZFN

[0315] Os vetores plasmídicos contendo as construções de expressão genética ZFN que foram identificadas, conforme previamente descrito, foram desenhados e concluídos usando habilidades e técnicas comumente conhecidas na técnica (*consulte*, por exemplo, Ausubel ou Maniatis). Cada sequência de codificação de ZFN foi fundida a uma sequência que codifica um sinal de localização nuclear *opaque-2* (Maddaloni *et al.*, (1989) Nuc. Acids Res. 17:7532), que foi posicionado a montante da nuclease dedo de zinco. As sequências de codificação de dedo de zinco não canônicas foram fundidas ao domínio nuclease da enzima de restrição *FokI* tipo IIS (aminoácidos 384 a 579 da sequência de Wah *et al.* (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:10.564 a

10.569). A expressão das proteínas de fusão foi acionada pelo promotor constitutivo forte do gene da Ubiquitina de *Zea mays* (que inclui a região não traduzida 5' (UTR) (Toki *et al.*, (1992) Plant Physiology 100;1.503 a 07). O cassete de expressão também inclui a UTR 3' (que compreende o terminador transcricional e o sítio de poliadenilação) do gene peroxidase 5 (Per5) de *Zea mays* (publicação de patente US nº 2004/0158887). A auto-hidrólise 2A que codifica a sequência nucleotídica do vírus *Thosea asigna* (Szymczak *et al.*, (2004) Nat Biotechnol. 22:760-760) foi adicionada entre as duas proteínas de fusão de Nuclease Dedo de Zinco que foram clonadas na construção.

[0316] Os vetores plasmídicos foram reunidos usando a IN-FUSION™ Advantage Technology (Clontech, Mountain View, CA). As endonucleases de restrição foram obtidas junto à New England BioLabs (Ipswich, MA) e a T4 DNA Ligase (Invitrogen, Carlsbad, CA) foi usada para a ligação de DNA. As preparações de plasmídeo foram realizadas usando o kit NUCLEOSPIN® Plasmid Kit (Macherey-Nagel Inc., Bethlehem, PA) ou o kit Plasmid Midi Kit (Qiagen) seguindo as instruções dos fornecedores. Os fragmentos de DNA foram isolados usando o kit QIAQUICK GEL EXTRACTION KIT™ (Qiagen) após a eletroforese em gel de agarose tris-acetato. As colônias de todas as reações de ligação foram inicialmente examinadas através da digestão de restrição de minipreparação de DNA. O DNA de plasmídeo dos clones selecionados foi sequenciado por um fornecedor de sequenciamento comercial (Eurofins MWG Operon, Huntsville, AL). Os dados de sequência foram reunidos e analisados usando o software SEQUENCHER™ (Gene Codes Corp., Ann Arbor, MI).

[0317] Os plasmídeos foram construídos e confirmados através da enzima de restrição digestão e através do sequenciamento de DNA.

CLONAGEM DE DEDO DE ZINCO ATRAVÉS DO FLUXO DE TRABALHO AUTOMATIZADO

[0318] Um subconjunto de vetores de Nuclease Dedo de Zinco foi colado através de um pipeline de construção de DNA automatizado. Geralmente, o pipeline automatizado resultou em construções de vetor com arquitetura ZFN idêntica, conforme previamente descrito. Cada monômero dedo de zinco, que confere a especificidade de ligação ao DNA da ZFN foi dividido em 2 a 3 sequências peculiares em um motivo de aminoácido KPF. Tanto as extremidades 5' como 3' dos fragmentos de ZFN foram modificadas com a inclusão de um sítio de reconhecimento BsaI (GGTCTCN) e saliências derivadas. As saliências foram distribuídas, de modo que um conjunto de 6 a 8 partes possa resultar apenas no clone de expressão de comprimento total desejado. Os fragmentos de DNA modificados foram novamente sintetizados (Synthetic Genomics Incorporated, La Jolla, CA). Uma única cadeia principal de milho pDAB118791 foi usada em todas as construções de ZFN de milho. A mesma continha o promotor ZmUbi1 e o Opaque2 NLS, assim como, o domínio FokI e o ZmPer5 3'UTR. Um gene SacB flanqueado BsaI a partir de *Bacillus subtilis* foi clonado entre o domínio Opaque 2 NLS e o FokI. Quando os supostos eventos de ligação foram plaqueados no meio contendo Sacarose, o cassete SacB atua como um agente de seleção negativa que reduz ou elimina a contaminação de cadeia principal de vetor. Uma segunda parte repetidamente utilizada em todas as construções foi pDAB117462. Esse vetor contém o primeiro domínio FokI de monômero, a sequência intermitente t2A e o segundo monômero Opaque2 NLS todos flanqueados por sítios BsaI.

[0319] Usando esses materiais como a biblioteca de partes de ZFN DNA, um Freedom Evo 150 (TECAN, Männedorf, Suíça) manipulou a adição de 75 a 100 ng de cada plasmídeo de DNA ou fragmento de sintetizado de tubos de códigos de barras 2D em uma placa de PCR (ThermoFisher, Waltham, MA). BsaI (NEB, Ipswich, MA) e ligase T4 DNA (NEB, Ipswich, MA) suplementada com proteína Albumina de Soro

Bovino (NEB, Ipswich, MA) e tampão ligase T4 DNA (NEB, Ipswich, MA) foram adicionados à reação. As reações foram submetidas a ciclos (25X) com incubações por 3 minutos a 37°C e 4 minutos a 16°C com C1000 Touch Thermo Cycler (BioRad, Hercules CA). O material ligado foi transformado e examinado em células Top10 (Life Technologies Carlsbad, CA) com as mãos ou usando um selecionador de colônia Qpix460 e LabChip GX (Perkin Elmer, Waltham, MA). As colônias corretamente digeridas foram a sequência confirmada proporcionada para a transformação de planta.

CONJUNTO DE CONSTRUÇÕES DOADORA UNIVERSAL

[0320] Para suportar o teste rápido de um grande número de loci-alvos, uma nova sequência de sistema de doador universal flexível foi desenhada e construída. A sequência polinucleotídica doadora universal é compatível com as metodologias e análise de construção de vetor de alto rendimento. O sistema doador universal é composto por pelo menos três domínios modulares: um domínio de ligação de ZFN variável, um domínio analítico não variável e domínio de recursos definidos pelo usuário e uma cadeia principal de plasmídeo simples para o aumento de vetor. A sequência polinucleotídica doadora universal não variável é comum a todos os doadores e permite o desenho de um conjunto finito de ensaios que pode ser usado ao longo de todos os sítios-alvo de *Zea mays* proporcionando, desse modo, uniformidade à avaliação de direcionamento e reduzindo os tempos de ciclo analíticos. A natureza modular desses domínios permitiu o conjunto doador de alto rendimento. De maneira adicional, a sequência polinucleotídica doadora universal tem outros recursos peculiares que visam a simplificação da análise a jusante e o aprimoramento da interpretação de resultados. A mesma contém sequência de sítio de restrição que permite a digestão de produtos de PCR em tamanhos diagnosticamente previstos. As sequências que compreendem estruturas secundárias que se esperava

que fossem problemáticas na amplificação de PCR foram removidas. A sequência polinucleotídica doadora universal é pequena em tamanho (inferior a 3,0 Kb). Finalmente, a sequência polinucleotídica doadora universal foi construída mediante a cadeia principal pUC19 de cópia elevada que permite que uma grande quantidade de DNA de teste seja pesada em tempo hábil.

[0321] Como uma modalidade, um plasmídeo exemplificativo que compreende uma sequência polinucleotídica doadora universal é proporcionado como SEQ ID NO:5418 e Figura 7. Em uma modalidade adicional, uma sequência polinucleotídica doadora universal é proporcionada como: pDAB11846, SEQ ID NO:5419, Figura 15; pDAB117415, SEQ ID NO:5420, Figura 16; pDAB117416, SEQ ID NO:5421, Figura 17; pDAB117417, SEQ ID NO:5422, Figura 18; pDAB117419, SEQ ID NO:5423, Figura 19; pDAB117434 SEQ ID NO:5424, Figura 20; pDAB117418, SEQ ID NO:5425, Figura 21; pDAB117420, SEQ ID NO:5426, Figura 22; e, pDAB117421, SEQ ID NO:5427, Figura 2. Em outra modalidade, as sequências adicionais que compreendem a sequência polinucleotídica doadora universal com sequência de codificação funcionalmente expressa ou sequências de codificação de expressão não funcional (sem promotor) podem ser construídas.

[0322] Em outra modalidade, a sequência polinucleotídica doadora universal é um sistema doador modular de 2-3 Kb pequeno aplicado como um plasmídeo. Esse é um doador mínimo, que compreende qualquer número de sítios de ligação de ZFN, uma região de molde curta de 100 a 150 pb referida como "DNA X" ou "Sequência UZI" (SEQ ID NO:5428) que transporta os sítios de restrição e sequências de DNA para desenho de iniciador ou sequências de codificação, e uma cadeia principal de plasmídeo simples (Figura 8). Todo o plasmídeo foi inserido através de NHEJ após as quebras de fita dupla de DNA no sítio de

ligação de ZFN adequado; os sítios de ligação de ZFN podem ser incorporados em tandem. Essa modalidade de uma sequência polinucleotídica doadora universal é mais adequada para a triagem rápida de sítios-alvo e ZFNs, e as sequências que são difíceis de amplificar são minimizadas no doador.

[0323] Em uma modalidade adicional, a sequência polinucleotídica doadora universal é formada por pelo menos 4 módulos e transporta os sítios de ligação de ZFN, braços de homologia, o DNA X com apenas a parte analítica de aproximadamente 100 pb ou as sequências de codificação. Essa modalidade da sequência polinucleotídica doadora universal é adequada para interrogar a inserção de gene mediada por HDR em uma variedade de sítios-alvo, com diversas ZFNs (Figura 9).

[0324] A sequência polinucleotídica doadora universal pode ser usada com todas as moléculas de direcionamento com domínios de ligação ao DNA definidos, com dois modos de inserção de doador alvejados (NHEJ/HDR). Desse modo, quando a sequência polinucleotídica doadora universal foi coaplicada com a construção de expressão de ZFN adequada, o vetor doador e o genoma de milho foram cortados em uma localização específica determinada pela ligação da ZFN particular. Uma vez linearizado, o doador pode ser incorporado no genoma por NHEJ ou HDR. As considerações analíticas diferentes no desenho de vetor podem, então, ser exploradas para determinar o Dedo de zinco que maximiza a aplicação eficiente da integração direcionada. (Figura 10).

EXEMPLO 4: PROCEDIMENTOS DE TRANSFORMAÇÃO DE *ZEAMAYS*

[0325] Antes de aplicação aos protoplastos de *Zea mays* c.v. Hi-II, o DNA de plasmídeo para cada construção de ZFN foi preparada a partir de culturas de *E. coli* usando o PURE YIELD PLASMID MAXIPREP SYSTEM® (Promega Corporation, Madison, WI) ou PLASMID MAXI

KIT® (Qiagen, Valencia, CA) seguindo as instruções dos fornecedores.

ISOLAMENTO DE PROTOPLASTOS

[0326] As células de suspensão *Zea mays* c.v. Hi-II foram mantidas em um programa de manutenção de 3,5 dias, 4 mL de volume globular (PCV) de células foram coletados e transferidos para tubos cônicos estéreis de 50 mL (Fisher Scientific) contendo 20 mL de solução de enzima (0,6% PECTOLYASE™, 6% CELLULASE™ ("Onozuka" R10; Yakult Pharmaceuticals, Japão), 4 mM de MES (pH 5,7), 0,6 M de manitol, 15 mM de MgCl₂). As culturas foram tampadas e envolvidas em PARAFILM™ e colocadas em um agitador de plataforma (Thermo Scientific, Vari Mix platform Rocker) em configuração de velocidade 10 para incubação por 16 a 18 horas à temperatura ambiente até os protoplastos serem liberados. Após a incubação, uma gota de célula foi verificada em microscópio para verificar a qualidade de digestão e as células digeridas foram filtradas através de um filtro de células de 100 µm, lavadas com 10 mL de meio W5 [2mM de MES (pH 5,7), 205 mM de NaCl, 167 mM de CaCl₂, 6,7 de mM KCl], após a filtragem através de filtros de células de 70 µm e 40 µm. o filtro de 100 µm e 40 µm foi lavado com 10 mL de meio W5. Os protoplastos filtrados junto com o meio lavado foram coletados no tubo de centrifuga de 50 mL e o volume final foi de aproximadamente 40 mL. 8 mL de "solução de Gradiente Pesado" [500 mM de sacarose, 1 mM de CaCl₂, 5 mM de MES (pH 6,0)] foram então, lentamente adicionados no fundo da solução de protoplasto/enzima, centrifugados em uma centrífuga com um rotor de caçamba móvel por 15 minutos a 300 a 350 x g. Após a centrifugação, cerca de 7 a 8 mL de banda de protoplastos foram removidos, lavados com 25 mL de W5 e centrifugados por 15 minutos em 180 a 200 x g. Os protoplastos foram, então, ressuspensos em 10 mL de solução de MMG [4 mM de MES (pH 5,7), 0,6 M de manitol, 15 mM de MgCl₂]. Os protoplastos foram contados usando um hemocítômetro ou citômetro de

fluxo e diluídos em 1,67 milhões por mL usando MMG.

TRANSFORMAÇÃO DE PROTOPLASTOS DERIVADOS DE CULTURA DE SUSPENSÃO DE ZEA MAYS C.V. HI-II USANDO PEG

[0327] Aproximadamente 0,5 milhões de protoplastos (300 µl em solução de MMG) foram transferidos para tubos de 2 mL, e misturados com 40 µl de DNA e incubados à temperatura ambiente por 5 a 10 minutos. A seguir, 300 µl de solução de PEG recentemente preparada [36% de PEG 4000, 0,3 M de manitol, 0,4 M de CaCl_2] foram adicionados, e a mistura foi incubada à temperatura ambiente por 15 a 20 minutos com mistura periódica por inversão. Após a incubação, 1 mL de lavagem W5 foram lentamente adicionados e misturados de maneira suave e os protoplastos foram peletizados por centrifugação a 180 a 200 x g por 15 minutos. O pélete foi ressuspenso em 1 mL de meio WI [4 mM de MES (pH 5,7), 0,6 M de manitol, 20 mM de KCl] e tubo contendo protoplasto envolvido com folha de alumínio e incubado à temperatura ambiente de um dia para o outro por cerca de 16 horas.

TRANSFORMAÇÃO DE ZFN E DOADOR

[0328] Para cada um dos loci genômicos selecionados da Tabela 5, os protoplastos de *Zea mays* foram transfectados com um controle de expressão genética *yfp*, somente ZFN, somente doador e uma mistura de ZFN e doador na razão de 1:10 (em peso). A quantidade total de DNA para transfecção de 0,5 milhões de protoplastos foi de 80 µg. Todos os tratamentos foram conduzidos em réplicas de 3 ou 6. O controle de expressão genética *yfp* usado foi pDAB8393 (Figura 11) contendo o promotor de Ubiquitina 1 de *Zea mays* – sequência de codificação de proteína fluorescente amarela –Per5 3'UTR de *Zea mays* e promotor de Actina 1 do Arroz –sequência de codificação *pat* – cassetes de expressão genética de lipase 3'UTR de *Zea mays*. Para proporcionar uma quantidade consistente de DNA total por transfecção, o espermatozóide de salmão ou um plasmídeo contendo o gene *yfp* foi usado

como carga quando necessário. Em um experimento de direcionamento típico, 4 µg somente de ZFN ou com 36 µg de doador foram transfectados e a quantidade adequada de esperma de salmão ou DNA pUC19 de plasmídeo foi adicionado para trazer a quantidade total de DNA a 80 µg. A inclusão do plasmídeo de expressão genética *yfp* como carga permite a avaliação da qualidade de transfecção ao longo de múltiplos loci e tratamento de réplicas.

EXEMPLO 5: CLIVAGEM DE LOCI GENÔMICOS EM *ZEa MAYS* ATRAVÉS DA NUCLEASE DEDO DE ZINCO

[0329] *Zea mays* c.v. transfectados por ZFN. Os protoplastos Hi-II foram colhidos 24 horas pós-transfecção, por centrifugação a 1.600 rpm em 2 mL de tubos EPPENDORF™ e o sobrenadante foi completamente removido. O DNA Genômico foi extraído de péletes de protoplasto usando o kit QIAGEN PLANT DNA EXTRACTION KIT™ (Qiagen, Valencia, CA). O DNA isolado foi ressuspenso em 50 µL de água e a concentração foi determinada por NANODROP® (Invitrogen, Grand Island, NY). A integridade do DNA foi estimada ao executar as amostras em 0,8% de eletroforese em gel de agarose. Todas as amostras foram normalizadas (20 a 25 ng/µL) para amplificação de PCR para gerar amplicons para sequenciamento (Illumina, Inc., San Diego, CA). Os iniciadores de PCR de código de barras para amplificar as regiões que abrangem cada reconhecimento sequência de ZFN de teste a partir das amostras tratadas e de controle foram desenhados e adquiridos junto à IDT (Coralville, IA, HPLC purified). As condições de amplificação excelentes foram identificadas por PCR gradiente usando 0,2 µM de iniciadores de código de barras adequados, ACCUPRIME PFX SUPERMIX™ (Invitrogen, Carlsbad, CA) e 100 ng de DNA genômico molde em uma reação de 23,5 µL. Os parâmetros de ciclagem consistiram na desnaturação inicial a 95 °C (5 min.) seguida por 35 ciclos de desnaturação (95 °C, 15 seg.), recozimento (55 a 72 °C, 30

seg.), extensão (68°C, 1 min.) e uma extensão final (68°C, 7 min.). Os produtos de amplificação foram analisados em géis de agarose TAE a 3,5% e a temperatura de recozimento adequada para cada combinação de iniciador foi determinada e usada para amplificar os amplicons das amostras tratadas de controle e ZFN, conforme descrito acima. Todos os amplicons foram purificados em géis de agarose a 3,5%, eluídos em água e as concentrações foram determinadas por NANODROP™. Para o Sequenciamento de Nova Geração, aproximadamente 100 ng de amplicon PCR a partir dos controles de protoplasto de milho correspondentes de tratados com ZFN foram reunidos e sequenciados usando o Sequenciamento de Nova Geração Illumina (NGS).

[0330] As atividades de clivagem de ZFN adequadas em cada *locus* genômico selecionado de *Zea mays* foram analisadas. Os amplicons curtos que abrangem os sítios de clivagem de ZFN foram amplificados a partir do DNA genômico e submetidos a NGS Illumina a partir dos protoplastos de controle e tratados com ZFN. A clivagem induzida por ZFN ou quebra de fita dupla de DNA foi resolvido pela rota de reparo de NHEJ celular através da inserção ou deleção de nucleotídeos (indels) no sítio de clivagem e a presença de indels no sítio de clivagem, desse modo, é uma medida da atividade ZFN e é determinada pelo NGS. A atividade de clivagem das ZFNs alvo-específicas foi estimada como o número de sequências com indels por 1 milhão de sequências de alta qualidade usando o software de análise NGS (publicação de patente 2012-0173.153, Análise de Dados de Sequências de DNA) (Figura 12). As atividades na faixa de 5 a 100 vezes ao longo dos controles foram observadas para os alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* e foram adicionalmente confirmadas pelos alinhamentos de sequência que mostraram uma área ocupada diferente de indels em cada sítio de clivagem de ZFN. Esses dados sugerem que os loci genômicos selecionados de *Zea mays* são sensíveis à clivagem por ZFNs. A

atividade diferencial em cada alvo foi refletiva do estado de cromatina e da sensibilidade à clivagem dos mesmos, assim como, da eficiência de expressão de cada ZFN.

EXEMPLO 6: ANÁLISE DE DIRECIONAMENTO RÁPIDO DA INTEGRAÇÃO DE UM DOADOR DE POLINUCLEOTÍDEO

[0331] A validação do direcionamento da sequência polinucleotídica doadora universal dentro dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* através da inserção de doador mediada pela união terminal não homóloga (NHEJ) foi realizada usando um método de Análise de Teste Rápido baseado em protoplasto de semi-rendimento. Para cada alvo de loci genômicos selecionados de *Zea mays*, desenhos de 3 a 6 ZFN foram testados e o direcionamento foi avaliado medindo-se a clivagem mediada por ZFN através dos métodos de Sequenciamento de Nova Geração (Figura 12) e da inserção de doador por PCR de entrada-saída de junção (Figura 13). Os loci genômicos selecionados *Zea mays* que eram positivos em ambos os ensaios foram identificados como um *locus* alvejável.

ANÁLISE DE TESTE RÁPIDO DE INSERÇÃO DE DOADOR DE ZFN

[0332] Para determinar se um alvo de loci genômicos selecionados de *Zea mays* pode ser alvejado para a inserção de doador, a construção de ZFN e construção de polinucleotídeo doadora universal foram coaplicadas aos protoplastos de milho que foram incubados por 24 horas antes de o DNA genômico ser extraído para análise. Se a ZFN expressada foi capaz de cortar o sítio de ligação alvo tanto no alvo de loci genômicos selecionados de *Zea mays* como no doador, o doador linearizado pode, então, ser inserido no sítio-alvo clivado no genoma de milho através da rota de união terminal não homóloga (NHEJ). A confirmação da integração direcionada no alvo de loci genômicos selecionados de *Zea mays* foi concluída com base em uma estratégia de PCR de "Entrada-Saída", onde um iniciador de "Entrada" reconhece

a sequência nos loci genômicos excelentes nativos e um iniciador de "Saída" se liga à sequência dentro do DNA doador. Os iniciadores foram desenhados de um modo que apenas quando o DNA doador for inserido no alvo de loci genômicos selecionados *Zea mays*, o ensaio de PCR pode produzir um produto de amplificação com o tamanho esperado. O ensaio de PCR de Entrada-Saída foi realizado tanto na extremidade 5' como na extremidade 3's da junção de inserção. Os iniciadores usados para a análise de sequências doadoras de polinucleotídeos integradas são proporcionados na Tabela 9.

INSERÇÃO DE DOADOR DE ZFN NOS LOCI-ALVOS USANDO A PCR DE "ENTRADA-SAÍDA ANINHADA"

[0333] Todas as amplificações de PCR foram conduzidas usando um kit TAKARA EX TAQ HS™ (Clontech, Mountain View, CA). A primeira PCR de Entrada-Saída foi realizada em volume de reação final de 20 µL que contém tampão 1X TAKARA EX TAQ HS™, 0,2 mM de dNTPs, 0,2 µM de iniciador de "Saída" (Tabela 9), 0,05 µM de iniciador de "Entrada" (desenhado a partir do cassete doador universal descrito acima), 0,75 unidades de polimerase TAKARA EX TAQ HS™, e 10 ng de DNA de protoplasto de milho extraído. A reação foi, então, realizada usando um programa de PCR que consistia em 94°C por 2 min., 20 ciclos de 98 °C por 12 seg. e 68 °C por 2 min., seguida por 72 °C por 10 min. e mantida a 4 °C. Os produtos de PCR finais foram executados em gel de agarose junto com 1KB PLUS DNA LADDER™ (Life Technologies , Grand Island, NY) para visualização.

[0334] A PCR de Entrada-Saída aninhada foi conduzida em volume de reação final de 20 µL que continha tampão 1X TAKARA EX TAQ HS™, 0,2 mM de dNTPs, 0,2 µM de iniciador de "Saída" (Tabela 9), 0,1 µM de iniciador de "Entrada" (desenhado a partir do cassete doador universal descrito acima, Tabela 10), 0,75 de unidades de polimerase TAKARA EX TAQ HS™, e 1 µL do primeiro produto de PCR. A reação

foi realizada, então, usando um programa de PCR que consistia em 94° C por 2 min., 31 ciclos de 98 °C por 12 seg., 66 °C por 30 seg. e 68 °C por 45 seg., seguida por 72 °C por 10 min. e mantida a 4 °C. Os produtos de PCR finais foram executados em gel de agarose junto com 1KB PLUS DNA LADDER™ (Life Technologies, Grand Island, NY) para visualização.

TABELA 9. Lista de todos os iniciadores de "Saída" para a análise de PCR de entrada-saída aninhada de loci genômicos excelentes.

OGL1	Primeira PCR	extremidade 5'	APL02-5PriF1	SEQ ID NO:5430 CGCCACAAATCTGAACCAGCA
			Spec-PriR1	SEQ ID NO:5431 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremidade 3'	APL02-3PriR1	SEQ ID NO:5432 GCGACATATCAGGCCAACAGG
			Uzi-PriF1	SEQ ID NO:5433 GGGATATGTGTCCTACCGTATCAGG
	PCR aninhada	extremidade 5'	APL02-5nstPriF1	SEQ ID NO:5434 CCAGCATACAGTTAGGGCCCA
			Spec-nstPriR1	SEQ ID NO:5435 GTTGCCTTGTTAGGTCCAGC
		extremidade 3'	APL02-3nstPriR1	SEQ ID NO:5436 CGAAAACTCAGCATGCGGGAA
			Uzi-nstPriF1	SEQ ID NO:5437 GAGCCATCAGTCCAACACTGC
OGL2	Primeira PCR	extremidade 5'	APL01-5PriF1	SEQ ID NO:5438 ACAGGCGTACAGCAACACCA
		extremidade 3'	APL01-3PriR1	SEQ ID NO:5439 GACCCATGGTGTGGATCCCA
	PCR aninhada	extremidade 5'	APL01-5nstPriF1	SEQ ID NO:5440 CGGGAGCTAGGCAACAAATCG
		extremidade 3'	APL01-3nstPriR1	SEQ ID NO:5441 TCTGACTAAACGGGTGGATGCTG
OGL8	Primeira PCR	extremidade 5'	OGL08-5nstPriF2	SEQ ID NO:5442 CGGATCAGTTGATTCGCTCACTTTCA
		extremidade 3'	OGL08-3PriR	SEQ ID NO:5443 GCCGAAAAGCAGCAACTGGAA
	PCR aninhada	extremidade 5'	OGL08-5nstPriF	SEQ ID NO:6619 GATTGCTACGCAGACCGCCTA
		extremidade 3'	OGL08-3nstPriR	SEQ ID NO:5444 CACTATTCTCCGGCATGCAG
OGL11	Primeira PCR	extremidade 5'	OGL11-5PriF	SEQ ID NO:5445 TGACCTATTGATCGGTCGGCTC
		extremidade 3'	OGL11-3PriR2	SEQ ID NO:5446 TGCCTTGAATCTCAGGGATGCA
	PCR aninhada	extremidade 5'	OGL11-5nstPriF	SEQ ID NO:5447 GCCGAAGCTAACTAGCGGACA
		extremidade 3'	OGL11-3nstPriR2	SEQ ID NO:5448 CATGGAGTAGCAGCTGTGCTG

[0335] Continuação

OGL12	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL12-5PriF	SEQ ID NO:5449 GAAAAGCAGTCACCGGCTCTG
		extremida de 3'	OGL12-3PriR	SEQ ID NO:5450 CCATGGACATGAATTCGGCAGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL12-5nstPriF	SEQ ID NO:5451 CTTTTGCACCACGGAGCAGAC
		extremida de 3'	OGL12-3nstPriR	SEQ ID NO:5452 GCTAGCAAACTTTGAAGCTCGCTC
OGL13	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL13-5PriF	SEQ ID NO:5453 GAGGTCCCTTACGGGTCATCG
		extremida de 3'	OGL13-3PriR	SEQ ID NO:5454 ACCAGGTCTATCTTGCGCAGAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL13-5nstPriF	SEQ ID NO:5455 AATAGCGTGGTCGGGTCCTAG
		extremida de 3'	OGL13-3nstPriR	SEQ ID NO:5456 ACGAACGATCCAAGGTGCAGT
OGL14	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL14-5PriF	SEQ ID NO:5457 TAGAGACGAGGACTCTGGGCT
		extremida de 3'	OGL14-3PriR	SEQ ID NO:5458 AAGTCCAACATGGGCACAACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL14-5nstPriF	SEQ ID NO:5459 CCTCGTTAAGGGTGCAGGTTG
		extremida de 3'	OGL14-3nstPriR	SEQ ID NO:5460 CCAAGTCAGCTTCTAAGCCATCAAAC
OGL15	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL15-5PriF	SEQ ID NO:5461 AACCTAGACTTCTGCCTGGTG
		extremida de 3'	OGL15-3PriR	SEQ ID NO:5462 GCTCACTTACGAGCAGATCCCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL15-5nstPriF	SEQ ID NO:5463 GGTGCACGCATGTTCTCATGT
		extremida de 3'	OGL15-3nstPriR	SEQ ID NO:5464 TGTTTACCGCAGCCATGCTTG
OGL16	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL16-5PriF	SEQ ID NO:5465 GTTGTATACGGCATCCATCCGCT
		extremida de 3'	OGL16-3PriR	SEQ ID NO:5466 GAATGAACTGGTGGTCTGCTCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL16-5nstPriF	SEQ ID NO:5467 CCGACGAGGTACAAGTAGCAGG
		extremida de 3'	OGL16-3nstPriR	SEQ ID NO:5468 CCCGTAGTCCAGATTCTTGTTGGT
OGL17	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL17-5PriF	SEQ ID NO:5469 GTCGTTTGTTCGGAAGGGGAG
		extremida de 3'	OGL17-3PriR	SEQ ID NO:5470 CGTAGTTGTCCGGCATGTCCT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL17-5nstPriF	SEQ ID NO:5471 TGTATCCCTTCGGTGAGCACG
		extremida de 3'	OGL17-3nstPriR	SEQ ID NO:5472 TGAATCGACTCGCTGACAGGTG

Continuação

OGL04	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL04-5PriF	SEQ ID NO: 6311 CAACCAGAAACGTCCTGCACTG
			Spec-PriR1	SEQ ID NO: 6312 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL04-3PriR	SEQ ID NO: 6313 AAATCCAAGCCACGTACGCAC
			UnivDonor-3PriF1	SEQ ID NO: 6314 GTTTCATCAAGCCTTACGGTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL04-5nstPriF	SEQ ID NO: 6315 ACACCAATTGCCCATTGCGCA
			Spec-nstPriR2	SEQ ID NO: 6316 GCTGGCGATGAGCGAAATGTAG
		extremida de 3'	OGL04-3nstPriR	SEQ ID NO: 6317 TTGGTTAGCAGCACGGATGGA
			UnivDonor-3PriF2	SEQ ID NO: 6318 CAGCAACGTCGGTTCGAGATG
OGL05	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL05-1-5PriF	SEQ ID NO: 6319 ATGCCACTTTCTGAAGAGAGGACG
		extremida de 3'	OGL05-1-3PriR2	SEQ ID NO: 6320 CATCTCCAACGTCATCGGCAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL05-1-5nstPriF	SEQ ID NO: 6321 GGGAAACAGATTTCGTCAGCTTGC
		extremida de 3'	OGL05-1-3nstPriR	SEQ ID NO: 6322 GCCTATCCAGTGGCGGATACA
OGL06	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL06-5PriF	SEQ ID NO: 6323 CTTGCTCTACAACTCTGCCCCA
			Spec-PriR1	SEQ ID NO: 6324 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL06-3PriR	SEQ ID NO: 6325 AGTCGGTACCTGCAAGCTACG
			UnivDonor-3PriF1	SEQ ID NO: 6326 GTTTCATCAAGCCTTACGGTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL06-5nstPriF	SEQ ID NO: 6327 TGGATTTGAGGCCAACTGCAC
			Spec-nstPriR2	SEQ ID NO: 6328 GCTGGCGATGAGCGAAATGTAG
		extremida de 3'	OGL06-3nstPriR	SEQ ID NO: 6329 TCTGCATTGTTGGGATCGACCA
			UnivDonor-3PriF2	SEQ ID NO: 6330 CAGCAACGTCGGTTCGAGATG
OGL07	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL07-1-5nstPriF	SEQ ID NO: 6331 ACGATCGCAGGTTATCCTCGC
		extremida de 3'	OGL07-1-3PriR	SEQ ID NO: 6332 CTTGTCGGTTGCTGTGTGGAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL07-1-5nstPriF	SEQ ID NO: 6333 AACACGGATGGCCTGCAATG
		extremida de 3'	OGL07-1-3nstPriR	SEQ ID NO: 6334 GCATGGGCGTACGTCACTTG
OGL09	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL09-5PriF	SEQ ID NO: 6335 ACCCAGAATCTCTGGTTCCGT
		extremida de 3'	OGL09-3PriR	SEQ ID NO: 6336 CAGGAAGCTCTGCATCTGCG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL09-5nstPriF	SEQ ID NO: 6337 AGTCTTTGATGTAAACGTCTTGCCCT
		extremida de 3'	OGL09-3nstPriR	SEQ ID NO: 6338 GCATGGAAACACCAGGTCTGA

Continuação

OGL10	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL10-5PriF	SEQ ID NO: 6339 GCAGCGAATAGGAATGCGAGAC
		extremida de 3'	OGL10-3PriR	SEQ ID NO: 6340 TAACCTTGTTTCGCTGACTCCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL10-5nstPriF	SEQ ID NO: 6341 CTTCTTCTACCTACACGCCACAG
		extremida de 3'	OGL10-3nstPriR	SEQ ID NO: 6342 GATCCGTTTCCTCACTCTCGC
OGL18	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL18-5PriF	SEQ ID NO: 6343 AGGTGAATCTTCCGTGGCTGT
		extremida de 3'	OGL18-3PriR	SEQ ID NO: 6344 CCATAATCAGTGTGACTGGTGGCT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL18-5nstPriF	SEQ ID NO: 6345 CGGATCTAAGGTGCCCTGTCT
		extremida de 3'	OGL18-3nstPriR	SEQ ID NO: 6346 GTCTAGCTCATGGAAGTGGGAGG
OGL19	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL19-5PriF	SEQ ID NO: 6347 GACTTCTAAGCCCCAAGGCCTA
		extremida de 3'	OGL19-3PriR2	SEQ ID NO: 6348 AGATCTTTTGGCTCCCTCTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL19-5nstPriF	SEQ ID NO: 6349 GTGCTTCGAGGGCTCAAGGTA
		extremida de 3'	OGL19-3nstPriR2	SEQ ID NO: 6350 ATTGCTCACCCCATCCCCTT
OGL20	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL20-5PriF	SEQ ID NO: 6351 GGCTATGACCCGGACACTACC
		extremida de 3'	OGL20-3PriR	SEQ ID NO: 6352 CAGTTGGGCGTCAAGTTAGTTCAG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL20-5nstPriF	SEQ ID NO: 6353 AAGTCCACAAGGATCTGACCACG
		extremida de 3'	OGL20-3nstPriR	SEQ ID NO: 6354 TGAAACTTTGGTTCAGTCTGCTCG
OGL21	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL21-5PriF	SEQ ID NO: 6355 TATGTCCAAGCCACGAGAAGC
		extremida de 3'	OGL21-3PriR	SEQ ID NO: 6356 ACTGCAGGTACTACTGGTACGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL21-5nstPriF	SEQ ID NO: 6357 GCTACAGTATAGCAGGAGCAGC
		extremida de 3'	OGL21-3nstPriR	SEQ ID NO: 6358 GTCCTACTATACGCTGCCGC
OGL22	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL22-5PriF	SEQ ID NO: 6359 CAATCCTTCTGAGCTGCACCG
		extremida de 3'	OGL22-3PriR	SEQ ID NO: 6360 GGTGTCAATGACCTCACGAGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL22-5nstPriF	SEQ ID NO: 6361 CCGTACCAAACAGGCAAGCAG
		extremida de 3'	OGL22-3nstPriR	SEQ ID NO: 6362 GATCGCCCATATGCTTGGATTAC
OGL23	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL23-5PriF	SEQ ID NO: 6363 GGATTAGGACGGCTGACTGGT
		extremida de 3'	OGL23-3PriR	SEQ ID NO: 6364 GTTGCTTTGTTTGCCTGCTCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL23-5nstPriF	SEQ ID NO: 6365 TTAAAGTGCTAGCTGACTGACCGA
		extremida de 3'	OGL23-3nstPriR	SEQ ID NO: 6366 GGCCCATGCCTTAGGTTGAC

Continuação

OGL24	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL24-5PriF	SEQ ID NO: 6367 ACTGAGACTGGGAGTCTGGGA
		extremida de 3'	OGL24-3PriR	SEQ ID NO: 6368 CGCCGTCCGACTGTTATTACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL24-5nstPriF	SEQ ID NO: 6369 CTTCGGCCTTGGATTGGATCAC
		extremida de 3'	OGL24-3nstPriR	SEQ ID NO: 6370 ACAACGCAGATCCCTAGAATCCA
OGL25	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL25-5PriF	SEQ ID NO: 6371 GGGATCTCTTGTACCAAATCAGC
		extremida de 3'	OGL25-3PriR	SEQ ID NO: 6372 TTGACAGTGAGACATGGGAGTACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL25-5nstPriF	SEQ ID NO: 6373 TGCCTGCATTGCATCGATCTG
		extremida de 3'	OGL25-3nstPriR	SEQ ID NO: 6374 AGTACCCACTGTCACTGCACG
OGL26	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL26-5PriF	SEQ ID NO: 6375 ATCTTCACCAAGTATCCCACACCT
		extremida de 3'	OGL26-3PriR2	SEQ ID NO: 6376 GCTGTGTTAGTATCGTCGAAGGCT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL26-5nstPriF	SEQ ID NO: 6377 TCAAACCTCACCTGATGTATCGCT
		extremida de 3'	OGL26-3nstPriR2	SEQ ID NO: 6378 CGAACCTCCAATTTATCGGCAATCG
OGL27	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL27-5PriF	SEQ ID NO: 6379 AAGTCCCTAGAGCCCTCATGC
		extremida de 3'	OGL27-3PriR	SEQ ID NO: 6380 GAGAGTTAGGAGGGAGCATGGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL27-5nstPriF	SEQ ID NO: 6381 GTGTCCGAGATAGGTCGTGTCC
		extremida de 3'	OGL27-3nstPriR	SEQ ID NO: 6382 TTGAACTTGGGCATGAGTGGGA
OGL28	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL28-5PriF	SEQ ID NO: 6383 GTCGGCTGTGCGTTATGAGAC
		extremida de 3'	OGL28-3PriR	SEQ ID NO: 6384 GATTAATCGGTTATCGGTGGACGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL28-5nstPriF	SEQ ID NO: 6385 ACGGACAGATCACAGATCGGG
		extremida de 3'	OGL28-3nstPriR	SEQ ID NO: 6386 CCTTAATCCGGTTTGGTGAACCC
OGL29	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL29-5PriF	SEQ ID NO: 6387 GCTTACACCGATGCAGGGGTA
		extremida de 3'	OGL29-3PriR	SEQ ID NO: 6388 GGTTGACATCGGAATTCGTGCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL29-5nstPriF	SEQ ID NO: 6389 TGAAAGAGAGCGGCCCAACTAC
		extremida de 3'	OGL29-3nstPriR	SEQ ID NO: 6390 TTAATGCTGGCCTCTCCTGCA
OGL30	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL30-5PriF	SEQ ID NO: 6391 ATGAAGAGCACCAGCTACCCC
		extremida de 3'	OGL30-3PriR	SEQ ID NO: 6392 GGAAGATGGAACCACATGCCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL30-5nstPriF	SEQ ID NO: 6393 GGCTACAAAACCCAAGAGGGG
		extremida de 3'	OGL30-3nstPriR	SEQ ID NO: 6394 CCCTTTCATGCAACGATCAGGC

Continuação

OGL31	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL31-5PriF	SEQ ID NO: 6395 TGTTCAAGTTGGTAAGTCGTCGCT
		extremida de 3'	OGL31-3PriR	SEQ ID NO: 6396 GTTCTTGGAGAGTGATTGTCGGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL31-5nstPriF	SEQ ID NO: 6397 CTTACCTCAAGGGAAGCAAGC
		extremida de 3'	OGL31-3nstPriR	SEQ ID NO: 6398 GGTGAAACTGAGCTGGGAATTGG
OGL32	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL32-5PriF	SEQ ID NO: 6399 GATCCACAACCACATTCAACAAGGT
		extremida de 3'	OGL32-3PriR	SEQ ID NO: 6400 TGATCAAAGTAGAGGCCTGATGACG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL32-5nstPriF	SEQ ID NO: 6401 GGACAAATGACATGTAACCCACTCC
		extremida de 3'	OGL32-3nstPriR	SEQ ID NO: 6402 ATGACGACAGCGTGTGTTGTGG
OGL33	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL33-5PriF	SEQ ID NO: 6403 AGCTCCACTTCCAGTAGTCCTG
		extremida de 3'	OGL33-3PriR	SEQ ID NO: 6404 CGGATAGCGTCCACAAACGAG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL33-5nstPriF	SEQ ID NO: 6405 AATCATGCGGCTGTGCGAAAGG
		extremida de 3'	OGL33-3nstPriR	SEQ ID NO: 6406 GCGATAAGAAAGCATCCTGCGG
OGL34	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL34-5PriF	SEQ ID NO: 6407 ACTGTACCACCGAAAGACGACC
		extremida de 3'	OGL34-3PriR	SEQ ID NO: 6408 CCCGTCTCACTGTGGATCTATGTC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL34-5nstPriF	SEQ ID NO: 6409 AAAGACGACCAACAGTCCTGC
		extremida de 3'	OGL34-3nstPriR	SEQ ID NO: 6410 GAGTCAACGTGTCAAGTGTACC
OGL35	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL35-5PriF	SEQ ID NO: 6411 AGGTGTAGTCCTGCTCTGTCTG
		extremida de 3'	OGL35-3PriR	SEQ ID NO: 6412 AACTGAAGACACTGACGACATCCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL35-5nstPriF	SEQ ID NO: 6413 TAGGGCGCTAGGCATGTACTC
		extremida de 3'	OGL35-3nstPriR	SEQ ID NO: 6414 GTGGCCTTCTAGGTACACTAGGG
OGL36	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL36-5PriF	SEQ ID NO: 6415 GCAACCAACTTTGTGCGGATGCT
		extremida de 3'	OGL36-3PriR	SEQ ID NO: 6416 AAAGCTCACCTCACAGCACGA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL36-5nstPriF	SEQ ID NO: 6417 TCATAGATTTGCGGTGTTGAACTG
		extremida de 3'	OGL36-3nstPriR	SEQ ID NO: 6418 ACTCTGCAGCCATGAATTCCAC
OGL37	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL37-5PriF	SEQ ID NO: 6419 GAGAAACCGAGGGATCGGAACA
		extremida de 3'	OGL37-3PriR	SEQ ID NO: 6420 ACATGTACGTGTGCGAGAGTCG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL37-5nstPriF	SEQ ID NO: 6421 AGTACGACTGGAATCCAACGCG
		extremida de 3'	OGL37-3nstPriR	SEQ ID NO: 6422 CTCTCCCTAGCTCGACGCTTG

Continuação

OGL38	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL38-5PriF	SEQ ID NO: 6423 GTAGCACTGCACCGTTCATGC
		extremida de 3'	OGL38-3PriR	SEQ ID NO: 6424 ACTCTCCTTCCCTCGACGGTA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL38-5nstPriF	SEQ ID NO: 6425 AGGAGATGAAGGCTTTGTCCCC
		extremida de 3'	OGL38-3nstPriR	SEQ ID NO: 6426 GCAAACCTGCATGGTTGATGC
OGL39	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL39-5PriF	SEQ ID NO: 6427 TTGGGTTTGTGCACCACACTC
		extremida de 3'	OGL39-3PriR	SEQ ID NO: 6428 GCTTCTGGAAAAACGCCAGCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL39-5nstPriF	SEQ ID NO: 6429 ATTCCTTGCGCTCCGTACGAA
		extremida de 3'	OGL39-3nstPriR	SEQ ID NO: 6430 CTTTGCATTGCAGGCACGGTTA
OGL40	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL40-5PriF	SEQ ID NO: 6431 CCGAGGTTAAATCCACAGGCG
		extremida de 3'	OGL40-3PriR	SEQ ID NO: 6432 GCGCATTTCTTGCCCTCAAA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL40-5nstPriF	SEQ ID NO: 6433 GTTCACAGGTACGACAGCAGC
		extremida de 3'	OGL40-3nstPriR	SEQ ID NO: 6434 TACGTTGCCACCAAAAGAGCC
OGL41	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL41-5PriF	SEQ ID NO: 6435 AGCAGGCTACTGTGGTCAGG
		extremida de 3'	OGL41-3PriR	SEQ ID NO: 6436 CGATTGCATACAGCAGGTGCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL41-5nstPriF	SEQ ID NO: 6437 GGCAGGTTTTGAAGGACCCCC
		extremida de 3'	OGL41-3nstPriR	SEQ ID NO: 6438 ACGAGCAATGCAGTGAAGGGT
OGL42	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL42-5PriF	SEQ ID NO: 6439 TGAGAACGAAACCCGTCAAGCA
		extremida de 3'	OGL42-3PriR	SEQ ID NO: 6440 CACGTGATCAAACGGCGAG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL42-5nstPriF	SEQ ID NO: 6441 CGTCAAGCATGCAGAAAGGCT
		extremida de 3'	OGL42-3nstPriR	SEQ ID NO: 6442 CCCCTAATCCGCACCGTGTA
OGL43	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL43-5PriF	SEQ ID NO: 6443 CCTGTTCTTCTCCCGAATGC
		extremida de 3'	OGL43-3PriR	SEQ ID NO: 6444 GGTACAAAGTGAAAAGGGCCGG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL43-5nstPriF	SEQ ID NO: 6445 GTGCAATCAAGCCTTGCCCAT
		extremida de 3'	OGL43-3nstPriR	SEQ ID NO: 6446 GAAGTGATGGTCCCTGCCAC
OGL44	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL44-5PriF	SEQ ID NO: 6447 GGCTCTAACACATGGTGAGGC
		extremida de 3'	OGL44-3PriR	SEQ ID NO: 6448 AATCATGGTCCTAGTTGTAGCCCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL44-5nstPriF	SEQ ID NO: 6449 ACTAGGATGAGGGAGCCAATGG
		extremida de 3'	OGL44-3nstPriR	SEQ ID NO: 6450 CTATGGAGATGCCTCCCACCAT

Continuação

OGL45	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL45-5PriF	SEQ ID NO: 6451 GAAGAGCTCGGCATCGGAGAT
		extremida de 3'	OGL45-3PriR	SEQ ID NO: 6452 TCCCAAAACGAACGTGTGCG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL45-5nstPriF	SEQ ID NO: 6453 TGGCTAGAGCGACCTTGTTCG
		extremida de 3'	OGL45-3nstPriR	SEQ ID NO: 6454 TCGAGATCAGGCATCCACACC
OGL46	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL46-5PriF	SEQ ID NO: 6455 CCAAAGTATTTGGTGGGATTCTCGC
		extremida de 3'	OGL46-3PriR	SEQ ID NO: 6456 CTGCAACAAGTGAAAAGCGCC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL46-5nstPriF	SEQ ID NO: 6457 GGATTCTCGCTTTTCCACCAAG
		extremida de 3'	OGL46-3nstPriR	SEQ ID NO: 6458 TACATCGATCCAGCTCGTGCTG
OGL47	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL47-5PriF	SEQ ID NO: 6459 CGGAACACTAAAACGGGGACATG
			Spec-PriR1	SEQ ID NO: 6460 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL47-3PriR	SEQ ID NO: 6461 TCTTCCTGGCAAGCACTAGGAAC
			UnivDonor-3PriF1	SEQ ID NO: 6462 GTTTCATCAAGCCTTACGGTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL47-5nstPriF	SEQ ID NO: 6463 ACCGAGTAAGGGCTTGTTCGG
			Spec-nstPriR2	SEQ ID NO: 6464 GCTGGCGATGAGCGAAATGTAG
		extremida de 3'	OGL47-3nstPriR	SEQ ID NO: 6465 TCTCCAGCAACCCCTAGATGC
			UnivDonor-3PriF2	SEQ ID NO: 6466 CAGCAACGTCGGTTCGAGATG
OGL48	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL48-5PriF	SEQ ID NO: 6467 GCAGTGACACTATAGCCACGTGT
		extremida de 3'	OGL48-3PriR	SEQ ID NO: 6468 GCCCAATCAATTGTCCCTGGAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL48-5nstPriF	SEQ ID NO: 6469 TGCTACCCAATGGTGTGGACTT
		extremida de 3'	OGL48-3nstPriR	SEQ ID NO: 6470 AATGCCCATTCGGTTGAACCC
OGL49	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL49-5PriF	SEQ ID NO: 6471 TCTGATGATCGGGTTGAGGCC
		extremida de 3'	OGL49-3PriR	SEQ ID NO: 6472 CCTCCGGAATCATTTCCCGTTG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL49-5nstPriF	SEQ ID NO: 6473 GTGCTGATCTGGTTGTGGGTC
		extremida de 3'	OGL49-3nstPriR	SEQ ID NO: 6474 CGGAACAATTCCTGGGCACAA
OGL50	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL50-5PriF	SEQ ID NO: 6475 AGCTATGGTTAACGGGAATGCCA
			Spec-PriR1	SEQ ID NO: 6476 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL50-3PriR	SEQ ID NO: 6477 TCTAGCGAGAGGTGGTCAGGT
			UnivDonor-3PriF1	SEQ ID NO: 6478 GTTTCATCAAGCCTTACGGTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL50-5nstPriF	SEQ ID NO: 6479 GCTGAAATTGCTGCATCATGGC
			Spec-nstPriR1	SEQ ID NO: 6480 GTTGCCTTGGTAGGTCCAGC
		extremida de 3'	OGL50-3nstPriR	SEQ ID NO: 6481 AGCTGCTACATCTGTGGTCGG

			UnivDonor-3PriF2	SEQ ID NO: 6482 CAGCAACGTCGGTTCGAGATG
OGL51	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL51-5PriF	SEQ ID NO: 6483 CCTTCACAGTACTTGAAGTCTGCA
		extremida de 3'	OGL51-3PriR	SEQ ID NO: 6484 CACTCACATGGTGC GTTCCG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL51-5nstPriF	SEQ ID NO: 6485 TGTATGCCTCGTCATCGAGGG
		extremida de 3'	OGL51-3nstPriR	SEQ ID NO: 6486 AGGGGAATGACCAGGAGCAG
OGL52	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL52-5PriF	SEQ ID NO: 6487 TCACGTACTGACCACAGAACACC
		extremida de 3'	OGL52-3PriR	SEQ ID NO: 6488 GAATATGCTCCACGCGCATCTC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL52-5nstPriF	SEQ ID NO: 6489 GCTGACTCTAAAACCGCCTTGTG
		extremida de 3'	OGL52-3nstPriR	SEQ ID NO: 6490 GATCCGGCTTGTTCGCTTGAC
OGL53	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL53-5PriF	SEQ ID NO: 6491 AACCATAGTGGCTCGCCAGT
		extremida de 3'	OGL53-3PriR	SEQ ID NO: 6492 AATCGCACTAGGTCAGCATGGT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL53-5nstPriF	SEQ ID NO: 6493 GATCATGTCTTAGCCTCCAACCA
		extremida de 3'	OGL53-3nstPriR	SEQ ID NO: 6494 GTGAAGACTCGAGCTTGGCCT
OGL54	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL54-5PriF2	SEQ ID NO: 6495 CAACAAGCTGGTTTGCAGGGT
		extremida de 3'	OGL54-3PriR	SEQ ID NO: 6496 TAACCCCCTTAGAGATGCACATGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL54-5nstPriF2	SEQ ID NO: 6497 ACCCCAGCAAATTGGACGATCT
		extremida de 3'	OGL54-3nstPriR	SEQ ID NO: 6498 TAGATCGATGAAACCGGTCGATGTG
OGL55	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL55-5PriF	SEQ ID NO: 6499 GACCAACCATTTGTTGCCCT
		extremida de 3'	OGL55-3PriR	SEQ ID NO: 6500 CACGTCTTTGTAGCGACTGTCCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL55-5nstPriF	SEQ ID NO: 6501 TCCGAAAACCTCAAGCATGCCC
		extremida de 3'	OGL55-3nstPriR	SEQ ID NO: 6502 GTGGTGAACCTCCCTCTAGACCC
OGL56	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL56-5PriF2	SEQ ID NO: 6503 TGGAAAAACGTAGATGTGCTTGCC
		extremida de 3'	OGL56-3PriR2	SEQ ID NO: 6504 CAAGCTCTTTGATCGTGGTTGACG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL56-5nstPriF2	SEQ ID NO: 6505 GCAGTAAACCTAGTGATGCTGCCT
		extremida de 3'	OGL56-3nstPriR2	SEQ ID NO: 6506 ATGCTTGGTCAACGTGCCAC
OGL57	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL57-5PriF2	SEQ ID NO: 6507 CGGTGAATGCAAGCTGGATCAC
		extremida de 3'	OGL57-3PriR2	SEQ ID NO: 6508 GCACTTGTGCTATCCGCCAG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL57-5nstPriF2	SEQ ID NO: 6509 CTTTGGTGGCGGAGATCAGG
		extremida de 3'	OGL57-3nstPriR2	SEQ ID NO: 6510 TGGAGGAGGAAATCTCTGCTATTCGT
OGL58	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL58-5PriF	SEQ ID NO: 6511 ACAGTGGACTCCCTCGCAAG
		extremida de 3'	OGL58-3PriR2	SEQ ID NO: 6512 GTAAGCTTCCTCGACACCTCCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL58-5nstPriF	SEQ ID NO: 6513 TCTGAAGCACAGTTTAGCCGCA

		extremida de 3'	OGL58- 3nstPriR2	SEQ ID NO: 6514 GTGGTTATCTGTAGCTTGAGCACTGA
OGL59	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL59- 5PriF2	SEQ ID NO: 6515 TGTGTTCTTCTCCATGCACCT
		extremida de 3'	OGL59- 3PriR2	SEQ ID NO: 6516 CCTTGTCACGGAGACTCTCGG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL59- 5nstPriF2	SEQ ID NO: 6517 TCACATGCCTCAACTGGAGCA
		extremida de 3'	OGL59- 3nstPriR2	SEQ ID NO: 6518 TGGAAGGGCAAACTGAGCC
OGL60	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL60- 5PriF	SEQ ID NO: 6519 GCGACCTTTTCATTGTTGGAGTAGG
		extremida de 3'	OGL60- 3PriR	SEQ ID NO: 6520 TACCACACCATCGAGCCGTC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL60- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6521 ACGATTACGTAGGTAGGGTGCCT
		extremida de 3'	OGL60- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6522 ACCCATTTTCGAGCTGCCTGT
OGL61	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL61- 5PriF	SEQ ID NO: 6523 CCATGCAGATGTCGAGGCAAC
		extremida de 3'	OGL61- 3PriR	SEQ ID NO: 6524 TACTGCCTTCTGAACCGTCGG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL61- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6525 TGTTTAGCTACATCCACGGGCAT
		extremida de 3'	OGL61- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6526 ACTGCAATGACAAGGCACATCC
OGL62	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL62- 5PriF	SEQ ID NO: 6527 GCACGTCGTTAGTGATCGAGCT
		extremida de 3'	OGL62- 3PriR	SEQ ID NO: 6528 GTTGTCAACGAAGCCCGTCTAATTG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL62- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6529 CCTGCAGTTAACGCAGACGTG
		extremida de 3'	OGL62- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6530 CTAGACCGTACTATTGTGCTGTGAAG
OGL63	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL63- 5PriF	SEQ ID NO: 6531 TCCTTACTGGCCCCTAGTCCA
		extremida de 3'	OGL63- 3PriR	SEQ ID NO: 6532 CTCCCACGAGCGACTAGCTAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL63- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6533 TGCAACTATGGACTTGGCCACA
		extremida de 3'	OGL63- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6534 CCTCACGAATAAAAGCACCCCC
OGL64	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL64- 5PriF	SEQ ID NO: 6535 AGTCTACGTGGCATACAACCCC
		extremida de 3'	OGL64- 3PriR	SEQ ID NO: 6536 GAACTTGGACCTTGCTGTCTGG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL64- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6537 AGGTCTCGAACAACCTCCCTATGC
		extremida de 3'	OGL64- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6538 CCATTCCATGAAGACCGACTCCA
OGL65	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL65- 5PriF	SEQ ID NO: 6539 ACCAAATCCGTTTGCTTTCACCG
		extremida de 3'	OGL65- 3PriR	SEQ ID NO: 6540 CTCTGACAGATACCACGTTGCT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL65- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6541 CACCGTTTCACGAAGCTGCA
		extremida de 3'	OGL65- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6542 ACCGAAATCTGCGCGCTAGTT
OGL66	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL66- 5PriF	SEQ ID NO: 6543 ACAGAAGAGGTTGCGGAGTAACG
		extremida de 3'	OGL66- 3PriR	SEQ ID NO: 6544 AAACAAAATCGTATCGCCGAGCAG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL66- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6545 TACTTGGACCGGCCTCTACCT

		extremida de 3'	OGL66-3nstPriR	SEQ ID NO: 6546 AACCTTGCAACAGCCCCAAAT
OGL67	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL67-5PriF	SEQ ID NO: 6547 AGGTAATACCAGTGAGCCGAC
			Spec-PriR1	SEQ ID NO: 6548 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL67-3PriR	SEQ ID NO: 6549 CACTCTGTACTGGGAGAGGG
			UnivDonor-3PriF1	SEQ ID NO: 6550 GTTTCATCAAGCCTTACGGTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL67-5nstPriF	SEQ ID NO: 6551 ATAATGCAGCGCTTGCAGAT
			Spec-nstPriR2	SEQ ID NO: 6552 GCTGGCGATGAGCGAAATGTAG
		extremida de 3'	OGL67-3nstPriR	SEQ ID NO: 6553 CTCAATTCCATGTGCAACCAAAC
			UnivDonor-3PriF2	SEQ ID NO: 6554 CAGCAACGTCGGTTCGAGATG
OGL68	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL68-5PriF	SEQ ID NO: 6555 GTGGTGATACCGTCGTCTCTCC
		extremida de 3'	OGL68-3PriR	SEQ ID NO: 6556 CACTTTGTCCCTGCTCGGTTC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL68-5nstPriF	SEQ ID NO: 6557 GAAACAAGCCATTGATTGTGCCCCA
		extremida de 3'	OGL68-3nstPriR	SEQ ID NO: 6558 GTCGACTCACAACGCTTCCC
OGL69	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL69-5PriF	SEQ ID NO: 6559 AGTACAACACTGAGACGTGGGC
		extremida de 3'	OGL69-3PriR	SEQ ID NO: 6560 ACTAGGATTGCTAGGGAGCACGAA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL69-5nstPriF	SEQ ID NO: 6561 AGATTGCAGGGCACTTGAGGT
		extremida de 3'	OGL69-3nstPriR	SEQ ID NO: 6562 ACAGGATTACAAGCCCAAACCCA
OGL70	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL70-5PriF	SEQ ID NO: 6563 TTCTTCAGGCGGCATCGCATA
			Spec-PriR1	SEQ ID NO: 6564 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL70-3PriR	SEQ ID NO: 6565 TAGTAGCCGACAATGTGGCCC
			UnivDonor-3PriF1	SEQ ID NO: 6566 GTTTCATCAAGCCTTACGGTCACC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL70-5nstPriF	SEQ ID NO: 6567 CGCTCAGGAAATCCTTGATGCC
			Spec-nstPriR2	SEQ ID NO: 6568 GCTGGCGATGAGCGAAATGTAG
		extremida de 3'	OGL70-3nstPriR	SEQ ID NO: 6569 GTGAACGACGGCAACAAGCT
			UnivDonor-3PriF2	SEQ ID NO: 6570 CAGCAACGTCGGTTCGAGATG
OGL71	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL71-5PriF	SEQ ID NO: 6571 GAGGTCCCTTACGGGTCATCG
		extremida de 3'	OGL71-3PriR	SEQ ID NO: 6572 ACCAGGTCTATCTTGCGCAGAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL71-5nstPriF	SEQ ID NO: 6573 AATAGCGTGGTCGGGTCCTAG
		extremida de 3'	OGL71-3nstPriR	SEQ ID NO: 6574 ACGAACGATCCAAGGTGCAGT
OGL72	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL72-5PriF	SEQ ID NO: 6575 CCAATGGACGACAGCGGTTAG
		extremida de 3'	OGL72-3PriR	SEQ ID NO: 6576 ACGAGAACAAGCCACTCTTGCT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL72-5nstPriF	SEQ ID NO: 6577 CAACCGGAGAACGGATAGCCT

		extremida de 3'	OGL72-3nstPriR	SEQ ID NO: 6578 TGAAGATTTCCCTACCGTCGCC
OGL73	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL73-5PriF1	SEQ ID NO: 6579 AGTACTGGGGACGTTACCG
		extremida de 3'	OGL73-3PriR1	SEQ ID NO: 6580 CGACAAGAACCCGGTACATGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL73-5PriF2	SEQ ID NO: 6581 AGAGCTGAAACTGATCGCGGT
		extremida de 3'	OGL73-3PriR2	SEQ ID NO: 6582 GACAGAGTCCGATCCCTGCT
OGL74	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL74-5PriF	SEQ ID NO: 6583 GCCACACGGATTTTGCATATCA
		extremida de 3'	OGL74-3PriR	SEQ ID NO: 6584 CTTTTGTGCGTCCTGCCACTG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL74-5nstPriF	SEQ ID NO: 6585 AGCAACGTAGGGTCACGGAC
		extremida de 3'	OGL74-3nstPriR	SEQ ID NO: 6586 GAGGAGTCTTCGATGCCACGA
OGL75	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL75-5PriF	SEQ ID NO: 6587 GAAAGCACCAGGTCGTATCTTGC
		extremida de 3'	OGL75-3PriR	SEQ ID NO: 6588 CGCACAATCTTCGCTTCAAACCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL75-5nstPriF	SEQ ID NO: 6589 GCATTGCTCTTCAGGAGGTACGT
		extremida de 3'	OGL75-3nstPriR	SEQ ID NO: 6590 CAGCTGTGCAAGTCCGACTG
OGL76	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL76-5PriF	SEQ ID NO: 6591 TCTCCATACCTGCACTGGGTG
		extremida de 3'	OGL76-3PriR	SEQ ID NO: 6592 ACGTGCTCTCAGCAACATCCA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL76-5nstPriF	SEQ ID NO: 6593 CGTCCAAACAGGCTAGACAGC
		extremida de 3'	OGL76-3nstPriR	SEQ ID NO: 6594 TGCCTTTTGCCTCAACGGTG
OGL77	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL77-5PriF	SEQ ID NO: 6595 CCATCCAGATCGCGGTTGTC
		extremida de 3'	OGL77-3PriR	SEQ ID NO: 6596 TACGAGTTCACGCCATTGCGT
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL77-5nstPriF	SEQ ID NO: 6597 GTCTCCTCTTTGACGGTTGCG
		extremida de 3'	OGL77-3nstPriR	SEQ ID NO: 6598 TCGATCCACACTCGCATGCA
OGL78	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL78-5PriF	SEQ ID NO: 6599 GTGGACCAGTGTAAGCCCG
		extremida de 3'	OGL78-3PriR	SEQ ID NO: 6600 TCCCTAGTGCCAGGACCTGA
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL78-5nstPriF	SEQ ID NO: 6601 ACACCAAATGTCCGGTAGCGA
		extremida de 3'	OGL78-3nstPriR	SEQ ID NO: 6602 CGACGATTCTCCATTGGCCG
OGL79	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL79-5PriF	SEQ ID NO: 6603 GCTAGAAACGCTGAACAGCAGC
		extremida de 3'	OGL79-3PriR	SEQ ID NO: 6604 CGGGTTTAGAATCCACAAGCCG
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL79-5nstPriF	SEQ ID NO: 6605 GACAAAAGCTGCCATCAACGCT
		extremida de 3'	OGL79-3nstPriR	SEQ ID NO: 6606 CCCGATATGGACAGGTCAGCT
OGL80	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL80-5PriF	SEQ ID NO: 6607 AAAGGCGACACACACCTTTGC
		extremida de 3'	OGL80-3PriR	SEQ ID NO: 6608 AGACAGCCATCCTCACTCGC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL80-5nstPriF	SEQ ID NO: 6609 TTTGGTGAGAGGCCGAGAA

		extremida de 3'	OGL80- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6610 AAGTAGCCAGGCAGACAACCA
OGL81	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL81- 5PriF	SEQ ID NO: 6611 CTAGGCAGGGTGGCATGAAAG
			Spec- PriR1	SEQ ID NO: 6612 CCACGATCGACATTGATCTGGCTA
		extremida de 3'	OGL81- 3PriR	SEQ ID NO: 6613 ACCATCAGAGGTTGTGAAGGCA
			UnivDonor -3PriF	SEQ ID NO: 6614 CAAATTCCCACTAAGCGCTCGG
		extremida de 5'	OGL81- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6615 AAGGGCAACTTCATGGTTCAACC
	PCR aninhada		Spec- nstPriR1	SEQ ID NO: 6616 GTTGCCTTGGTAGGTCCAGC
		extremida de 3'	OGL81- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6617 ACCAGTAAATCCACAACCCATGGT
			UnivDonor -3nstPriF	SEQ ID NO: 6618 GTAAAGGTGAGCAGAGGCACG
OGL03	Primeira PCR	extremida de 5'	OGL03- 5PriF	SEQ ID NO: 6691 TATATGGTGGCCAATGGACGATGG
		extremida de 3'	OGL03- 3PriR	SEQ ID NO: 6692 CCACAGGAGCAAGCAGTGAC
	PCR aninhada	extremida de 5'	OGL03- 5nstPriF	SEQ ID NO: 6693 CGCATCTTTGGGGGTAGTGG
		extremida de 3'	OGL03- 3nstPriR	SEQ ID NO: 6694 AGTACCCAGTTGGTCTCGCC

Tabela 10. Lista de todos os iniciadores de "Entrada" para a análise de PCR de "Entrada-Saída" aninhada de loci genômicos excelentes.

Todas as reações		extremida de 5'	Spec-PriR1	SEQ ID NO:5473 CCACGATCGACATTGATCTGG CTA
	Primeira PCR	extremida de 3'	Uzi-PriF1	SEQ ID NO:5474 GGGATATGTGTCTACCGTAT CAGG
	PCR aninhada	extremida de 5'	Spec- nstPriR1	SEQ ID NO:5475 GTTGCCTTGGTAGGTCCAGC
		extremida de 3'	Uzi- nstPriF1	SEQ ID NO:5476 GAGCCATCAGTCCAACACTGC

TABELA 11. Iniciadores para atividade de clivagem de ZFN.

OGL 1	Controle/ZFN 111879	SEQ ID NO:5477 TGGCACTAATCTCACCGGCT
		SEQ ID NO:5478 AGTCTTAGAAGTACGCTACCGT
OGL 2	Controle/ZFN 111885	SEQ ID NO:5479 TACTTGGCTTCGGCGGCGA
		SEQ ID NO:5480 GGGTGACTTTTACGCGTCTCG
OGL 11	Controle/ZFN 117402	SEQ ID NO:5481 GGTCACGACGCATGGCCTAA
		SEQ ID NO:5482 AGGATGCATGGATCACCGTC
OGL 12	Controle/ZFN 117404	SEQ ID NO:5483 GCTCTGTTGTGCAGCCGTAC
		SEQ ID NO:5484 CGTTGCAGATACCACAGTGTAC
OGL 13	Controle/ZFN 117429	SEQ ID NO:5485 GCTAGTAGCTGTTTACACGGCG

		TCT
		SEQ ID NO:5486 AGGTCGAGACAACCAAGTAGAG
OGL 14	Controle/ZFN 117406	SEQ ID NO:5487 ACAGGACATCGAGCTTGCAT
		SEQ ID NO:5488 CAGAAGAAAGGCATCAACTCATG
OGL 15	Controle/ZFN 117408	SEQ ID NO:5489 CTCTTTCACCTCTACTTTTACTTCAG
		SEQ ID NO:5490 ATTGAACCGTTGTCAAAGCCA
OGL 16	Controle/ZFN 117411	SEQ ID NO:5491 CACAGCGTCAGGGCGGTAAC
		SEQ ID NO:5492 GGCACGCACCTGTCACTGAC
OGL 17	Controle/ZFN 117413	SEQ ID NO:5493 GTACGCGCCCGGGAACCTCCT
		SEQ ID NO:5494 CCTGCGGCCACGTGCATCT

[0342] A implantação do ensaio PCR de entrada-saída em um sistema de direcionamento de protoplasto foi particularmente desafiadora à medida que grandes quantidades do DNA de plasmídeo foram usadas para transfecção, e a grande quantidade de DNA permanece no sistema de direcionamento protoplasto e foi subsequentemente extraída junto com o DNA genômico celular. O DNA de plasmídeo residual pode diluir a concentração relativa do DNA genômico e reduzir a sensibilidade total de detecção e também pode ser uma causa significativa de reações de PCR anormais não específicas. A inserção de doador à base de NHEJ induzida por ZFN ocorre tipicamente em uma orientação direta ou reversa. A análise de PCR de entrada-saída de DNA para a inserção de orientação direta muitas vezes exibiu bandas de falsos positivos, possivelmente devido às regiões compartilhadas de homologia ao redor do sítio de ligação de ZFN no alvo e ao doador que pode resultar em iniciação e extensão do DNA doador não integrado durante o processo de amplificação. Os falsos positivos não foram observados nas análises que sondaram os produtos de inserção de orientação reverse e, portanto, toda a análise de integração direcionada de doador foi realizada para interrogar a inserção de doador reversa na RTA. A fim de aumentar adicionalmente a especificidade e reduzir o fundo, uma estratégia de PCR aninhada também foi empregada. A estratégia de PCR aninhada usou uma

segunda reação de amplificação de PCR que amplificou uma segunda região dentro do primeiro produto de amplificação da primeira reação de PCR. O uso de quantidades assimétricas de iniciadores de "entrada" e "saída" otimizou a PCR de junção adicionalmente para a análise de direcionamento rápido em loci genômicos selecionados.

[0343] Os resultados de análise de PCR de entrada-saída foram visualizados em um gel de agarose. Para todos os loci genômicos selecionados de *Zea mays* da Tabela 12, "ZFN + tratamentos de doador" produziram uma banda de tamanho quase esperado nas extremidades 5' e 3'. A ZFN de controle ou somente tratamentos de doador foram negativos na PCR que sugere que o método foi especificamente pontuado para a integração de doador no sítio-alvo de pelo menos 72 dos loci genômicos de milho não gênicos excelentes. Todos os tratamentos foram conduzidos em réplicas de 3 a 6 e a presença do produto de PCR antecipada em múltiplas réplicas (≥ 2 em ambas as extremidades) foi usada par confirmar o direcionamento. A inserção de doador através de NHEJ muitas vezes produz supprodutos de intensidade inferior que foram gerados devido ao processamento das extremidades linearizadas nos sítios de ZFN alvos e/ou doadores. Além disso, observou-se que ZFNs diferentes resultaram em níveis diferentes de eficiência para a integração direcionada, com algumas das ZFNs que produzem consistentemente altos níveis de integração de doador, algumas ZFNs que produzem níveis menos consistentes de integração de doador e outras ZFNs que resultam em nenhuma integração. Geralmente, para cada um dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* que fora testados, a integração direcionada foi demonstrada dentro dos alvos de loci genômicos representativos de *Zea mays* através de uma ou mais ZFNs, o que confirma que cada um desses loci é alvejável. Além disso, cada um dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* é adequado para a

transformação de gene de precisão. A validação desses alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* foi repetida múltiplas vezes com resultados similares todas as vezes confirmando, desse modo, a capacidade de reprodução do processo de validação que inclui desenho e construção de plasmídeo, transformação de protoplasto, processamento de amostra e análise de amostra.

CONCLUSÃO

[0344] O plasmídeo doador e uma ZFN desenhada para clivar especificamente os alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* foram transfetados em protoplastos de *Zea mays* c.v. Hi-II e as células foram colhidas 24 horas depois. A análise do DNA genômico isolado do controle, ZFN tratada e ZFN com protoplastos por doador através da PCR de junção de entrada-saída mostrou a inserção direcionada do polinucleotídeo doador universal como um resultado da clivagem de DNA genômico através das ZFNs (Tabela 12). Esses estudos mostraram que o sistema de polinucleotídeo doador universal pode ser usado para avaliar o direcionamento em sítios endógenos e para triar as ZFNs candidatas. Finalmente, uma Análise de Direcionamento Rápido à base de protoplasto e os novos sistemas de sequência polinucleotídica doadora universal proporcionam um modo rápido para examinar os alvos genômicos e ZFNs para esforços de engenharia de genoma de precisão em plantas. Os métodos podem ser estendidos para avaliar a clivagem sítio-específica e a inserção de doador em alvos genômicos em qualquer sistema de interesse usando qualquer nuclease que introduza quebras de fita simples ou dupla de DNA.

TABELA 12. Ilustra os resultados da integração de uma sequência polinucleotídica doadora universal dentro dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays*. Conforme indicado pelo * abaixo, a inserção de doador em OGL73 foi confirmada apenas por uma reação de PCR da sequência de junção 5'.

Nome	ID	Localização	Atribuição de aglomerado	ZFN (pDAB#)	Doador (pDAB#)	Locus alvejável (Y/N)
OGL01	optimal_loci_204637_G1	chr5:200298202..200301414	16	111879	111845	Y
OGL02	optimal_loci_204726_G1	chr5:200665730..200670667	03	111885	111846	Y
OGL08	optimal_loci_31710	chr1:194939396..194943360	23	117400	117415	Y
OGL11	optimal_loci_64542	chr2:72203716..72205045	14	117402	117416	Y
OGL12	optimal_loci_156393	chr4:154313884..154315253	10	117404	117417	Y
OGL15	preffered_loci_198387	chr5:164712378..164713567	25	117408	117419	Y
OGL13	optimal_loci_157315	chr4:158710709..158711983	30	117429	117434	Y
OGL14	optimal_loci_197372	chr5:158680601..158681681	26	117406	117418	Y
OGL16	optimal_loci_232228	chr6:144719567..144723469	28	117411	117420	Y
OGL17	optimal_loci_285621	chr8:118321357..118322528	06	117413	117421	Y
OGL04	optimal_loci_43577	chr1:256469704..256472666	20	124802	124812	Y
OGL05	optimal_loci_301774	chr9:23468085..23470278	15	121900	121926	Y
OGL06	optimal_loci_232222	chr6:144700575..144702126	20	124810	124813	Y
OGL07	optimal_loci_203704	chr5:194836270..194840217	12	121902	121930	Y
OGL09	optimal_loci_59517	chr2:43352132..43353146	1	118643	118697	Y
OGL10	optimal_loci_25001	chr1:151371224..151372260	1	118648	118686	Y
OGL18	optimal_loci_112632	chr3:128098856..128100257	2	123802	123810	Y
OGL19	optimal_loci_28905	chr1:177037718..177038919	2	123805	123809	Y
OGL20	optimal_loci_129164	chr3:221246027..221247542	3	121992	123808	Y
OGL21	optimal_loci_2425	chr1:12810845..12814490	3	118650	118697	Y
OGL22	optimal_loci_122036	chr3:184608166..184609697	4	118654	118688	Y
OGL23	optimal_loci_5735	chr1:29190279..29192844	4	118656	118689	Y
OGL24	optimal_loci_178978	chr5:35776311..35777560	5	118659	118690	Y
OGL25	optimal_loci_288388	chr8:133290442..133291481	5	118660	118697	Y
OGL26	optimal_loci_60310	chr2:47967092..47968271	5	118767	118787	Y
OGL27	optimal_loci_243330	chr7:34630402..34631577	6	118769	118787	Y
OGL28	optimal_loci_127038	chr3:210603611..210605198	7	118663	118697	Y
OGL29	optimal_loci_262784	chr7:155767046..155769049	7	118668	118691	Y
OGL30	optimal_loci_344662	chr10:119131667..119133955	7	118669	118692	Y
OGL31	optimal_loci_153894	chr4:139979597..139981225	8	118670	118693	Y
OGL32	optimal_loci_28771	chr1:176062139..176063611	8	118673	118694	Y
OGL33	optimal_loci_1098	chr1:5582601..5583834	9	118674	118695	Y
OGL34	optimal_loci_97772	chr3:30209253..30210607	9	118676	118696	Y
OGL35	optimal_loci_236662	chr6:165975716..165977010	10	118677	118697	Y
OGL36	optimal_loci_139485	chr4:42804231..42805751	11	118680	118697	Y
OGL37	optimal_loci_301175	chr9:20325171..20326621	11	118683	118764	Y
OGL38	optimal_loci_152337	chr4:130033092..130035481	12	118685	118765	Y
OGL39	optimal_loci_202616	chr5:188822901..188824814	12	123833	123809	Y
OGL40	optimal_loci_282323	chr8:100763204..100764398	13	118771	118787	Y
OGL41	optimal_loci_262782	chr7:155759080..155760097	13	121943	121983	Y
OGL42	optimal_loci_236455	chr6:164795991..164797027	14	121946	121984	Y
OGL43	optimal_loci_162531	chr4:189896984..189899332	15	121949	121985	Y
OGL44	optimal_loci_344663	chr10:119143167..119144795	15	121952	121986	Y
OGL45	optimal_loci_337001	chr10:77188319..77190007	16	121959	121987	Y
OGL46	optimal_loci_238100	chr7:4899227..4900708	16	121963	121988	Y
OGL48	optimal_loci_264359	chr7:163504241..163505487	17	121971	121990	Y
OGL49	optimal_loci_282653	chr8:102704765..102705924	18	121972	121991	Y
OGL50	optimal_loci_80282	chr2:173420834..173421870	18	124097	124295	Y
OGL51	optimal_loci_291068	chr8:148277606..148279985	19	123818	123831	Y
OGL52	optimal_loci_56395	chr2:24801482..24803132	19	118705	121201	Y
OGL54	optimal_loci_114664	chr3:140106950..140108061	21	118711	118792	Y
OGL57	optimal_loci_53137	chr2:7304197..7305496	22	118718	118794	Y
OGL58	optimal_loci_344664	chr10:119144946..119146850	23	118722	121208	Y
OGL59	optimal_loci_81941	chr2:181418576..181421181	24	118726	121209	Y
OGL60	optimal_loci_321514	chr9:140776147..140777584	24	118728	121210	Y
OGL61	optimal_loci_301180	chr9:20328932..20330129	25	118732	121211	Y
OGL62	optimal_loci_348776	chr10:142097590..142098803	26	118733	121212	Y
OGL63	optimal_loci_244439	chr7:41068791..41070248	27	118735	118795	Y
OGL64	optimal_loci_348258	chr10:139297032..139298517	27	118739	121214	Y
OGL65	optimal_loci_322501	chr9:146078534..146080201	28	118742	121215	Y
OGL66	optimal_loci_244324	chr7:40299412..40300584	29	118745	121216	Y
OGL67	optimal_loci_97232	chr3:27463016..27464143	29	124081	124866	Y
OGL68	optimal_loci_282499	chr8:101771408..101772767	30	125361	125366	Y

OGL69	optimal loci	155031	chr4:146991391..146993137	31	118753	121218	Y
OGL70	optimal loci	301773	chr9:23465509..23467762	31	124878	123880	Y
OGL71	optimal loci	283161	chr8:105321958..105323571	32	123829	123832	Y
OGL72	optimal loci	55524	chr2:20099003..20100485	32	118761	121221	Y
OGL 73	optimal loci	127268	chr3:211767898..211770046	16	124086	124298	Y
OGL74	optimal loci	137693	chr4:31118968..31122359	3	121904	121927	Y
OGL75	optimal loci	265551	chr7:170127188..170130734	3	121905	121927	Y
OGL76	optimal loci	128078	chr3:215482594..215485640	4	121917	121927	Y
OGL77	optimal loci	168286	chr4:219987223..219990695	4	121918	121928	Y
OGL78	optimal loci	3733	chr1:19232372..19235997	11	121909	121930	Y
OGL79	optimal loci	203075	chr5:191370802..191374627	12	121912	121929	Y
OGL80	optimal loci	232484	chr6:146122164..146125580	12	121981	121936	Y
OGL81	optimal loci	136086	chr4:22531506..22534989	27	124091	124298	Y

EXEMPLO 7: EXPRESSÃO DE SEQUÊNCIA DOADORA DE POLINUCLEOTÍDEOS DENTRO DOS LOCI GENÔMICOS DE *ZEAMAYS*

[0345] Os eventos de transformação de milho aleatoriamente integrados foram gerados pela transformação com os plasmídeos pDAB105817 e pEPS1027 contendo o transgene *aad-1*, descrito na patente U.S. nº 7.838.733. (Figura 14). Grandes números de eventos foram produzidos e 1.027 eventos estáveis foram analisados para determinar se qualquer um dos eventos continha um transgene aleatoriamente integrado dentro dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* através de um método de análise de flanqueamento de genoma, conforme descrito no pedido de patente U.S. nº 2012/0258867. Desse modo, a localização cromossômica do transgene integrado em 223 eventos foi mapeada dentro do genoma de *Zea mays*. Os dados, Tabela 13, indicaram que a localização cromossômica dos transgenes integrados demonstrou integração dentro das regiões hipometiladas (45 a 73%) e nas unidades de transcrição (promotor/gene/3'UTR) a jusante de áreas de pelo menos 1 Kb (60%).

TABELA 13. Contexto genômico e epigenômico dos 1.027 eventos mapeados.

	Nº de eventos mapeados com alta confiança	Nº de eventos mapeados com baixa confiança	Nº total de eventos
Contagem	107	116	223
Regiões hipometiladas de 100 pb	102	61	163
Regiões hipometila-	68	27	95

das de 2kb			
Corpo de gene	45	26	71
2kb a montante	32	11	43
1kb a jusante	16	3	19
Repetidas	9	62	71
Gênicas/repetidas totais	88	98	186

[0346] Os eventos mapeados foram adicionalmente analisados usando os critérios preditivos de *locus* excelentes descritos nos Exemplos 1 e 2 (regiões hipometiladas, regiões peculiares, não gênicas, não repetidas, proximais aos genes em uma vizinhança de 40 Kb, evidência de expressão ativa em raízes/brotos, evidência de recombinação) e diversos eventos aleatoriamente integrados foram identificados dentro dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* (Tabela 14). Por exemplo, o direcionamento dentro dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* optimal_loci_232222 e optimal_loci_127268 foi demonstrado usando a Análise de Teste Rápido e o direcionamento *in planta*, respectivamente.

[0347] O comprimento médio dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* experimentais era de aproximadamente 1 Kb e graus variados de expressão *aad-1* foram observados em cada um dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* (Tabela 14). A análise de expressão de *aad-1* média foi conduzida no estágio de transformação de planta T₁ através de uma análise de PCR em tempo real de material foliar transgênico isolado. Desse modo, os eventos de integração aleatórios dentro do genoma de *Zea mays* foram capazes de expressar um transgene dentro dos alvos de loci genômicos selecionados de *Zea mays* experimentais.

TABELA 14. Expressão do transgene *aad-1* aleatoriamente integrado dentro dos loci genômicos excelentes. A Localização, Comprimento e expressão de RNA para o gene marcador *aad-1* no *locus* são mostrados.

ID de Evento	Nome de loci genômicos excelentes	SEQ ID NO:	Localização	Comprimento	Expressão Média de RNA AAD1 T/R
--------------	-----------------------------------	------------	-------------	-------------	---------------------------------

G3_PL2863_10 27-nstPri3	optimal_loci_43565	655	chr1:256293759.. 256295777	2018	22,687
H4_PL2783_10 27-nstPri3	optimal_loci_164397	4552	chr4:199185401.. 199186813	1413	32,825
B6_PL2955_10 27-nstPri3	optimal_loci_232222	3357	chr6:144700575.. 144702126	1553	3,1805
E7_PL3018_10 27-nstPri3	optimal_loci_125749	19	chr3:204456962.. 204458140	1179	0,5185
E4_PL2955_10 27-nstPri3	optimal_loci_7953	1777	chr1:41279823.. 41280909	1087	4,0805
A7_PL2746_10 27-nstPri3	optimal_loci_205643	2037	chr5:205773760.. 205775465	1705	1,3761
F4_PL2978_10 27-nstPri3	optimal_loci_201819	2726	chr5:184470152.. 184471958	1807	0,56075
B8_PL2955_10 27-nstPri3	optimal_loci_42519	1929	chr1:250905847.. 250908881	3035	0,4591
B104/pDAB105 817{1}015.001- 1	optimal_loci_127268	2709	chr3:211,767,898.. 211,770,046	2149	1,54

EXEMPLO 8: Loci Genômicos de Milho Não Gênicos Excelentes para Integração de Transgene

[0348] Um conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes foi identificado a partir dos 5.286 loci genômicos de milho não gênicos excelentes para selecionar múltiplos loci para direcionamento sítio-específico de cassetes de expressão genética e para gerar pilhas de cassetes de expressão genética. Os seguintes critérios foram usados para filtrar o grupo de loci genômicos de milho não gênicos excelentes e selecionar um conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes:

[0349] Maior que 3 Kb de comprimento. Os loci genômicos de milho não gênicos excelentes podem ser alvejados com a integração de pelo menos dois conjuntos de cassetes de expressão genética.

[0350] Frequência de recombinação de 0,5 a 1,0, que é menor que a frequência de recombinação média dos 5.286 loci genômicos de milho não gênicos excelentes identificados (a frequência de recombinação média é de cerca de 2,0).

[0351] Maior que a expressão média de genes endógenos dentro de 40 Kb dos 5.286 loci genômicos de milho não gênicos excelentes identificados. A expressão média de genes dentro de uma região de 40

Kb em tecidos de raiz e broto é maior que 6,30, que é o 48º percentil de todos os loci genômicos de milho não gênicos excelentes.

[0352] Cobertura de Sequência e identidade de sequência de mais de 90% entre *Zea mays* c.v. B104 e *Zea mays* c.v. Hi-II.

[0353] Cada um dos critérios descritos acima foi aplicado para selecionar um conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes. A Figura 24 proporciona três diagramas ilustrativos dos critérios, e como os loci genômicos de milho não gênicos excelentes selecionados foram comparados em relação a outros loci. Nove loci genômicos de milho não gênicos excelentes (optimal_loci_137693_G1, optimal_loci_265551_G1, optimal_loci_128078_G1, optimal_loci_168286_, optimal_loci_3733_G1, optimal_loci_203075_G1, optimal_loci_32484_G1, optimal_loci_136086_G1, e optimal_loci_203704_G1) que tinham pelo menos 3 Kb de comprimento foram identificados usando esses critérios. Consulte a Tabela 15. Os loci genômicos de milho não gênicos excelentes adicionais foram identificados reduzindo-se a limitação de tamanho a ≥ 2 Kb (optimal_loci_291068_G1 e optimal_loci_43577_G1), esses loci foram adicionados ao conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes. Outro conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes foi adicionado ao conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes à medida que havia evidência da expressão de um transgene aleatoriamente integrado através da transformação de *Agrobacterium* nesses sítios (optimal_loci_232222_G1 e optimal_loci_127268_G1). Os loci genômicos optimal_loci_204637_G1 e optimal_loci_204726_G1 foram adicionados ao conjunto para os recursos de unidade de recombinação meiótica dos mesmos. Além disso, optimal_loci_204637_G1 e optimal_loci_204726_G1 foram alvejados de maneira bem sucedida para a integração de um polinucleotídeo doador. Igualmente, os optimal_loci_232228 foram incluídos no conjunto à medida que esses

loci genômicos de milho não gênicos excelentes foram alvejados de maneira bem sucedida para a integração de um polinucleotídeo doador, e o comprimento da sequência é de 3,9 Kb.

[0354] A seguir, todos os loci genômicos de milho não gênicos excelentes foram caracterizados pela distância em relação aos genes proximais e a distância a partir do centrômero (Figura 25). O conjunto de loci genômicos não gênicos excelentes selecionados se encontra cerca de 1 a 15 Kb afastado dos genes proximais e se situa em direção à extremidade dos cromossomos (distância $>0,70$ dos centrômeros) (Tabela 16, Figura 25). Finalmente, a interferência através dos loci de traços quantitativos foi sondada para caracterizar totalmente o conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes.

TABELA 15. Conjunto de loci genômicos de milho não gênicos excelentes.

OGL_ID	Localização	Comprimento	SEQ ID NO:
optimal_loci_203704_G1	chr5:194836270..194840217	3948	2033
optimal_loci_291068_G1	chr8:148277606..148279985	2380	3230
optimal_loci_43577_G1	chr1:256469704..256472666	2963	3428
optimal_loci_232222_G1	chr6:144700575..144702126	1552	3357
optimal_loci_204637_G1	chr5:200298202..200301414	3213	2731
optimal_loci_204726_G1	chr5:200665730..200670667	4938	424
optimal_loci_232228_G1	chr6:144719567..144723469	3902	4529
optimal_loci_127268_G1	chr3:211767898..211770046	2149	2709
optimal_loci_136086_G1	chr4:22531506..22534989	3484	4425
optimal_loci_232484_G1	chr6:146122164..146125580	3417	2053
optimal_loci_203075_G1	chr5:191370802..191374627	3826	2030
optimal_loci_3733_G1	chr1:19232372..19235997	3626	1923
optimal_loci_168286_G1	chr4:219987223..219990695	3473	573
optimal_loci_128078_G1	chr3:215482594..215485640	3047	560
optimal_loci_265551_G1	chr7:170127188..170130734	3547	463
optimal_loci_137693_G1	chr4:31118968..31122359	3392	387

Tabela 16: Características de loci genômicos de milho não gênicos excelentes.

OGL ID	Distância até o gene mais próximo	Distância até o centrômero
optimal_loci_137693_G1	44070	0,70444101
optimal_loci_265551_G1	99252	0,94191056
optimal_loci_128078_G1	22491	0,87326872
optimal_loci_168286_G1	11710	0,84128147
optimal_loci_3733_G1	114910	0,856875
optimal_loci_203075_G1	11001	0,75612998
optimal_loci_232484_G1	11001	0,80656755
optimal_loci_136086_G1	44381	0,7859925
optimal_loci_203704_G1	22001	0,788019
optimal_loci_127268_G1	22758	0,84500724
optimal_loci_204637_G1	22874	0,83827931
optimal_loci_291068_G1	44243	0,77879798
optimal_loci_232222_G1	22832	0,79463887
optimal_loci_43577_G1	22001	0,73018748
optimal_loci_204726_G1	111370	0,84166127

[0356] Os loci genômicos de milho não gênicos excelentes que são selecionados usando os critérios descritos acima são validados através da integração de uma construção de expressão genética que contém marcadores selecionáveis/reportáveis. Esse cassete de expressão genética é estavelmente integrado às plantas de milho através do direcionamento genômico que usa uma nuclease sítio-específica. Os loci genômicos de milho não gênicos excelentes alvejados que são produzidos e contêm um transgene expressável são analisados para identificar eventos de cópia única que contêm um cassete de expressão genética integrado de comprimento total. Os perfis de expressão dos loci genômicos de milho não gênicos excelentes são analisados através de qRT-PCR, Western blot, ELISA, LC-MS MS e outros métodos de detecção de RNA ou proteínas conhecidos ao longo de múltiplas gerações de plantas (por exemplo, gerações T₁ e T₂). Além disso, o efeito da integração de cassete de expressão de transgene dentro dos

loci genômicos de milho não gênicos excelentes na expressão genética vizinha é analisado. Finalmente, o efeito da integração de cassete de expressão de transgene dentro dos loci genômicos de milho não gênicos excelentes em propriedades agronômicas de plantas de milho é analisado.

Tabela 3:

ID de OGL	Comprimento do OGL	Frequência de recombinação em uma região de 1MB perto de OGL	Nível de individualidade da sequência de OGL	Distância a partir do OGL ao gene mais próximo de sua vizinhança	% de GC na sequência OGL	Número de genes em uma vizinhança de 40kb perto de OGL	Expressão média de gene em uma vizinhança de 40kb perto de OGL	Nível de ocupação de nucleossomo perto de OGL	Localização relativa dentro do cromossomo (proximidade ao centrômero)	Número de OGLs em uma região de 1MB perto de OGL
optimal_loci_141_G1	1151	1,762911	19,72	10615	39,53	3	0,994628114	0,247	0,995110469	4
optimal_loci_144_G1	1629	1,762917	0	12985	50,58	3	0,994628114	0,5	0,995059769	4
optimal_loci_168_G1	1078	1,61634	0	3093	47,3	4	20,09560715	0,514	0,992690193	4
optimal_loci_195_G1	1028	0,982617	22,37	1001	38,61	1	11,29280113	0,215	0,99229317	4
optimal_loci_444_G1	2593	0,544453	35,75	3651	35,48	1	1,556021429	0,134	0,982865573	2
optimal_loci_445_G1	1330	0,544453	10,6	1249	36,39	1	1,556021429	0,3	0,982847101	2
optimal_loci_535_G1	3121	1,93197	5,31	1001	49,05	3	11,12779061	0,481	0,978366615	5
optimal_loci_557_G1	1067	2,481339	0	15992	42,36	1	5,776709427	0,248	0,977298936	6
optimal_loci_625_G1	1014	3,355066	0	1001	38,46	3	5,876923554	0,293	0,975005915	6
optimal_loci_628_G1	1222	3,373899	0	3314	50,4	3	5,876923554	0,354	0,974898973	6
optimal_loci_638_G1	2038	3,27174	2,36	4972	49,31	2	1,383591852	0,41	0,974701719	6
optimal_loci_650_G1	2412	3,2379	0	7154	55,3	1	10,90270876	0,731	0,974398058	5
optimal_loci_827_G1	2368	2,89912	0	4237	50,8	2	0,071566736	0,607	0,966860052	11
optimal_loci_856_G1	1067	2,704681	0	2086	48,92	1	3,231810412	0,412	0,966178497	13
optimal_loci_857_G1	2350	3,352892	0	1001	37,7	1	3,231810412	0,062	0,966125952	13
optimal_loci_858_G1	1387	3,368528	0	3960	37,05	1	3,231810412	0,05	0,966111101	14
optimal_loci_861_G1	1387	3,33734	0	7121	43,47	1	3,231810412	0,469	0,966087582	14
optima_loci_877_G1	3205	3,441965	3,65	1001	52,38	2	33,88506673	0,579	0,965772954	15
optimal_loci_897_G1	1158	4,28108	5,79	2359	39,03	3	1,600327134	0,213	0,964815848	16
optimal_loci_899_G1	1474	4,28108	34,26	4818	38,67	3	1,600327134	0,31	0,964794754	16
optimal_loci_908_G1	1103	4,28108	0	8527	44,42	5	3,743287562	0,278	0,96473151	16
optimal_loci_913_G1	1224	4,28108	2,37	4275	61,27	4	4,232624355	0,712	0,964699874	16
optimal_laci_919_G1	1318	4,108832	18,59	1001	49,92	5	21,47846729	0,363	0,964606317	16
optimal_loci_978_G1	1448	3,157154	0	2001	45,64	4	20,05751478	0,212	0,962951637	16
optimal_loci_984_G1	1106	3,157154	0	2403	63,65	7	8,932988157	0,709	0,962745454	16
optimal_loci_989_G1	3508	3,300461	0	6547	51,65	1	19,79392737	0,407	0,962365774	17
optimal_loci_994_G1	1212	3,565712	0	13086	34,24	1	19,79392737	0,222	0,962334204	15
optimal_loci_1024_G1	1050	3,347472	9,81	19468	41,71	1	2,961478685	0,505	0,96112401	17
optimalloci_1044_G1	1107	3,158041	0	2007	53,38	4	17,64968313	0,419	0,96024414	12

optimal_loci_1075_G1	3104	2,67965	0	3955	40,14	3	26,94552083	0,344	0,958885841	10
optimal_loci_1071_G1	1705	2,67965	5,92	2001	37,3	3	26,94552083	0,108	0,958863557	10
optimal_loci_1019_G1	2033	2,67965	5,41	1489	50,46	3	26,94552083	0,459	0,95881003	10
optimal_loci_1098_G1	1234	2,780217	0	5231	55,42	1	182,626325	0,598	0,958453616	9
optimal_loci_1122_G1	2962	2,696832	0	3710	55,7	4	4,474779038	0,653	0,957965521	9
optimal_loci_1125_G1	1704	2,680075	0	1200	49,06	3	3,864097548	0,412	0,951927961	9
optimal_loci_1197_G1	2597	2,298471	1,27	4150	37,54	1	3,679516793	0,225	0,954839903	7
optimal_loci_1209_G1	1017	2,881375	0	2525	50,83	4	18,96083651	0,3	0,954027946	4
optimal_loci_1214_G1	1249	2,881375	23,22	6647	44,91	3	25,28111535	0,293	0,953965506	4
optimal_loci_1217_G1	2597	2,881375	37,66	1065	36,23	5	22,98794007	0,161	0,953747619	4
optimal_loci_1314_G1	1046	2,343475	11,09	2022	35,94	1	3,060076745	0,251	0,949548118	5
optimal_loci_1311_G1	1241	2,343475	2,74	11102	48,83	2	16,41305621	0,359	0,949420374	5
optimal_loci_1354_G1	1009	2,643982	36,27	1001	40,93	2	4,348145791	0,141	0,947555476	8
optimal_loci_1362_G1	1062	2,596837	23,54	2359	47,92	4	5,518672085	0,322	0,947371443	9
optimal_loci_1379_G1	1060	3,237749	30,09	4561	36,88	1	2,90843939	0,21	0,94591093	10
optimal_loci_1382_G1	1442	3,237749	4,3	1273	38,97	3	14,10824565	0,219	0,945642693	8
optimal_loci_1416_G1	1141	3,092295	0	19833	36,8	1	31,58293622	0,001	0,944723534	8
optimal_loci_1438_G1	1216	2,654868	4,28	2650	38,81	1	1,139184848	0,136	0,944236436	9
optimal_loci_1450_G1	1069	3,283236	0	2151	38,54	4	7,840503628	0,2	0,943760751	11
optimal_loci1479_G1	2891	3,220867	7,96	4010	38,11	2	2233145908	0,187	0,942632403	10
optimal_loci_1531_G1	1251	4,483067	0	1023	38,68	2	2,555363414	0,142	0,940787976	8
optimal_loci_1553_G1	1011	4316747	0	10028	43,71	3	8,666855182	0,347	0,940327597	7
optimal_loci_1554_G1	1584	4,516147	0	8405	38,25	3	8,666855182	0,202	0,940315521	7
optimal_loci_1564_G1	1139	4,516747	0	1631	52,58	4	6,506181351	0,451	0,940210491	7
optimal_loci_1651_G1	1381	4,848085	7,17	2001	40,91	3	6,720707876	0,225	0,937086049	5
optimal_loci1760_G1	1045	1,456051	0	1001	42,61	2	18,94302616	0,19	0,933249204	5
optimal_loci_1771_G1	1041	1,529016	0	1001	48,89	5	13,52108314	0,512	0,93262619	5
optimal_loci_1811_G1	1288	1,72731	2,12	3252	47,61	1	1,982319031	0,429	0,931385938	5
optimal_loci_1812_G1	1845	1,72731	6,18	4513	41,08	1	1,982319031	0,352	0,931371964	5
optimal_loci_1814_G1	1140	1,72731	0	10063	41,84	1	1,982319031	0,062	0,931336362	5
optimal_loci_1901_G1	1128	2,994309	30,94	2001	37,94	1	9,687699471	0,271	0,926265179	2
optimal_loci_1912_G1	1013	5,111349	0	10771	43,92	1	24,69651467	0,164	0,925429144	2
optimal_loci_1993_G1	1676	5,237859	8,65	7115	51,96	1	72,13759189	0,686	0,921616629	14
optimal_loci_2003_G1	1110	3,665929	0	1731	39,81	3	18,46241818	0,161	0,921264405	14
optimal_loci2014G1	1425	4,072832	0	6394	50,38	1	11,26133949	0,419	0,92062846	16

optimal_loci_2058_G1	1631	3,532103	3E73	2001	34,7	2	4,363429422	0,208	0,919506719	17
optimal_loci_2059_G1	1881	3,532103	6,17	1062	34,76	2	4,363429422	0,103	0,919461049	17
optimal_loci_2065_G1	1345	3,532103	8,03	6083	36,57	3	2,908952948	0,241	0,919356853	17
optimal_loci_2067_G1	2179	3,532103	39,7	1681	49,74	3	2,908952948	0,477	0,9193241	17
optimal_loci_2085_G1	1018	3,921883	0	2487	33,59	1	6,403415156	0	0,918921376	17
optimal_loci_2089_G1	1189	3,922634	0	2742	47,35	1	6,403415156	0,41	0,918855818	17
optimal_loci_2099_G1	1054	3,922634	16,22	2193	53,32	3	3,212324232	0,59	0,918392969	17
optimal_loci_2103_G1	1148	3,920215	0	2001	61,06	5	23,56310006	0,486	0,918337932	18
optimal_loci_2104_G1	1364	3,920588	0	1001	57,25	5	23,56310006	0,581	0,918327537	18
optimal_loci_2107_G1	1114	3,920043	0	3221	61,93	5	23,56310006	0,565	0,918279754	18
optimal_loci_2109_G1	1662	3,920043	8,97	2931	32	4	28,24187981	0,062	0,918254464	18
optimal_loci_2144_G1	1166	4,359676	0	1001	38,76	2	3,0407807	0,11	0,917151987	16
optimal_loci_2145_G1	1023	4,359676	18,38	2313	40,76	2	3,0407807	0,189	0,917143289	16
optimal_loci_2164_G1	1162	4,510942	0	6712	44,06	2	27,68671345	0,227	0,916511161	15
optimal_loci_2183_G1	1851	1,500135	0	1001	51,53	2	29,38735736	0,632	0,914627857	9
optimal_loci_2230_G1	1422	2,146715	5,66	2001	42,96	3	8,093391992	0,381	0,911043661	4
optimal_loci_2288_G1	1005	4,889778	0	2305	44,67	5	6,736261772	0,289	0,908244241	10
optimal_loci_2304_G1	1742	5,102126	15,44	5795	37,19	3	1,244801123	0,147	0,907607173	14
optimal_loci_2338_G1	1338	5,187835	0	6396	54,26	4	290,4975527	0,522	0,906932031	13
optimal_loci_2339_G1	1123	5,187835	0	4704	61,53	3	383,5718436	0,585	0,906919442	13
optimal_loci_2344_G1	1012	5,187835	18,97	1390	34,68	2	574,6776887	0,153	0,906810751	13
optimal_loci_2376_G1	1204	4,530283	11,46	2440	38,78	1	0,021097089	0,175	0,905817068	13
optimal_loci_2424_G1	1295	5,197383	11,89	11671	40,69	1	34,12760531	0,233	0,904683333	13
optimal_loci_2425_G1	3646	5,197383	7,3	7741	46,9	2	17,06380265	0,506	0,904654092	13
optimal_loci_2428_G1	1318	5,197383	22,15	5162	42,86	2	17,06380265	0,326	0,904634903	13
optimal_loci_2451_G1	1307	4,936769	3,52	5965	49,8	2	3,299835243	0,42	0,904289338	12
optimal_loci_2453_G1	1043	4,936769	0	7705	47,36	2	3,299835243	0,315	0,904278356	12
optimal_loci_2457_G1	2590	4,936769	1,39	14471	51,85	2	3,299835243	0,673	0,904216503	12
optimal_loci_2459_G1	1551	4,936769	0	17976	57,18	2	3,299835243	0,575	0,904198155	12
optimal_loci_2648_G1	1714	2,299355	1,63	8459	49,53	2	3,697785991	0,358	0,899100037	3
optimal_loci_2664_G1	1652	3,322662	0	3268	47,39	1	20,72616287	0,48	0,898213304	4
optimal_loci_2697_G1	1109	2,493383	0	2813	5446	1	0,920413948	0,624	0,89555285	6
optimal_loci_2719_G1	1346	1,867214	0	2001	38,93	1	13,50480412	0,293	0,894613557	7
optimal_loci_2781_G1	2115	1,82215	38,49	2300	35,36	3	3,378126793	0,221	0,892923914	8
optimal_loci_2792_G1	1491	1,44159	0	3816	38,9	3	3,378126793	0,218	0,892839777	8

optimal_loci_2847_G1	1462	1,016508	15,18	5160	40,76	1	31,43259932	0,254	0,8917925	7
optimal_loci_2855_G1	2667	1,016508	23,55	5664	35,62	1	31,43259932	0,079	0,891671436	7
optimal_loci_2877_G1	1392	3,288193	0	1918	42,09	2	2,450275248	0,166	0,889786265	13
optimal_loci_2883_G1	1776	3,288193	0	7070	38,17	2	2,450275248	0,111	0,889745074	13
optimal_loci_2922_G1	3619	4,283331	1,08	2393	48,3	2	38,04877138	0,337	0,887788668	11
optimal_loci_2929_G1	1521	4,283331	0	12020	52,26	4	19,25151997	0,586	0,887720811	11
optimal_loci_2949_G1	1028	4,283331	2,72	2434	37,93	1	11,30966101	0	0,887354591	11
optimal_loci_2952_G1	1031	4,283331	0	4475	44,51	1	11,30966101	0,264	0,887339382	11
optimal_loci_2959_G1	2997	4,283331	2,54	10039	56,62	2	8,778257016	0,713	0,887211682	11
optimal_loci_2976_G1	1491	4,283331	20,19	4727	46,27	3	2,082284339	0,277	0,887070112	11
optimal_loci_2993_G1	2059	2,026961	0	4625	54,2	1	3,309036076	0,65	0,886335007	11
optimal_loci_3016_G1	1257	2,026961	5,09	6113	43,43	1	167,9691338	0,229	0,885810022	9
optimal_loci_3051_G1	1631	1,869173	0	2001	61,61	3	4,685791449	0,658	0,884523132	10
optimal_loci_3142_G1	2867	2,689704	0	1001	55,42	1	6,048693577	0,562	0,880941771	6
optimal_loci_3147_G1	1716	2,624451	0	2447	42,65	2	3,091999065	0,397	0,880622329	5
optimal_loci_3155_G1	1834	2,624451	0	1001	54,74	2	3,091999065	0,495	0,880482359	5
optimal_loci_3160_G1	1755	2,368372	12,99	6639	49,8	1	0,332283554	0,32	0,879972753	5
optimal_loci_3203_G1	1758	1,960224	0	12483	52,5	2	3,749654734	0,362	0,877596533	5
optimal_loci_3278_G1	1496	0551557	0	13026	51	1	0,0978642	0,412	0,873491875	4
optimal_loci_3279_G1	1574	0,551557	32,47	11282	40,4	1	0,0978642	0,216	0,873478899	4
optimal_loci_3280_G1	1143	0,551557	10,5	9745	36,22	1	0,0978642	0,165	0,873467463	4
optimal_loci_3282_G1	2910	0,551557	0	6173	42,95	1	0,0978642	0,181	0,873440885	4
optimal_loci_3423_G1	1053	3,41382	13,01	4016	46,05	4	27,35019546	0,291	0,868773743	7
optimal_loci_3430_G1	2846	3,388195	0	2563	41,98	6	9,413705275	0,268	0,868409107	8
optimal_loci_3433_G1	1323	3,267962	26,46	4243	42,4	5	8,692940648	0,25	0,868375372	8
optimal_loci_3451_G1	2909	3,197778	0	2857	38,53	3	4,474422446	0,082	0,867166607	8
optimal_loci_3455_G1	2127	3,480523	0	1001	48,14	2	1,640208201	0,596	0,866900975	8
optimal_loci_3460_G1	1267	3,480523	0	4820	55,95	2	1,640208201	0,503	0,866878958	8
optimal_loci_3466_G1	1024	3,480523	29,79	10996	40,82	2	1,640208201	0,273	0,866334814	8
optimal_loci_3498_G1	1236	1,526293	0	12011	50,4	2	48,02506617	0,444	0,864756659	10
optimal_loci_3595_G1	1044	1,114121	2,68	5669	45,97	1	4,299051222	0,345	0,861429293	8
optimal_loci_3605_G1	2781	1,113712	1,26	7112	46,27	1	4,299051222	0,351	0,861291972	8
optimal_loci_3606_G1	1599	1,113712	0	9940	50,03	1	4,299051222	0,408	0,861279125	8
optimal_loci_3640_G1	1273	1,912519	0	8690	34,09	2	0,102629761	0,165	085994381	10
optimal_loci_3649G1	1560	1,853888	0	2088	40,64	1	0,05280726	0,058	0,859407909	10

optimal_loci_3673_G1	1978	1,623379	14,56	15794	36,65	1	26,19342066	0,167	0,858940283	10
optimal_loci_3705_G1	1599	1,389297	7,44	2106	36,83	4	54,69216478	0,204	0,85791942	10
optimal_loci_3733_G1	3626	0,775751	3,17	14910	58,08	1	36,8970222	0,671	0,856875022	9
optimal_loci_3741_G1	2009	0,775751	10,65	2374	42,11	2	44,69442336	0,467	0,856714368	9
optimal_loci_3742_G1	1072	0,775751	4,2	2025	34,98	2	44,69442336	0,248	0,856702165	9
optimal_loci_3877_G1	1140	0,138883	4,47	18568	46,84	1	1,477141613	0,31	0,853698616	5
optimal_loci_3885_G1	4424	0,138883	0,63	11768	48,12	2	11,06380836	0,402	0,853562329	5
optimal_loci_3976_G1	1786	0,164675	0	1001	39,86	1	433,0851054	0,133	0,848080885	1
optimal_loci_4065_G1	1463	0,519426	0	12853	33,42	2	4,726553134	0,042	0,843643876	1
optimal_loci_4160_G1	3368	1,103192	25,24	3181	45,13	4	6,609911267	0,365	0,838576607	7
optimal_loci_4161-G1	1404	1,103192	0	5463	55,27	4	6,609911267	0,566	0,838564516	7
optimal_loci_4162_G1	3429	1,103192	0	2001	43,59	4	6,609911267	0,249	0,838538757	7
optimal_loci_4166_G1	1624	0,452612	0	2648	54,31	2	11,06033262	0,516	0,83843128	7
optimal_loci_4168_G1	2269	0,452612	15,91	2881	58,74	2	11,06033262	0,563	0,838407924	7
optimal_loci_4177_G1	1069	0,452612	0	13330	50,51	1	4,144796403	0,535	0,838268698	7
optimal_loci_4265_G1	1163	0,882696	0	17617	40,58	1	5,933948611	0,216	0,836213237	8
optimal_loci_4358_G1	1096	1,44233	0	1012	48,26	2	10,54192483	0,577	0,832606905	4
optimal_loci_4384_G1	2843	1,295085	14,03	1001	53,85	5	8,080097473	0,562	0,831568073	8
optimal_loci_4385_G1	1305	1,295085	22,38	1169	45,36	5	8,080097473	0,348	0,831445558	8
optimal_loci_4420_G1	1054	1,506298	30,08	2730	39,08	1	0,118320026	0,106	0,828481466	11
optimal_loci_4427_G1	1354	1,506298	0	7204	43,2	1	0,118320026	0,097	0,828445945	11
optimal_loci_4431_G1	1277	1,456949	36,18	17014	40,32	1	0,118320026	0,268	0,828373527	12
optimal_loci_4441_G1	1266	1,508054	14,53	7357	43,15	1	1,668752012	0,198	0,828102135	14
optimal_loci_4447_G1	3421	1,465072	0	2473	59,31	1	1,668752012	0,6	0,82799125	14
optimal_loci_4465_G1	1695	1,552655	12,33	6839	43,59	2	2,427661501	0,29	0,827363519	12
optimal_loci_4410_G1	2202	1,616642	0	3329	52,86	3	7487953654	0,533	0,827154568	12
optimal_loci_4471_G1	2446	1,616642	0	5689	54,74	4	5,61596524	0,47	0,827135193	12
optimal_loci_4472_G1	1762	1,616642	0	5288	51,87	4	561596524	0,501	0,827114561	12
optimal_loci_4544_G1	1173	1,904105	0	1001	46,2	2	11,08252821	0,253	0,824683661	11
optimal_loci_4546_G1	1284	1,904105	8,41	3413	38,7	2	1,923620392	0,301	0,824559293	10
optimal_loci_4549_G1	1354	1,904105	2,22	1880	59,37	2	19,76041069	0,468	0,824483921	10
optimal_loci_4674_G1	1938	0,696321	32,04	5446	33,95	1	12,77974205	0,181	0,821090945	10
optimal_loci_4704_G1	1291	0,923729	15,03	15938	53,83	1	2,71856824	0,593	0,820004442	9
optimal_loci_4717_G1	1395	0,923729	4,01	3425	40,86	1	2,71856824	0,294	0,819911339	9
optimal_loci_4721_G1	1044	0,903937	0	3941	55,74	2	15,89171465	0,513	0,819841161	9

optimal_loci_4723_G1	1470	0,903937	29,46	5953	49,86	2	15,89171465	0,448	0,819823021	9
optimal_loci_4741_G1	1026	1,601481	0	7247	58,57	1	5,3050065	0,589	0,819187924	10
optimal_loci_4745_G1	1241	1,601481	2,5	2001	47,21	1	5,3050065	0,127	0,819148891	10
optimal_loci_4819_G1	2018	0,79928	0	2354	51,53	1	58,92282319	0,424	0,816424978	9
optimal_loci_4825_G1	1544	0,79928	2,53	3351	44,49	1	58,92282379	0,375	0,816351369	9
optimal_loci_4851_G1	1077	0,560723	0	1549	37,04	2	8,93256229	0,151	0,815923966	6
optimal_loci_4924_G1	1309	1,442388	29,03	6513	48,58	2	8,100071493	0,497	0,812589315	2
optimal_loci_5007_G1	1746	2,1117	3,38	3964	44,84	1	8,42162261	0,553	0,808649539	2
optimal_loci_5038_G1	1020	2,019556	37,84	2788	37,74	2	37,38301299	0,214	0,807980685	2
optimal_loci_5152_G1	1775	1,174499	14,65	5103	47,66	2	16,60562234	0,388	0,803231235	5
optimal_loci_5177_G1	2188	1,178051	6,63	3592	49,54	1	2,395997004	0,512	0,802288795	5
optimal_loci_5179_G1	1298	1,178051	4,01	2001	54,69	1	2,395997004	0,736	0,802276957	6
optimal_loci_5240_G1	1091	3,352873	17,42	1001	40,51	1	0,597701311	0,2	0,799770982	11
optimal_loci_5241_G1	1493	3,352873	0	2001	47,01	1	0,597701311	0,55	0,799724874	11
optimal_loci_5267_G1	1386	3,80779	32,18	1280	37,73	3	5,077399855	0,164	0,798548869	9
optimal_loci_5278_G1	1195	4,302836	0	3289	37,48	4	5,712146575	0,067	0,798448467	8
optimal_loci_5284_G1	2217	4,302836	3,43	2952	43,7	4	4,597249728	0,203	0,79830314	8
optimal_loci_5288_G1	1042	4,302836	33,3	4396	43,57	4	4,597249728	0,497	0,798275372	8
optimal_loci_5301_G1	1295	4,302836	0	10103	54,59	2	0,152942505	0,705	0,798072939	9
optimal_loci_5303_G1	1675	2,789403	0	12238	54,86	2	0,152942505	0,523	0,798054226	9
optimal_loci_5385_G1	1138	1,460982	0	1676	40,94	3	7,667374239	0,144	0,794390655	4
optimal_loci_5417_G1	1865	1,086419	23,65	13865	38,82	1	14,06932808	0,333	0,793004747	2
optimal_loci_5545_G1	2238	2,02561	30,12	13513	36,32	2	4,331342949	0,017	0,788617098	5
optimal_loci_5551_G1	1259	1,927181	0	8087	57,34	2	14,79025054	0,719	0,788244115	5
optimal_loci_5552_G1	1373	1,923923	0	9453	52,51	2	14,79025054	0,603	0388233103	5
optimal_loci_5553_G1	1028	1,923185	0	11072	39,88	2	14,79025054	0,193	0,788223624	5
optimal_loci_5607_G1	2049	2,134787	7,13	2239	41,97	3	10,64286957	0,327	0,781089933	5
optimal_loci_5728_G1	1079	1,263874	21,96	17103	41,89	1	13,27024894	0,346	0,782920432	9
optimal_loci_5735_G1	2566	1,505242	10,48	3304	59,54	1	8,328344883	0,539	0,782791339	12
optimal_loci_5757_G1	1160	1,852207	0	6997	52,84	1	23,18619617	0,382	0,781304405	14
optimal_loci_5773_G1	1601	1,853432	5,5	3965	47,72	1	10,03717269	0,438	0,78034814	14
optimal_loci_5791_G1	1105	1,853432	0	5967	43,52	1	9,10231746	0,369	0,780128631	14
optimal_loci_5792_G1	1527	1,853432	1,83	7679	42,56	1	9,10231746	0,341	0,780112753	14
optimal_loci_5793_G1	1776	1,853432	0	9530	42,73	1	9,10231146	0,339	0,780097128	14
optimal_loci_5823_G1	1201	2,031953	15,99	10846	38,3	1	4,860147555	0,299	0,779225067	14

optimal_loci_5825_G1	2101	2,031953	0	8028	40,4	1	4,860147555	0,154	0,7792041	14
optimal_loci_5828_G1	1081	2,031953	0	3023	47,17	2	2,430073778	0,351	0,77916686	13
optimal_loci_5829_G1	1769	2,031953	0	1001	52,96	2	2,430073778	0,502	0,779151815	13
optimal_loci_5836_G1	1333	2,031953	0	4021	40,88	2	2,430073778	0,203	0,779066369	13
optimal_loci_5863_G1	1835	1,819968	2,89	1001	45,17	1	1,121452974	0,26	0,778332054	15
optimal_loci_5872_G1	1140	1,735365	26,23	10676	42,71	1	1,121452974	0,486	0,778265238	16
optimal_loci_5976_G1	1404	0,881883	0	5057	43,73	1	9,494875344	0,303	0,774918438	7
optimal_loci_5982_G1	2277	0,787433	11,73	2099	49,18	2	4,747437672	0,389	0,714818847	7
optimal_loci_5983_G1	3278	0,787433	6,71	2001	44,81	4	0,203608686	0,396	0,774668125	7
optimal_loci_5985_G1	1218	0,772606	14,04	1001	47,12	4	0,203608686	0,41	0,774587835	6
optimal_loci_6095_G1	2157	0,585779	0	2620	58,59	1	12,62016873	0,56	0,771691979	5
optimal_loci_6209_G1	2735	1,183263	0	2001	47,09	1	1,164561217	0,336	0,763595231	7
optimal_loci_6211_G1	1454	1,183263	0	5617	47,04	1	1,164561217	0,509	0,763577857	7
optimal_loci_6213_G1	1088	1,183263	38,24	8028	52,94	1	1,164561217	0,455	0,763562641	7
optimal_loci_6242_G1	1912	0,833339	13,55	5364	41,78	2	24,65985781	0,226	0,763006853	7
optimal_loci_6262_G1	1074	0,981536	17,69	7948	46,74	3	3,883493015	0,412	0,761816719	7
optimal_loci_6270_G1	1548	0,981536	21,19	2784	47,09	2	26,31429733	0,263	0,76131744	7
optimal_loci_6276_G1	1042	0,722503	0	2907	44,33	2	26,31429733	0,273	0,761175655	7
optimal_loci_6366_G1	3067	0,405366	10,53	11153	42,22	2	0,014956037	0,303	0,757040617	4
optimal_loci_6381_G1	1663	0,641973	1,92	1138	46,9	1	4,699691557	0,341	0,756287507	4
optimal_loci_6388_G1	1589	0,641973	0	6403	52,04	1	4,699691557	0,49	0,75620744	5
optimal_loci_6422_G1	1012	1,630877	0	10308	42,09	2	6,757920618	0,368	0,75438378	9
optimal_loci_6456_G1	1403	2,19278	4,35	5882	38,63	1	25,13022052	0,31	0,752519144	7
optimal_loci_6470_G1	1153	2,19278	0	7451	53,77	1	25,13022052	0,443	0,752386771	6
optimal_loci_6475_G1	1593	2,19278	0	17468	52,85	1	25,13022052	0,471	0,752308966	6
optimal_loci_6510_G1	1363	2,858521	0	2163	50,84	3	40,33504934	0,563	0,751276942	8
optimal_loci_6518_G1	1006	1858521	0	3668	32,1	3	5,256160573	0,09	0,751092753	8
optimal_loci_6602_G1	2225	0,795966	1,26	5798	44,67	3	8,348114403	0,372	0,748197455	7
optimal_loci_6603_G1	2842	0,795966	0	8056	53,06	3	8,348114403	0,413	0,748176064	7
optimal_loci_6638_G1	1278	0,020253	28,95	3637	39,67	1	0,539972941	0,251	0,745829122	6
optimal_loci_6665_G1	1430	0,039099	0	17932	43	1	19,33029757	0,428	0,744835618	6
optimal_loci_6666_G1	1662	0,039099	8,06	16237	43,5	1	19,33029757	0,205	0,744823006	6
optimal_loci_6733_G1	1909	0,037927	31,48	1001	45,2	3	13,40717925	0,18	0,742432247	11
optimal_loci_6775_G1	1497	0,035611	1,73	10124	46,49	1	3,664276091	0,332	0,740986451	10
optimal_loci_6793_G1	1449	0,027553	4	10655	38,37	1	11,2783208	0,12	0,740137909	10

optimal_loci_6803_G1	1758	0,027553	0	1001	48	1	11,2783208	0,332	0,740066079	10
optimal_loci_6804_G1	1056	0,027553	2,65	2001	60,98	3	5,87411037	0,634	0,739962262	10
optimal_loci_6805_G1	2123	0,027553	13,19	3090	44,41	4	15,39489093	0,491	0,73994622	10
optimal_loci_6806_G1	1860	0,027553	0	2588	46,12	4	15,39489093	0,391	0,739930067	10
optimal_loci_6808_G1	2047	0,027553	0	1529	56,03	4	15,39489093	0,599	0,739869598	10
optimal_loci_6841_G1	1634	0,147935	0	2001	50,73	1	3,893134174	0,45	0,738003393	10
optimal_loci_6855_G1	2940	0,164609	4,69	1591	43,8	2	10,04898499	0,43	0,737809978	10
optimal_loci_6908_G1	1551	0,305043	2,06	11561	41,39	2	10,0811258	0,141	0,735138832	7
optimal_loci_6925_G1	3060	0,361468	12,09	1564	48,23	4	81,86403318	0,389	0,733919464	5
optimal_loci_6932_G1	1269	0,338669	2,6	1001	33,72	2	1,667651035	0,189	0,733508936	5
optimal_loci_6935_G1	1049	0,321296	0	4872	38,41	1	12,7941427	0,211	0,73301439	6
optimal_loci_6937_G1	1228	0,321296	0	2933	40,96	1	12,7941427	0,266	0,732999963	6
optimal_loci_7054_G1	1154	0,158738	0	6727	45,66	1	0,426403384	0,461	0,729496823	3
optimal_loci_7187_G1	1224	0,167022	12,99	1001	52,61	1	13,50603816	0,347	0,723205766	1
optimal_loci_7267_G1	2239	0,080736	0	3470	50,15	2	0,298799073	0,508	0,7194041	3
optimal_loci_7355_G1	1394	0,250544	29,41	2413	37,01	2	77,70132465	0,07	0,716261086	6
optimal_loci_7374_G1	1035	0,254127	19,81	6582	49,46	1	3,202976028	0,574	0,715678065	6
optimal_loci_7375_G1	1052	0,254727	4,18	8023	38,87	1	3,202976028	0,385	0,715667217	5
optimal_loci_7377_G1	1071	0,261707	0	10287	32,39	1	3,202976028	0,074	0,715650231	5
optimal_loci_7392_G1	1225	0,22112	17,96	4088	4742	2	6,865646723	0,44	0,714816689	5
optimal_loci_7456_G1	3017	0,370803	1,56	2360	48,06	5	22,30375504	0,429	0,71081006	5
optimal_loci_7478_G1	3146	0,35259	6,33	19653	51,39	1	4,048418853	0,429	0,709699323	5
optimal_loci_7483_G1	1282	0,304701	0	2182	41,1	1	74,44689501	0,38	0,708948229	5
optimal_loci_7497_G1	3090	0,310757	2,04	4537	48,83	1	6,750339546	0,394	0,707913638	6
optimal_loci_7507_G1	2424	0,314481	8,25	1001	52,22	1	46,36409035	0,455	0,707311972	9
optimal_loci_7567_G1	1129	0,808359	35,96	3061	42,24	5	3,102203808	0,399	0,704217202	15
optimal_loci_7575_G1	1040	0,947362	0	7538	30,86	3	0,067674625	0,054	0,704113824	14
optimal_loci_7578_G1	1572	0,947362	4,9	10215	40,13	3	0,067674625	0,127	0,704089948	14
optimal_loci_7580_G1	1449	0,918583	0	2793	37,47	3	3,054008388	0,213	0,703998199	14
optimal_loci_7602_G1	1287	0,800491	2,25	3973	37,99	2	26,65034815	0,164	0,703123571	15
optimal_loci_7605_G1	2098	1,002903	1,53	1200	53,81	2	26,65034815	0,566	0,703102939	15
optimal_loci_7610_G1	1513	0,972441	2,41	3483	491	2	28,05284615	0,314	0,702940067	15
optimal_loci_7677_G1	1252	0,99883	0	8994	34,42	1	0,211480263	0,175	0,701049747	18
optimal_loci_7686_G1	1247	0,99883	0	8326	36,08	2	59,37279745	0,182	0,700864531	18
optimal_loci_7692_G1	1353	0,952613	4,58	1018	54,1	1	118,5341146	0,513	0,70067657	18

optimal_loci_7697_G1	2816	0,952613	4,19	4664	51,63	1	118,5341146	0,574	0,700638557	18
optimal_loci_7699_G1	1149	0,963644	0	15554	56,48	1	118,5341146	0,599	0,703569933	18
optimal_loci_7700_G1	1386	0,964257	36	16736	54,47	1	118,5341146	0,293	0,700559375	18
optimal_loci_7723_G1	1110	0,895844	0	16500	55,49	1	61,7595277	0,563	0,699414509	15
optimal_loci_7724_G1	1200	0,895844	0	15242	46,25	1	61,7595277	0,293	0,699405149	15
optimal_loci_7748_G1	2022	0,433691	0	10549	53,21	2	51,75286618	0,533	0,699125856	12
optimal_loci_7782_G1	2090	0,433691	1,96	7101	38,56	1	2,018493798	0,363	0,698208735	12
optimal_loci_7783_G1	1587	0,433691	0	5431	49,84	1	2,018493798	0,432	0,69819631	12
optimal_loci_7857_G1	1006	0,541515	21,37	14925	43,33	1	10,03648326	0,134	0,695698862	11
optimal_loci_7937_G1	1138	0,451276	26,1	5405	38,92	4	4,807646079	0,09	0,693245915	6
optimal_loci_7943_G1	1327	0,442126	37,91	3883	46,11	2	9,605093478	0,386	0,693110551	6
optimal_loci_7946_G1	1382	0,442126	13,89	6290	47,53	2	9,605093478	0,532	0,693092232	6
optimal_loci_7953_G1	1087	0,43103	0	1001	52,16	2	14,9380337	0,647	0,692850379	6
optimal_loci_7969_G1	1374	0,274538	2,24	1027	39,88	1	0,024135834	0,261	0,692143571	7
optimal_loci_8053_G1	3731	0,086922	1138	8538	34,95	2	11,18786692	0,121	0,688422083	4
optimal_loci_8076_G1	1768	0,149979	9,9	7124	34,1	2	9,527129738	0,079	0,687275603	5
optimal_loci_8113_G1	1301	0,225157	2,15	3242	45,11	2	23,15317428	0,342	0,686299933	5
optimal_loci_8127_G1	1216	0,229819	33,06	3906	44,98	2	4,024261264	0,351	0,683981347	6
optimal_loci_8131_G1	1220	0,229819	4,51	1001	48,03	2	4,024261264	0,333	0,683927225	6
optimal_loci_8190_G1	1533	0,974755	9,2	2346	36,13	4	14,11393795	0,159	0,681128006	4
optimal_loci_8193_G1	1294	0,974755	5,33	5701	41,19	4	14,11393795	0,311	0,681051912	4
optimal_loci_8310_G1	1013	2,89445	32,58	2001	30,2	3	57,20028428	0,394	0,614914333	6
optimal_loci_8324_G1	1037	3,380917	0	2001	58,53	3	6,181965628	0,566	0,674326034	6
optimal_loci_8326_G1	1378	3,380917	2,76	3309	47,67	3	6,181965628	0,445	0,674313765	6
optimal_loci_8339_G1	1177	3,241783	13,25	1001	38,06	2	12,23483761	0,243	0,612789315	6
optimal_loci_8390_G1	1363	3,194924	21,32	4240	44,75	3	61,81035401	0,187	0,671368051	6
optimal_loci_8391_G1	1100	3,197226	0	5374	42,81	3	61,81035401	0,252	0,611346317	6
optimal_loci_8554_G1	1059	0,165947	0	9657	41,64	2	2,832105954	0,1	0,665644695	3
optimal_loci_8561_G1	1385	0,165947	0	1001	38,33	2	2,832105954	0,173	0,665520818	3
optimal_loci_8601_G1	1111	0,165947	27,9	6255	41,58	2	1,801908047	0,127	0,664243631	3
optimal_loci_8699_G1	1044	1,311307	0	1566	33,71	3	0,25473009	0,13	0,659628824	3
optimal_loci_8701_G1	1861	1,311307	14,4	1537	42,07	4	0,425871889	0,284	0,659611503	3
optimal_loci_8776_G1	1086	2,147955	20,99	4686	36,18	2	16,54547941	0,125	0,655957693	4
optimal_loci_8870_G1	3271	1,258413	3,12	1358	52,43	2	78,74086903	0,453	0,652632708	5
optimal_loci_8885_G1	1762	2,534411	0	3979	48,35	4	10,12537104	0,384	0,651423519	4

optimal_loci_8897_G1	2099	2,440985	8,81	1299	39,25	1	2179378386	0,35	0,650859524	4
optimal_loci_8914_G1	1621	2,45419	5,74	2182	34,91	2	8,65879336	0,077	0,649259382	5
optimal_loci_8952_G1	1033	2,434861	7,84	4823	41,91	2	5,022829212	0,24	0,64680192	3
optimal_loci_9017_G1	1083	0,849213	0	2001	32,31	2	3,660893972	0,082	0,644152984	3
optimal_loci_9082_G1	1176	0,995597	0	2001	51,7	3	0,005946027	0,784	0,642027917	4
optimal_loci_9208_G1	1008	0,609865	0	1732	48,41	3	3,8697641	0,302	0,638858876	7
optimal_loci_9222_G1	4319	0,609865	4,49	2159	49,36	3	3,8697641	0,524	0,638758504	7
optimal_loci_9234_G1	1759	0,609865	1,78	14927	52,87	1	23,98721535	0,474	0,638076027	6
optimal_loci_9235_G1	2366	0,609865	0	7043	54,9	1	23,98721535	0,565	0,638017366	6
optimal_loci_9236_G1	1132	0,609865	0	5878	64,13	1	23,98721535	0,781	0,638008698	6
optimal_loci_9250_G1	1140	0,609865	8,51	2398	43,24	1	19,21761933	0,214	0,637696585	6
optimal_loci_9383_G1	2665	0,049255	33,21	14211	36,99	1	1,68076566	0	0,632602969	1
optimal_loci_9513_G1	2038	0,678551	36,41	2389	38,66	3	3,542859748	0,208	0,622865618	3
optimal_loci_9629_G1	1133	0,975742	25,51	3254	38,48	3	101,6829737	0,12	0,620483132	10
optimal_loci_9633_G1	1351	1,115086	24,35	1458	41,82	2	0,183978988	0,374	0,620227098	10
optimal_loci_9657_G1	1907	1,179086	34,77	3267	42,42	5	11,48966433	0,243	0,618302701	9
optimal_loci_9679_G1	1465	1,113368	1115	4836	37,54	1	22,47996169	0,177	0,617610729	9
optimal_loci_9680_G1	1431	1,113368	0	3255	42,27	1	22,47996169	0,165	0,617598966	9
optimal_loci_9685_G1	1147	1,093941	5,84	2638	45,42	1	22,47996169	0,22	0,617529695	9
optimal_loci_9687_G1	2267	1,093941	1,81	4687	44,59	1	22,47996169	0,204	0,617506116	9
optimal_loci_9690_G1	1546	1,093941	0	9535	43,53	1	22,47996169	0,268	0,617475409	9
optimal_loci_9693_G1	1331	1,093941	0	12418	45,3	1	22,47996169	0,322	0,617455558	9
optimal_loci_9811_G1	2379	0,282427	24	3618	56,95	1	166,3398338	0,657	0,611891064	4
optimal_loci_9832_G1	1234	0,216784	24,47	2109	40,76	1	8,911102067	0,173	0,611181451	4
optimal_loci_9843_G1	1295	0,177754	0	7024	34,13	1	1,405568871	0,056	0,610570484	4
optimal_loci_9852_G1	1046	0,177754	0	1790	55,35	1	1,405568871	0,555	0,610471674	4
optimal_loci_9940_G1	2168	1,51479	2,68	2001	47,27	1	13,49658105	0,275	0,606208884	3
optimal_loci_10030_G1	2501	1,547849	0	6610	53,93	1	14,35755727	0,68	0,602566801	5
optimal_loci_10033_G1	2220	1,547849	2,34	2618	51,26	1	14,35755727	0,397	0,602537098	5
optimal_loci_10082_G1	1523	1,688913	2,69	2153	45,17	2	96,22956343	0,608	0,600955097	5
optimal_loci_10086_G1	1346	1,681541	14,26	13833	39,74	1	7,579623569	0,138	0,600809449	5
optimal_loci_10181_G1	1106	0,245467	0	1903	60,12	1	1,263847783	0,611	0,597229978	3
optimal_loci_10382_G1	1314	0,288465	24,96	2001	34,39	2	11,77748289	0,161	0,586984449	3
optimal_loci_10387_G1	1087	0,288465	2,76	5395	43,14	2	11,77748289	0,237	0,586960885	3
optimal_loci_10419_G1	1423	0,427579	0	3405	36,54	2	10,28984048	0,062	0,585220432	5

optimal_loci_10467_G1	1170	0,686121	7,01	4622	39,82	1	13,93766814	0,158	0,582823504	4
optimal_loci_10471_G1	1031	0,778282	29	1279	50,14	1	13,93766814	0,279	0,582742158	5
optimal_loci_10513_G1	1203	1,47036	0	3956	54,28	3	0,752553337	0,406	0,58093715	6
optimal_loci_10537_G1	1425	1,526092	3,09	2014	50,59	4	39,75724094	0,521	0,579014338	7
optimal_loci_10538_G1	1012	1,526092	0	4410	39,32	4	39,75724094	0,162	0,578999583	6
optimal_loci_10540_G1	1286	1,526092	0	5833	41,75	3	25,83468107	0,212	0,578986957	6
optimal_loci_10631_G1	1267	1,166018	0	1001	37,17	2	20,96832526	0,072	0,576656451	6
optimal_loci_10633_G1	1050	1,166018	0	3320	35,14	2	20,96832526	0,094	0,576640811	6
optimal_loci_10697_G1	2114	0,170467	31,6	5072	44,46	1	10,67453458	0,389	0,57398215	3
optimal_loci_10878_G1	3135	0,396549	0	19405	47,94	1	42,97263234	0,366	0,565080223	4
optimal_loci_10883_G1	1281	0,128737	31,46	14704	42,38	1	42,97263234	0,027	0,565045246	4
optimal_loci_10884_G1	1191	0,128737	3,53	12988	54,99	1	42,97263234	0,373	0,565032478	4
optimal_loci_10919_G1	1114	0,160994	0	1158	33,75	2	2,970274442	0,109	0,563071525	4
optimal_loci_11051_G1	1862	0,211163	7,95	2001	38,93	1	42,11417497	0,133	0,5553360343	9
optimal_loci_11169_G1	1161	0,087237	9,47	2191	49,61	2	59,51880917	0,563	0,5525081183	9
optimal_loci_11170_G1	1041	0,087237	0	1001	52,64	3	102,8049951	0,4	0,5524499033	9
optimal_loci_11268_G1	1296	0,693545	14,04	16780	35,26	1	8,59812967	0,088	0,5478125073	9
optimal_loci_11269_G1	1333	0,693545	18,6	18164	46,21	1	8,59812967	0,475	0,5478019353	9
optimal_loci_11276_G1	1325	0,693545	0	3015	40,37	2	7,077168932	0,15	0,5470639963	9
optimal_loci_11368_G1	1507	0,829076	5,57	1552	45,58	3	2,692167469	0,223	0,541409971	9
optimal_loci_11463_G1	1079	0,863703	19,83	13386	33,08	1	28,82793269	0,024	0,5360182812	4
optimal_loci_11532_G1	1740	0,449025	9,37	3209	33,44	5	1,23357691	0,112	0,5335092113	4
optimal_loci_11552_G1	1244	0,086722	0	8363	34,56	2	3,84932272	0,069	0,5319938913	4
optimal_loci_11590_G1	1009	0,013247	30,13	3571	42,81	1	48,5510861	0,351	0,5297283334	4
optimal_loci_11664_G1	1151	0,251496	5,08	5620	43,78	1	66,83366388	0,354	0,5264904024	3
optimal_loci_11671_G1	1642	0,308453	7,31	12621	29,23	3	22,79587405	0,163	0,5263115774	5
optimal_loci_11765_G1	2495	0,576848	5,49	2516	47,21	1	0,6208928	0,267	0,5231584234	5
optimal_loci_11875_G1	1318	0,150668	33,84	5301	36,26	2	0,133971089	0,093	0,5197062352	5
optimal_loci_12197_G1	1588	0,459055	6,93	9252	51,57	1	85,10926704	0,343	0,5065638622	5
optimal_loci_12248_G1	1087	0,454063	8,65	1810	50,32	1	9,567827412	0,392	0,5045834152	33
optimal_loci_12600_G1	1998	1,475944	0	3644	48,74	1	5,277971263	0,436	0,4858936161	3
optimal_loci_12753_G1	1285	1366417	23,35	15089	37,35	1	20,20422279	0,221	0,4801666674	5
optimal_loci_12754_G1	1150	0,426581	0	13906	61,13	1	20,20422279	0,511	0,4801578654	3
optimal_loci_12762_G1	1104	0,426581	6,25	1001	31,06	2	125,3939211	0,048	0,4800160714	4
optimal_loci_12793_G1	2168	0,239027	20,2	14542	34,68	1	7,347597431	0,066	0,4781183784	5

op6mal_loci_12883_G1	1272	1,626637	0	4357	38,28	1	0,623568323	0,186	0,4738295682	
optimal_iori_12969_G1	1621	1,626637	0	3347	41,14	1	11,838924	0,164	0,4712656253	7
optimal_loci_12998_G1	1599	2,292658	0	2490	34,02	1	38,34413298	0,068	0,4700945093	6
optimal_loci_13066_G1	1112	1,636187	0	8206	37,67	2	6,087227098	0,047	0,4674666522	6
optimal_loci_13288_G1	1294	0,503234	0	1001	44,97	1	5,360286943	0,363	0,4583411311	6
optimal_loci_13456_G1	1335	0,127873	21,42	2001	45,24	1	85,6582528	0,573	0,4496163691	6
optimal_loci_13557_G1	1862	0,268679	20,77	1880	39,09	2	5,842853262	0,243	0,4448561093	3
optimal_loci_13555_G1	1073	0,268679	34,78	4846	38,02	2	5,842853262	0,168	0,4448399113	4
optimal_loci_13570_G1	1543	0,262066	0	1023	44,58	1	8,974322515	0,288	0,4446848813	4
optimal_loci_13679_G1	1142	0,236161	0	3361	36,51	1	21,24201486	0,093	0,4390427832	4
optimal_loci_13754_G1	1290	0,389212	8,91	3477	37,9	1	15,33230619	0,243	0,4362768684	4
optimal_loci_13800_G1	1267	0,613452	0	2001	53,43	1	4,831481253	0,584	0,434847545	3
optimal_loci_13860_G1	1005	0,84795	0	3348	47,76	1	0,290502133	0,458	0,432737121	4
optimal_loci_13931_G1	1005	0,977745	0	7644	44,77	1	26,31136074	0,263	0,430044635	3
optimal_loci_14015_G1	1276	0,985339	0	2001	53,6	2	0,417581768	0,579	0,426912783	4
optimal_loci_14034_G1	1973	1,055384	9,22	1806	66,34	1	14,32697457	0,718	0,426019918	3
optimal_loci_14037_G1	1246	1,055384	0	3013	55,21	1	14,32697457	0,618	0,42596407	3
optimal_loci_14380_G1	1540	0,013771	7,08	19750	46,81	1	12,40313901	0,199	0,410248862	1
optimal_loci_14600_G1	1212	0,742189	0	4476	53,21	2	20,38515676	0,416	0,401135335	4
optimal_loci_14629_G1	1052	0,681853	0	2001	53,61	3	1,722608898	0,528	0,399701503	4
optimal_loci_14644_G1	1118	0,839564	0	1001	38,81	1	0,43089278	0,123	0,399030149	4
optimal_loci_14679_G1	1251	0,960286	7,75	2325	37,41	1	0,039588839	0,216	0,398336228	4
optimal_loci_14823_G1	1590	0,697809	0	1001	28,8	2	3,898908238	0	0,393031704	2
optimal_loci_14838_G1	2168	0,656697	10,61	2361	36,76	2	6,494991498	0,276	0,39285378	2
optimal_loci_14898_G1	1211	0,048627	0	2001	39,3	1	29,29655873	0,153	0,388703683	4
optimal_loci_14904_G1	1881	0,048627	35,14	8297	41,67	1	29,29655873	0,193	0,388651853	4
optimal_loci_14955_G1	1577	0,223812	0	4607	40,13	2	16,89962509	0,158	0,385499926	5
optimal_loci_14956_G1	1175	0,223812	12,43	6261	39,48	2	16,89962509	0,213	0,38549061	5
optimal_loci_14988_G1	2958	0,311782	4,56	1407	36,78	2	5,676741968	0,032	0,384674769	3
optimal_loci_15098_G1	1743	0,205753	0	12748	39,75	1	44,91609922	0,234	0,379557173	2
optimal_loci_15153_G1	1254	0,331649	0	1232	36,04	1	0,141733571	0	0,37765971	3
optimal_loci_15227_G1	3089	0,205304	7,96	2292	39,43	2	0,907429188	0,142	0,374562574	2
optimal_loci_15388_G1	1425	0,197088	12,84	3497	36	1	15,19364142	0,176	0,368898869	2
optimal_loci_15412_G1	1231	0,231211	0	3609	59,22	2	14,57761848	0,933	0,367375298	2
optimal_loci_15538_G1	1353	0,126236	12,66	1147	39,61	1	20,94837083	0,153	0,36090096	2

optimal_loci_15558_G1	1313	0,136592	0	4246	35,49	2	9,926160535	0,168	0,360114018	2
optimal_loci_15623_G1	1589	0,211199	0	12631	38,82	2	16,23809566	0,172	0,355447865	1
optimal_loci_15703_G1	1196	0,53291	0	2585	37,54	2	1,826061235	0,092	0,351484993	1
optimal_loci_15794_G1	1188	0,431496	0	3209	42,5	2	1,436859446	0,206	0,346938088	2
optimal_loci_15828_G1	1431	0,681062	31,31	8865	31,23	1	2,869193659	0	0,345947418	3
optimal_loci_15895_G1	1965	0,992948	11,15	1015	50,43	2	121,9794617	0,569	0,342814576	4
optimal_loci_15961_G1	2313	0,708119	14,31	16781	42,84	1	34,86229561	0,296	0,341416882	4
optimal_loci_15964_G1	1218	0,710031	2,3	14701	36,94	1	34,86229561	0,278	0,341401406	4
optimal_loci_16030_G1	1224	0,012886	2,86	4903	37,82	1	222,1464292	0,112	0,338869985	3
optimal_loci_16396_G1	1193	1,449954	10,31	16231	39,06	1	5,198069065	0,287	0,323384516	3
optimal_loci_16432_G1	1092	1,813261	0	9410	44,87	1	36,75397262	0,254	0,321148006	4
optimal_loci_16436_G1	2481	1,9038	11,81	15462	55,5	1	36,75397262	0,552	0,320922805	4
optimal_loci_16479_G1	1376	0,421655	13,3	18684	51,3	1	15,30422394	0,453	0,319313415	7
optimal_loci_16534_G1	1407	0,391508	0	5755	35,6	2	7,947263678	0,4	0,317111868	5
optimal_loci_16535_G1	1966	0,391508	18,31	7343	35,7	2	7,947263678	0,035	0,317095893	5
optimal_loci_16548_G1	1163	0,391508	21,84	3472	61,65	1	20,17586161	0,682	0,316425967	5
optimal_loci_16549_G1	1486	0,391508	0	1867	53,23	1	20,17586161	0,515	0,316414025	5
optimal_loci_16717_G1	1455	0,271729	13,4	14900	33,05	2	17,11118907	0,067	0,309467813	6
optimal_loci_16718_G1	1556	0,271729	0	17533	41,96	2	17,11118907	0,29	0,30944747	6
optimal_loci_16730_G1	1231	0,263044	2,27	13281	35,98	1	0,041101011	0,169	0,309106473	6
optimal_loci_16738_G1	1273	0,263044	5,5	2001	33,22	1	0,041101011	0,119	0,308963475	6
optimal_loci_16769_G1	1789	0,268036	19,01	2546	37,84	1	2,249835338	0,219	0,307511362	6
optimal_loci_16772_G1	1503	0,268036	4,92	1953	46,37	1	2,249835338	0,315	0,307454576	6
optimal_loci_16922_G1	1405	0,260618	0	9579	39,78	2	1,211905099	0,086	0,301172054	1
optimal_loci_17413_G1	2121	0,445976	9,9	10418	49,59	1	1,142048288	0,345	0,28116125	1
optimal_loci_17536_G1	2176	0,136731	11,86	2333	40,21	1	4,081236377	0,186	0,274482768	1
optimal_loci_17645_G1	1133	0,143408	0	2001	38,57	2	4,145164277	0,194	0,268478199	2
optimal_loci_17718_G1	1048	0,136822	19,66	5471	40,17	1	24,64682834	0,329	0,265209673	2
optimal_loci_17930_G1	1451	0,135701	0	12579	57,2	2	5,861051041	0,677	0,256129174	1
optimal_loci_18343_G1	1181	0,288672	0	6351	42,25	2	9,952352183	0,239	0,239315744	1
optimal_loci_18450_G1	1422	0,305057	0	1540	48,52	1	9,206449522	0,385	0,234023415	1
optimal_loci_18698_G1	1018	0,179202	34,53	15902	37,03	1	1,330007457	0,199	0,221503698	1
optimal_loci_19015_G1	1207	0,177841	0	1001	38,77	2	20,86042949	0,287	0,204605089	3
optimal_loci_19073_G1	1507	0,175506	0	2001	48,1	2	17,32070507	0,499	0,202502195	3
optimal_loci_19093_G1	1168	0,014192	0	1001	40,06	2	6,09958815	0,154	0,201706853	3

optimal_loci_19848_G1	1141	0,087337	0	4304	33,3	1	0,058332362	0,177	0,16207122	1
optimal_loci_20568_G1	2974	0,02816	20,44	2057	39,81	2	0,365307593	0,207	0,12416814	2
optimal_loci_20623_G1	1030	0,049876	39,61	4179	65,63	1	1,471580223	0,528	0,121610275	2
optimal_loci_20899_G1	1110	0,022727	0	4149	44,23	1	8,028679239	0,49	0,109657478	2
optimal_loci_20910_G1	1580	0,020914	5,13	11397	47,4	1	8,028679239	0,425	0,109600052	2
optimal_loci_24242_G1	1166	0,214805	0	19512	37,65	1	7,713961533	0,114	0,070597055	1
optimal_loci_24777_G1	1106	0,042095	0	5252	54,52	2	3,639627836	0,881	0,091295098	2
optimal_loci_24784_G1	1008	0,040266	21,83	1620	37,5	1	13,86676006	0,107	0,091500695	2
optimal_loci_25001_G1	1037	0,042739	17,94	12602	58,72	1	93,27353588	0,738	0,098411885	1
optimal_loci_25099_G1	1541	0,046799	0	7039	42,95	1	5,509738271	0,222	0,102912813	2
optimal_loci_25102_G1	1717	0,037586	22,95	3593	38,78	1	9,295802385	0,093	0,103207383	2
optimal_loci_25470_G1	2068	0,031907	0	9843	50,43	1	5,339401699	0,566	0,116174846	1
optimal_loci_25586_G1	1404	0,081797	0	2228	58,61	2	27,87444258	0,582	0,121350768	2
optimal_loci_25653_G1	1707	0,151596	7,91	1001	41,41	2	2,144517122	0,222	0,12406936	2
optimal_loci_25737_G1	1153	0,149674	22,2	9400	40,32	2	1,605517346	0,426	0,127477865	3
optimal_loci_25738_G1	1555	0,149674	0	5028	42,57	2	1,605517346	0,366	0,12750173	3
optimal_loci_25741_G1	1057	0,149674	0	2624	37,74	2	1,605517346	0,034	0,127519175	3
optimal_loci_26001_G1	1481	0,157634	0	17075	43,14	1	14,03167646	0,172	0,138132707	3
optimal_loci_26033_G1	1013	0,157634	19,84	6218	45,8	1	2,600571215	0,486	0,13941615	3
optimal_loci_26052_G1	1017	0,157634	38,94	13422	41,88	1	79,94940496	0,194	0,140059031	3
optimal_loci_26311_G1	1027	0,091166	0	3318	56,76	2	0,018299609	0,538	0,151018687	2
optimal_loci_26347_G1	2243	0,079907	19,57	1903	40,57	1	0,078952173	0,222	0,153407861	5
optimal_loci_26389_G1	1373	0,093649	35,18	18640	51,05	1	1,071189135	0,534	0,154329774	5
optimal_loci_26395_G1	1566	0,093649	23,88	14750	45,91	1	1,071189135	0,378	0,154544719	5
optimal_loci_26433_G1	1642	0,089924	5,54	2701	50,66	1	3,802624659	0,544	0,15541021	5
optimal_loci_26476_G1	1339	0,092099	0	1636	57,28	2	6,164501178	0,558	0,156505355	4
optimal_loci_27175_G1	1132	0,056153	0	2682	38,07	2	132,8751096	0,052	0,178146951	4
optimal_loci_27178_G1	1174	0,056153	0	2398	46,33	2	132,8751096	0,26	0,178201371	4
optimal_loci_27184_G1	1077	0,056153	16,43	6506	47,35	2	132,8751096	0,462	0,178226066	4
optimal_loci_27185_G1	1362	0,056153	9,1	8297	33,7	1	265,4488881	0,081	0,178236832	4
optimal_loci_27258_G1	1409	0,119309	11,43	3290	32,71	2	64,22537745	0,177	0,182830472	1
optimal_loci_27955_G1	1180	0,586681	0	2597	41,61	1	25,45456244	0,24	0,213588637	1
optimal_loci_28113_G1	1494	0,305679	0	11530	44,04	1	34,98726783	0,341	0,219717941	1
optimal_loci_28294_G1	1216	0,549195	0	14238	30,09	2	0,016467518	0	0,227585789	1
optimal_loci_28517_G1	1347	0,949343	0	1313	49,51	3	8,510783271	0,335	0,236160177	3

optimal_loci_28538_G1	1921	0,817545	19,26	1673	36,23	2	2,683111723	0,07	0,236671634	3
optimal_loci_28560_G1	1705	0,695191	2,87	10160	45,63	1	0,02866405	0,327	0,23752354	4
optimal_loci_28627_G1	1345	0,309986	38,66	13192	37,32	1	0,609944317	0,108	0,24051556	2
optimal_loci_28700_G1	2659	0,674724	31,59	2791	34,37	1	10,97385632	0,12	0,244253009	3
optimal_loci_28732_G1	1030	0,868756	39,42	1001	33,39	1	3,777040016	0,122	0,245805949	3
optimal_joci_28771_G1	1473	1,001132	12,22	2869	44,39	3	4,514351346	0,332	0,246835698	3
optimal_loci_28905_G1	1202	0,310837	6,74	3085	43,67	4	132,9767715	0,228	0,252700169	1
optimal_loci_28998_G1	1859	0,675156	0	14439	45,88	1	0,971050988	0,444	0,256054777	1
optimal_loci_29158_G1	2344	0,590675	0	7037	41,63	1	1,206277533	0,204	0,260837899	3
optimal_loci_29179_G1	2139	0,590675	34,13	7485	40,62	3	1,833020781	0,319	0,261004441	3
optimal_loci_29180_G1	1970	0,590675	34,62	4810	40,25	3	1,833020781	0,122	0,261021537	3
optimal_loci_29352_G1	1434	0,85151	0	1765	46,37	2	8,704487768	0,334	0,267923253	4
optimal_loci_29395_G1	1449	1,153892	0	3180	48,3	1	0,349529177	0,369	0,269478628	4
optimal_loci_29396_G1	1031	1,153892	27,26	2091	39,57	1	0,349529177	0,161	0,269487687	4
optimal_joci_29415_G1	1161	0,940082	0	1785	53,05	1	0,17391138	0,661	0,270057736	4
optimal_loci_29513_G1	1119	1,621101	13,23	2472	46,38	2	3,602733112	0,127	0,273651274	1
optimal_loci_29843_G1	2204	1,141486	7,94	2764	36,11	2	1,179432428	0,04	0,286318942	4
optimal_loci_29860_G1	1222	1,295009	0	2075	42,55	1	102,5274595	0,249	0,287296033	4
optimal_loci_29871_G1	1347	1,353481	0	2560	54,86	3	4,939906671	0,586	0,287748441	4
optimal_loci_29890_G1	1008	0,857665	0	1118	42,65	2	2,992143939	0,214	0,289052298	4
optimal_loci_29982_G1	1025	1,228404	28,49	2950	42,43	2	13,06454895	0,101	0,293439595	3
optimal_loci_29984_G1	1301	1,228404	0	4507	44,04	2	13,06454895	0,327	0,293448955	3
optimal_loci_29988_G1	1223	1,228404	0	1001	36,71	2	17,96773761	0,213	0,293671672	3
optimal_loci_30074_G1	1030	0,093084	7,09	1854	59,02	3	0,013958382	0,551	0,298318752	2
optimal_loci_30076_G1	1033	0,094071	0	3093	47,14	3	0,013958382	0,486	0,298331081	2
optimal_loci_30421_G1	1153	0,277871	0	8259	58,45	1	0,416174054	0,504	0,3141474	3
optimal_loci_30422_G1	2412	0,277871	0	2001	36,15	1	0,416174054	0,157	0,31417745	3
optimal_loci_30432_G1	1444	0,277871	0	6728	57,89	3	4,805464672	0,613	0,314571357	3
optimal_loci_30584_G1	1359	2,837071	0	5107	44	2	16,851732	0,31	0,319249113	1
optimal_loci_30711_G1	2466	0,475893	5,03	1011	51,7	2	0,007854302	0,637	0,324023385	3
optimal_loci_30714_G1	2395	0,475801	1,29	1298	35,69	2	1,922277199	0,103	0,324190865	3
optimal_loci_30715_G1	2722	0,475801	1,43	3806	56,79	2	1,922277199	0,499	0,324205942	3
optimal_loci_30777_G1	1101	0,542932	0	2934	43,68	1	0,10264377	0,296	0,327522198	2
optimal_loci_30845_G1	2462	0,632445	0	2108	35,74	4	5,090210943	0,06	0,32936796	2
optimal_loci_31008_G1	1403	0,727193	16,46	5941	34,85	1	48,41586095	0,074	0,333512455	2

optimal_loci_31025_G1	1331	0,874186	0	11116	46,43	1	42,93358149	0,488	0,33383071	2
optimal_loci_31101_G1	1671	3,829776	37,94	14720	35,24	1	11,15668503	0,222	0,338310947	2
optimal_loci_31147_G1	1071	2,417029	31	9079	47,24	1	0,031099928	0,522	0,340414358	3
optimal_loci_31177_G1	2402	2,681721	0	2001	46	4	6,875760686	0,415	0,341824428	2
optimal_loci_31474_G1	1399	0,017106	0	2114	45,31	1	0,027202357	0,375	0,351369937	2
optimal_loci_31481_G1	1083	0,017106	0	1930	37,76	1	0,532444614	0,197	0,351606072	2
optimal_loci_31567_G1	1037	1,6267	0	1096	39,44	1	207,3989086	0,095	0,355992636	4
optimal_loci_31611_G1	1263	1,116997	0	3431	40,77	1	3,405537984	0,242	0,35742621	6
optimal_loci_31621_G1	1630	1,116997	33,93	1220	38,46	1	69,73762547	0,206	0,357600741	6
optimal_loci_31669_G1	2884	0,92146	1,11	7263	55,72	1	3,201549358	0,408	0,358782786	8
optimal_loci_31710_G1	3965	1,089961	4,19	4043	45,29	1	1,771070208	0,361	0,36031203	7
optimal_loci_31712_G1	1470	1,089961	0	8650	57,27	1	1,771070208	0,826	0,360339723	7
optimal_loci_31763_G1	1015	1,272812	0	7054	39,01	1	0,640332023	0,096	0,361740681	5
optimal_loci_31764_G1	3580	1,281486	1,45	2963	43,85	1	0,640332023	0,345	0,361749854	5
optimal_loci_31876_G1	1442	0,723993	39,67	16431	37,51	1	7,544476076	0,332	0,365464327	1
optimal_loci_31980_G1	1003	1,712125	0	2781	49,95	2	37,9822666	0,524	0,369303901	1
optimal_loci_32088_G1	1372	1,428143	2,84	4917	57,28	2	10,74347696	0,733	0,373086759	4
optimal_loci_32090_G1	1211	1,428143	0	3211	49,54	2	10,74347696	0,335	0,373098402	4
optimal_loci_32133_G1	2162	1,302793	0	1061	57,12	1	8,65402018	0,545	0,375038829	5
optimal_loci_32137_G1	1469	1,302793	0	4930	33,83	1	8,65402018	0,163	0,375062087	5
optimal_loci_32236_G1	1833	1,67013	11,35	1171	51,28	1	1,805231204	0,461	0,377479947	5
optimal_loci_32267_G1	1004	2,333205	0	18757	44,12	1	18,65471202	0,36	0,378630288	4
optimal_loci_32299_G1	1410	2,458319	0	3351	65,17	1	0,530054277	0,772	0,379900572	6
optimal_loci_32346_G1	1059	2,735521	0	3350	47,87	1	0,399254003	0,609	0,381587689	6
optimal_loci_32355_G1	1293	2,735521	5,03	6018	38,28	1	1,459995485	0,138	0,381919884	5
optimal_loci_32356_G1	1733	2,735521	9,23	4155	32,83	1	1,459995485	0,15	0,381928438	5
optimal_loci_32383_G1	1931	2,344027	0	2001	40,9	3	1,280595607	0,044	0,38318988	5
optimal_loci_32446_G1	3313	1,53928	2,69	2363	56,53	1	0,147158364	0,68	0,385163639	3
optimal_loci_32522_G1	1455	2,675096	0	1142	52,57	3	4,220543906	0,4	0,387720606	7
optimal_loci_32559_G1	1269	3,504185	33,88	2081	34,75	3	1,246949896	0,15	0,389280435	6
optimal_loci_32585_G1	1660	3,6962	21,02	6841	34,09	2	9,879981618	0,214	0,39009403	6
optimal_loci_32588_G1	2764	3,6962	7,27	2589	28,14	1	19,7153205	0,208	0,390112954	6
optimal_loci_32612_G1	2321	3,302941	11,16	3923	35,76	3	8,537009607	0,252	0,390700658	7
optimal_loci_32613_G1	1040	3,302941	0	2776	33,26	3	8,537009607	0,055	0,390715253	7
optimal_loci_32689_G1	1142	1,753269	3,42	1370	45,44	5	167,6740698	0,325	0,393672451	6

optimal_loci_32717_G1	2032	1,194649	1,48	1258	47,88	3	123,2244064	0,46	0,394526743	4
optimal_loci_32718_G1	1210	1,194649	3,64	2001	45,12	3	123,2244064	0,28	0,394574604	4
optimal_loci_32753_G1	1394	0,757841	0	1135	60,68	1	0,261670469	0,675	0,395897661	2
optimal_loci_32914_G1	1084	1,143933	0	2884	35,14	2	0,029804097	0,199	0,402473446	2
optimal_loci_32979_G1	1718	1,285847	0	2075	40,8	2	0,42220368	0,297	0,403683016	2
optimal_loci_33122_G1	1219	1,279387	9,27	2007	33,63	2	70,75309731	0,119	0,407376619	2
optimal_loci_33200_G1	1057	1,278198	37,84	1814	29,61	1	373,3248184	0,137	0,409771582	2
optimal_loci_33362_G1	1545	0,643607	0	1010	43,17	2	3,401348378	0,265	0,415148244	5
optimal_loci_33369_G1	1164	0,643607	0	8720	40,97	2	3,401348378	0,187	0,415289905	5
optimal_loci_33376_G1	1033	0,591395	0	8043	36,49	1	0,055590605	0,067	0,415373763	5
optimal_loci_33378_G1	1275	0,591395	0	5845	39,52	1	0,055590605	0,166	0,415385521	5
optimal_loci_33407_G1	1314	0,514096	20,09	1198	52,28	3	0,736769432	0,523	0,416311419	5
optimal_loci_33474_G1	1356	0,751941	0	5430	37,61	1	88,40504608	0,191	0,419644645	4
optimal_loci_33535_G1	1025	2,159286	0	2001	27,31	3	18,83449092	0,102	0,422138945	9
optimal_loci_33537_G1	1952	2,159286	0	4722	29,04	3	18,83449092	0,147	0,422199701	9
optimal_loci_33540_G1	2134	2,159286	6,14	1605	35,98	3	18,83449092	0,114	0,422217344	9
optimal_loci_33549_G1	1552	2,592519	4,7	1870	53,6	1	24,63228637	0,649	0,423018761	8
optimal_loci_33562_G1	1308	2,316275	0	2741	35,77	4	26,68843988	0,083	0,423232221	8
optimal_loci_33615_G1	1029	2,496314	9,62	1302	34,2	1	14,15407025	0,268	0,424967026	8
optimal_loci_33618_G1	1444	2,496314	0	18074	32,4	1	14,15407025	0,286	0,425067847	8
optimal_loci_33619_G1	1120	2,496314	6,25	19679	34,46	1	14,15407025	0,139	0,425077495	8
optimal_loci_33738_G1	1101	0,955856	21,07	6771	31,24	2	14,59843425	0,177	0,428313159	3
optimal_loci_33862_G1	1381	1,180457	0	1570	35,77	1	145,3979355	0,036	0,431277305	6
optimal_loci_33863_G1	1709	1,180457	5,68	3237	37,56	1	145,3979355	0,222	0,431287326	6
optimal_loci_33889_G1	1637	1,425026	0	14909	43,18	2	3,359795267	0,461	0,432057881	6
optimal_loci_33891_G1	1637	1,425026	8,31	13891	42,02	2	3,359795267	0,244	0,432081138	6
optimal_loci_33933_G1	2202	1,59982	21,66	11070	34,28	1	14,01488626	0,103	0,432945667	7
optimal_loci_34010_G1	1320	1,568224	5	17639	59,46	1	0,383289558	0,681	0,435040037	8
optimal_loci_34027_G1	1336	1,524119	0	1001	40,11	2	0,779873421	0,025	0,435896066	6
optimal_loci_34049_G1	2743	1,405693	10,28	11426	37,07	1	4,525121391	0,18	0,43656565	5
optimal_loci_34077_G1	1513	1,326727	4,56	8526	45,07	1	7,982081326	0,292	0,437151755	6
optimal_loci_34083_G1	2101	1,274837	11,14	13222	41,31	1	7,982081326	0,278	0,437179984	6
optimal_loci_34158_G1	1015	1,719899	13,3	1767	41,47	1	0,034681132	0,159	0,440037851	4
optimal_loci_34244_G1	1011	2,739201	0	1001	39,46	1	1,756839825	0,331	0,442387789	6
optimal_loci_34266_G1	1531	2,70804	0	2916	41,34	1	0,193086668	0,181	0,443202172	6

optimal_loci_34275_G1	1033	2,624463	22,65	8604	39,3	1	0,132240029	0,072	0,443459743	7
optimal_loci_34281_G1	1341	2,486544	11,56	15990	35,42	2	4,716430692	0,086	0,443505255	7
optimal_loci_34329_G1	1289	0,951483	0	3330	59,27	1	16,52860807	0,692	0,444653822	8
optimal_loci_34365_G1	1280	0,943908	0	1235	44,92	2	92,85965284	0,435	0,445568353	7
optimal_loci_34407_G1	1628	0,489412	15,79	2389	37,46	2	1,351940908	0,363	0,446259012	6
optimal_loci_34424_G1	1896	0,413033	3,27	2509	42,14	1	15,86641964	0,293	0,44664582	4
optimal_loci_34501_G1	1601	1,620245	0	7147	39,35	1	35,36206905	0,257	0,450823636	2
optimal_loci_34516_G1	1680	1,643348	18,57	15746	42,5	2	1,736695402	0,23	0,451316903	2
optimal_loci_34613_G1	1204	2,052535	39,78	1001	36,04	2	0,157130886	0,116	0,454733271	2
optimal_loci_34621_G1	2082	2,052535	0	2001	33,23	1	0,142059088	0,06	0,454869901	2
optimal_loci_34728_G1	1576	3,040325	6,85	2379	52,15	2	1,549711101	0,526	0,458392122	6
optimal_loci_34733_G1	1554	3,178244	5,98	5058	49,16	2	1,549711101	0,334	0,458519663	6
optimal_loci_34742_G1	1099	3,178244	17,83	2001	39,76	2	0,159684648	0,295	0,458871239	6
optimal_loci_34764_G1	1574	3,290561	0	13723	35,51	3	3,270681241	0,23	0,459396642	6
optimal_loci_34793_G1	1410	4,316681	16,17	1265	35,1	3	40,98119334	0,104	0,460028655	6
optimal_loci_34809_G1	1114	2,108106	18,04	1001	37,61	2	11,66453271	0,099	0,460919099	6
optimal_loci_34911_G1	1248	0,244455	9,94	10498	46,87	3	1,388755868	0,334	0,463949345	3
optimal_loci_34963_G1	1209	0,248974	20,51	4550	36,22	1	3,691022687	0,014	0,46602401	3
optimal_loci_34971_G1	1121	0,248974	0	3152	48,52	1	3,691022687	0,47	0,466089058	3
optimal_loci_35100_G1	1281	0,251682	10,69	12554	36,37	1	9,37104086	0,262	0,470182319	2
optimal_loci_35102_G1	1017	0,251682	0	9728	35,29	1	9,37104086	0,126	0,470200894	2
optimal_loci_35280_G1	1422	0,23893	0	1001	36	2	4,420620893	0,021	0,474380604	4
optimal_loci_35342_G1	1173	0,31547	10,49	1780	39,47	2	1,850515803	0	0,476714041	4
optimal_loci_35343_G1	1879	0,31547	0	1001	40,39	2	1,850515803	0,289	0,476721976	4
optimal_loci_35347_G1	1392	0,31547	0	15561	49,85	1	0,121348878	0,421	0,476838739	4
optimal_loci_35492_G1	1041	1,505486	8,36	7733	60,23	2	0,802353233	0,782	0,48077804	6
optimal_loci_35503_G1	1095	1,505486	3,01	1001	46,11	2	0,802353233	0,402	0,480844429	6
optimal_loci_35552_G1	1284	1,639781	2,49	7564	44	1	9,922660564	0,42	0,482072429	6
optimal_loci_35554_G1	1909	1,639781	0	4902	34,67	1	9,922660564	0,103	0,482084674	6
optimal_loci_35560_G1	1078	1,639781	0	1525	33,48	1	9,922660564	0,109	0,482165628	6
optimal_loci_35573_G1	1162	1,58813	0	8844	50,77	2	29,9606265	0,44	0,483004357	7
optimal_loci_35669_G1	1255	1,041556	0	3509	38,08	1	7,719766086	0,378	0,485522533	3
optimal_loci_35693_G1	1461	1,041484	0	8523	44,28	2	0,507412117	0,4	0,486295727	3
optimal_loci_35744_G1	1161	1,643741	0	11691	40,82	1	2,359631812	0,189	0,488638789	3
optimal_loci_35783_G1	1301	1,712803	15,91	6400	41,04	2	15,40632939	0,146	0,490358698	2

optimal_loci_36002_G1	1247	1,070158	15,96	10224	31,03	1	30,825439	0,116	0,49637835	1
optimal_loci_36257_G1	2470	0,338532	13,81	13177	41,25	1	11,16852243	0,197	0,503350013	2
optimal_loci_36329_G1	1495	0,081095	12,11	2001	33,97	1	25,81479381	0	0,50631651	2
optimal_loci_36469_G1	1378	0,135623	21,63	2308	37,3	3	0,051728594	0,109	0,511334125	1
optimal_loci_36579_G1	2720	0,020755	13,68	15196	40,58	2	18,86304296	0,253	0,515788375	1
optimal_loci_36750_G1	1450	0,046306	0	7165	27,24	2	8,48636671	0,071	0,52395853	1
optimal_loci_36922_G1	2678	0,047948	9,3	4557	39,24	4	5,234346336	0,218	0,528759078	5
optimal_loci_36925_G1	1512	0,047948	24,54	2638	47,08	2	9,102067797	0,351	0,528847167	5
optimal_loci_36927_G1	1911	0,047948	9,94	1004	56,77	1	3,041934378	0,788	0,528888663	5
optimal_loci_36962_G1	1571	0,043117	10,95	5093	42,01	1	13,50782875	0,311	0,530016426	5
optimal_loci_37020_G1	1933	0,041431	7,35	3086	49,81	3	12,75754871	0,403	0,530868415	7
optimal_loci_37120_G1	1399	0,042007	2,29	2023	45,53	3	26,77632139	0,48	0,533605305	9
optimal_loci_37130_G1	1095	0,042007	0	6685	44,1	4	20,08224104	0,14	0,533658084	9
optimal_loci_37143_G1	1039	0,041471	0	3035	52,06	2	11,86842862	0,255	0,533982825	8
optimal_loci_37146_G1	1388	0,041471	0	5960	55,11	2	11,86842862	0,459	0,534000408	8
optimal_loci_37213_G1	1476	0,047565	33,6	8092	37,33	2	5,45867098	0,143	0,535604053	12
optimal_loci_37214_G1	1784	0,047565	0	10508	58,01	2	5,45867098	0,738	0,535618577	12
optimal_loci_37226_G1	1017	0,042435	7,18	2001	58,6	2	13,20729905	0,605	0,536485685	12
optimal_loci_37229_G1	1796	0,042435	0	2264	49,44	2	13,20729905	0,354	0,536500394	12
optimal_loci_37244_G1	1453	0,022769	0	7555	36,95	2	118,5197406	0,107	0,537188216	9
optimal_loci_37254_G1	1071	0,031582	0	1801	34,64	2	26,6591814	0,081	0,537655665	12
optimal_loci_37265_G1	1408	0,031582	0	19964	46,73	1	43,78929631	0,346	0,537812607	12
optimal_loci_37282_G1	1375	0,032814	0	3287	38,03	2	40,94387679	0,307	0,538035324	12
optimal_loci_37332_G1	1662	0,022753	21,78	7980	35,07	4	5,991041923	0,153	0,539518961	8
optimal_loci_37353_G1	1635	0,011131	0	2440	41,52	1	21,06248367	0,272	0,540542644	7
optimal_loci_37354_G1	1023	0,011131	11,53	4256	48,97	1	21,06248367	0,359	0,540553561	7
optimal_loci_37357_G1	1604	0,011131	17,46	6410	54,86	1	21,06248367	0,505	0,540566509	7
optimal_loci_37448_G1	1310	0,011755	32,6	1471	36,48	3	20,22803232	0,135	0,543953368	2
optimal_loci_37539_G1	1791	0,012138	36,29	4399	45,72	3	6,003119083	0,358	0,546321767	3
optimal_loci_37653_G1	1232	0,01105	0	5754	40,42	1	17,12564684	0,308	0,548730676	2
optimal_loci_37808_G1	2218	0,021931	1,85	3921	52,34	2	42,04979789	0,463	0,552620252	5
optimal_loci_37810_G1	1076	0,021931	0	7053	50,55	2	42,04979789	0,515	0,552639079	5
optimal_loci_37811_G1	1451	0,021931	31,36	8325	51,06	2	42,04979789	0,545	0,552646726	5
optimal_loci_37835_G1	1184	0,011016	18,5	6793	35,81	1	43,40441757	0	0,553134612	5
optimal_loci_37883_G1	1411	0,010133	0	1743	37,63	2	56,28981278	0,137	0,55452178	5

optimal_loci_38115_G1	1536	0,020538	0	7827	36,71	1	38,46925513	0,179	0,562859571	4
optimal_loci_38138_G1	1001	0,010263	2,8	5457	40,95	1	3,962197901	0,153	0,563412079	5
optimal_loci_38141_G1	1271	0,010263	0	3440	34,61	2	0,097195089	0,095	0,563514174	5
optimal_loci_38204_G1	1495	0,011144	19,33	14188	50,63	2	8,10058198	0,393	0,565617464	6
optimal_loci_38227_G1	1735	0,011185	5,94	5528	44,72	2	12,28356625	0,328	0,566140721	5
optimal_loci_38311_G1	2299	0,010551	28,93	2001	35,01	4	11,86236245	0,128	0,568443435	6
optimal_loci_38329_G1	2077	0,01038	0	13286	33,79	2	0,831093938	0,067	0,569219707	6
optimal_loci_38330_G1	1234	0,01038	0	10176	34,11	2	0,831093938	0,127	0,56924347	6
optimal_loci_38368_G1	1030	0,010871	12,33	4256	38,64	3	9,416628683	0,246	0,570496784	7
optimal_loci_38417_G1	1497	0,010915	13,83	1823	39,27	2	2,785489321	0,086	0,571824067	6
optimal_loci_38428_G1	1060	0,010915	0	5372	40,84	2	22,83153479	0,243	0,572111243	6
optimal_loci_38439_G1	1042	0,020421	0	2514	51,72	4	3,615578467	0,524	0,572414764	4
optimal_loci_38533_G1	2350	0,010637	4,98	5922	56,89	1	30,39933602	0,686	0,575826378	6
optimal_loci_38544_G1	1207	0,010516	0	15402	47,63	1	30,39933602	0,567	0,57604523	6
optimal_loci_38577_G1	2205	0,010739	18,19	11982	62,99	2	1,254710599	0,875	0,576698806	7
optimal_loci_38651_G1	1550	0,010804	0	2655	43,8	2	5,512293019	0,301	0,578221419	7
optimal_loci_38684_G1	1055	0,011007	38,96	1081	35,92	1	9,352040883	0,176	0,578770735	8
optimal_loci_38685_G1	1390	0,011007	8,71	2751	42,87	1	9,352040883	0,195	0,578780774	8
optimal_loci_38698_G1	1165	0,012718	0	2354	54,5	1	6,780366814	0,684	0,5793964	6
optimal_loci_38740_G1	1293	0,011218	0	1001	35,88	3	12,42923541	0,123	0,581429184	5
optimal_loci_38789_G1	1539	0,010461	0	2082	41,19	1	59,63375711	0,224	0,584194303	5
optimal_loci_38817_G1	1147	0,017311	15,17	3206	38,18	1	4,345671959	0,152	0,585129771	4
optimal_loci_38820_G1	1701	0,014741	0	6624	42,68	1	4,345671959	0,245	0,585150318	4
optimal_loci_38826_G1	1115	0,014728	0	5759	37,93	1	23,99582757	0,243	0,585459051	4
optimal_loci_39389_G1	2164	0,011215	0	4208	38,26	2	0,903331332	0,133	0,602261242	1
optimal_loci_39461_G1	1469	0,073066	19,33	9723	33,62	3	7,991863142	0,166	0,605288351	5
optimal_loci_39472_G1	1336	0,091352	0	3003	37,64	1	102,6979625	0,126	0,605705112	5
optimal_loci_39485_G1	1237	0,096669	10,11	18265	48,9	1	13,4144878	0,277	0,606021612	5
optimal_loci_39518_G1	1125	0,106745	38,22	1808	4026	1	196,3550199	0,171	0,6066124	5
optimal_loci_39573_G1	1067	0,126416	31,21	2914	39,83	1	0021563411	0,296	0,608276897	5
optimal_loci_39923_G1	1619	0,125685	0	1568	39,9	2	1,479774423	0,225	0,61819784	2
optimal_loci_39955_G1	1185	0,124238	16,79	2151	41,26	3	3,153743501	0,221	0,618925974	3
optimal_loci_40008_G1	1115	0,127756	16,14	2550	38,02	1	7091183638	0,092	0,621247461	5
optimal_loci_40026_G1	1460	0,123737	0	17284	40,47	1	0,257897062	0,115	0,622284868	4
optimal_loci_40071_G1	1498	0,12672	1,94	16678	40,58	1	4,328615527	0,224	0,623564037	4

optimal_loci_40073_G1	1455	0,12672	0	3163	39,65	1	4328615527	0,223	0,623645538	4
optimal_loci_40335_G1	1353	0123959	6,95	13944	49,22	1	1,539871268	0,378	0,633575072	3
optimal_loci_40348_G1	1078	0,134478	0	1384	56,58	2	0300141223	0,639	0,6339793	3
optimal_loci_40351_G1	2305	0,132312	13,36	2655	42,6	3	8,609533192	0,375	0,634075125	3
optimal_loci_40494_G1	1287	0121562	11,81	2464	43,12	2	25,33516297	0,07	0,637158487	3
optimal_loci_40563_G1	2303	0,129085	34,3	13426	37,6	2	0,923387716	0,217	0,63863925	3
optimal_loci_40607_G1	2003	0,124026	0	2296	44,13	3	2,97025499	0,328	0,639404816	3
optimal_loci_40822_G1	1113	0,120201	26,24	5361	41,5	1	43,09493659	0,127	0,645767266	2
optimal_loci_40853_G1	1190	0,127634	16,39	7181	32,18	1	2,830939913	0,104	0,646613395	2
optimal_loci_40999_G1	1788	0,120181	26,51	19445	47,42	1	0,092012036	0,366	0,650389183	4
optimal_loci_41007_G1	1272	0,121568	22,01	1466	37,02	1	0,092012036	0,178	0,650500362	4
optimal_loci_41055_G1	1224	0,129981	0	13049	41,42	1	12,74694918	0,287	0,651983307	4
optimal_loci_41089_G1	1428	0,132868	117	1818	50,63	1	0,878592446	0,453	0,653144282	5
optimal_loci_41153_G1	1090	0,128244	17,71	3182	37,52	1	27,4205524	0,125	0,655634133	3
optimal_loci_41211_G1	1481	0,125354	18,03	16864	34,77	1	0255224823	0,16	0,657047094	4
optimal_loci_41303_G1	1103	0,133704	26,65	2751	41,7	3	0,151527994	0,339	0,659811588	4
optimal_loci_41309_G1	2713	0,133704	0	2556	33,39	4	0327095065	0,148	0,659829886	4
optimal_loci_41373_G1	1163	0,105546	0	3366	40,92	1	12,80366957	0,334	0,662252808	3
optimal_loci_41528_G1	1606	0,194042	8,16	1248	35,92	2	0953358362	0,166	0,66654815	1
optimal_loci_41602_G1	1310	0,322306	34,12	2510	55,72	3	17,80938012	0,78	0,669732586	3
optimal_loci_41603_G1	1533	0,322306	0	4082	50,88	3	17,80938012	0,49	0,669742036	3
optimal_loci_41706_G1	3381	0,277069	5,44	2026	39,39	3	12,26782701	0,243	0,671330268	3
optimal_loci_41929_G1	1575	0,23197	35,81	1001	31,93	3	0,107351875	0,071	0,677839754	1
optimal_loci_42030_G1	1048	0,227921	4,39	1614	39,02	1	6,148692767	0,361	0,68117413	3
optimal_loci_42043_G1	1686	0,252662	4,69	4954	48,81	2	12,63470185	0,6	0,681775034	4
optimal_loci_42117_G1	1488	0,325201	13,84	16672	40,32	1	0304045758	0,34	0,683439291	4
optimal_loci_42156_G1	1392	0,388006	19,47	3586	37,78	4	133,9429103	0,172	0,684492544	5
optimal_loci_42257_G1	2190	0,478012	1,37	2209	50,95	2	7,335890378	0,551	0,687129046	8
optimal_loci_42258_G1	2725	0,478012	10,06	1182	34,31	2	7,335890378	0,109	0,687244246	8
optimal_loci_42318_G1	1027	0,459481	0	16422	4039	1	6280570796	0,403	0,688013688	7
optimal_loci_42322_G1	1047	0,459481	7,55	19026	2903	1	6,880570796	0,139	0,688029342	7
optimal_loci_42331_G1	1659	0,459481	0	5941	44,48	1	22,04663632	0,232	0,688458877	7
optimal_loci_42334_G1	1187	0,459481	0	3972	47	1	22,04663632	0,396	0,688473551	7
optimal_loci_42348_G1	2322	0,459481	24,16	7389	40,26	1	22,04663632	0,216	0,688566731	7
optimal_loci_42422_G1	1427	0,469494	22,49	1001	40,92	3	10,83981009	0,384	0,693082784	2

optimal_loci_42424_G1	1231	0,469494	7,8	6130	37,12	4	8,129857567	0,052	0,693158328	2
optimal_loci_42511_G1	1238	0,284795	0	10392	45,63	2	6,49517639	0,495	0,696567326	8
optimal_loci_42513_G1	2433	0,255022	24,37	2114	46,69	1	6,549363762	0,403	0,696634448	8
optimal_loci_42519_G1	3035	0,255022	2,57	10605	57	1	6,549363762	0,611	0,696741605	8
optimal_loci_42525_G1	3338	0,216044	4,43	16345	53,59	1	6549363762	0,518	0,69677611	8
optimal_loci_42549_G1	1100	0,051707	0	3449	40,54	3	0,122983933	0,37	0,697956339	8
optimal_loci_42557_G1	1740	0,052122	0	2001	33,39	5	3,408329025	0,145	0,698222199	8
optimal_loci_42565_G1	1144	0,052122	0	5744	46,76	2	4,110483641	0,324	0,698326795	8
optimal_loci_42568_G1	1184	0,052122	6	8678	46,11	2	4,110483641	0,176	0,698344432	8
optimal_loci_42715_G1	2019	0,067087	2,82	1001	51,16	2	32,48269997	0,418	0,701715987	2
optimal_loci_42746_G1	2071	0,080751	0	1327	45	2	4,410838745	0,455	0,703261779	2
optimal_loci_42894_G1	1105	0,072911	0	2001	41,17	3	2,523936412	0,222	0,70807248	11
optimal_loci_42908_G1	1915	0,068263	0	2179	44,12	2	21,75325267	0,322	0,709386527	13
optimal_loci_42916_G1	1096	0,068263	23,27	12290	40,6	1	43,50650535	0,196	0,709521684	13
optimal_loci_42928_G1	1650	0,071258	12,91	2500	37,27	2	10,7869635	0,137	0,710004533	14
optimal_loci_42935_G1	1244	0,070595	0	10115	41,31	1	12,73828673	0,25	0,71020531	14
optimal_loci_42936_G1	1390	0,070595	0	11514	43,52	1	12,73828673	0,27	0,71021372	14
optimal_loci_42938_G1	1246	0,070595	0	13465	54,57	1	12,73828673	0,461	0,710225448	14
optimal_loci_42939_G1	1935	0,254944	1,55	15148	54,62	1	12,73828673	0,656	0,710235565	14
optimal_loci_42942_G1	1933	0,254944	0	18120	5907	1	12,73828613	0,603	0,71025343	14
optimal_loci_42957_G1	1269	0,322781	0	5597	31,12	1	0,717340143	0,294	0,71053394	14
optimal_loci_42970_G1	2379	1,148495	1,18	6606	43,88	3	90,82787333	0,349	0,710910985	15
optimal_loci_42985_G1	1794	1,722318	7,8	3333	41,8	3	5,749727976	0,192	0,711174856	14
optimal_loci_42991_G1	1093	1,722318	35,04	1001	41,17	3	5,749727976	0,138	0,711203109	14
optimal_loci_43048_G1	1151	2,142868	0	1442	54,56	1	4,717441761	0,372	0,712979704	13
optimal_loci_43062_G1	1248	2,384845	13,14	1826	37,66	2	11,42099488	0,135	0,713926372	7
optimal_loci_43087_G1	1358	1799876	0	1001	50,66	3	10,85324449	0,48	0,714787985	4
optimal_loci_43176_G1	1068	1,375542	0	10017	41,47	1	0,344752083	0,164	0,716924361	5
optimal_loci_43222_G1	1457	1,157691	0	4210	38,5	1	6,173596937	0,447	0,718496784	3
optimal_loci_43223_G1	1528	1,157691	0	2574	36,78	1	6,173596937	0,087	0,718506192	3
optimal_loci_43377_G1	1433	0,656363	2,02	4657	47,8	2	4,60541645	0,378	0,723338545	1
optimal_loci_43565_G1	2019	0,65504	12,18	1001	42,59	2	64,40155138	0,305	0,729129811	5
optimal_loci_43577_G1	2963	0,668	4,22	2001	41,3	2	23,65164825	0,275	0,730187464	5
optimal_loci_43588_G1	1957	0,668	9,61	1184	43,84	1	47,3032965	0,412	0,730313497	5
optimal_loci_43596_G1	1046	0,666618	28,78	1001	34,99	4	23,57172831	0,28	0,730759268	5

optimal_loci_43621_G1	1558	0,652872	0	1831	34,85	2	17,28827784	0,105	0,731312726	5
optimal_loci_43690_G1	2211	0,593102	1,27	4284	46,26	1	2,935578121	0,31	0,734455281	6
optimal_loci_43693_G1	1528	0,593102	13,42	1001	43,32	1	2,935578121	0,312	0,734479122	6
optimal_loci_43694_G1	1210	0,593102	0	2209	56,36	2	5,005302861	0,565	0,73452393	6
optimal_loci_43136_G1	1346	0,560757	19,61	2001	41,3	2	2,30376179	0,214	0,1353506	7
optimal_loci_43764_G1	1534	0,447093	16,23	3158	40,35	1	2,044480917	0,09	0,736153021	8
optimal_loci_43836_G1	1084	0,488914	0	18956	37,45	1	0,27844958	0,133	0,737405511	8
optimal_loci_43854_G1	1249	0,457521	10,97	5616	34,82	1	0,104886873	0,18	0,738052835	5
optimal_loci_43872_G1	1023	0,942828	16,72	18415	45,35	1	0,291919797	0,369	0,738522935	4
optimal_loci_44019_G1	2989	1,64676	1,07	8986	52,22	2	8,587489467	0,451	0,741766816	5
optimal_loci_44030_G1	1524	1,58402	34,51	3458	42,19	2	10,48811348	0,295	0,741998123	6
optimal_loci_44031_G1	1311	1,58402	0	2001	5E29	2	10,48811348	0,71	0,742008162	6
optimal_loci_44062_G1	1872	1,345734	0	2354	40,49	2	0,898694411	0,086	0,743253295	6
optimal_loci_44065_G1	1251	1,345734	0	2659	49,24	3	0,630376634	0,353	0,743301758	6
optimal_loci_44095_G1	1790	0,877385	15,92	11261	42,4	1	0,022806614	0,284	0,74484086	6
optimal_loci_44137_G1	2078	0,278092	1,64	2099	42,2	2	892,966274	0,221	0,747201433	2
optimal_loci_44307_G1	1508	0,275763	0	2182	50	3	8,614326952	0,456	0,752205162	4
optimal_loci_44345_G1	2080	0,282619	36,63	15520	43,26	1	0,28080591	0,264	0,753710565	4
optimal_loci_44363_G1	1406	0,281802	19,06	8741	42,53	2	0,007413835	0,343	0,754098412	5
optimal_loci_44370_G1	2255	0,27909	1,6	4536	37,87	1	46,16596044	0,253	0,754475319	5
optimal_loci_44445_G1	2017	0,280231	0	2946	53,79	2	23,88632052	0,615	0,757007609	3
optimal_loci_44515_G1	1104	0,273735	0	19740	53,44	1	1,008662484	0,615	0,761003109	2
optimal_loci_44531_G1	1802	0,273735	17,87	2107	42,28	1	1,008662484	0,343	0,76110491	2
optimal_loci_44614_G1	1088	0,507726	0	6972	35,11	3	4,044317824	0	0,764219765	6
optimal_loci_44633_G1	1351	0,507726	10,51	11800	39,82	4	5,918184654	0,134	0,764265445	6
optimal_loci_44635_G1	2227	0,507726	0	6761	38,48	4	5,918184654	0,252	0,76429047	6
optimal_loci_44637_G1	1283	0,507726	0	5057	37,1	3	7,608088452	0,132	0,764306388	6
optimal_loci_44649_G1	1199	0,604552	0	7911	61,05	2	10,05905981	0,743	0,764540202	6
optimal_loci_44702_G1	3478	1,693723	17,45	7107	32,43	3	1,567805588	0,038	0,766110046	7
optimal_loci_44776_G1	1093	2,486037	0	1001	38,51	1	3,794632305	0,091	0,769067844	3
optimal_loci_44900_G1	1196	1,060922	0	9846	43,56	1	8,624085709	0,152	0,772024224	6
optimal_loci_44930_G1	1082	0,278591	32,35	9382	37,33	1	4,998505875	0,081	0,773005805	5
optimal_loci_44932_G1	1291	0,278591	0	1330	31,13	1	4,998505875	0,091	0,773090005	5
optimal_loci_44933_G1	1539	0,278591	0	2666	58,67	1	4,998505875	0,638	0,773098036	5
optimal_loci_44937_G1	1022	0,210404	181	2809	36,88	2	16,14733189	0,25	0,773288942	5

optimal_loci_45046_G1	1017	0,804728	18,68	10268	38,15	4	35,59822147	0,095	0,776552792	2
optimal_loci_45047_G1	1196	0,804728	101	2001	39,04	2	67,08642708	0,245	0,776642871	2
optimal_loci_45163_G1	1175	0,819282	0	3045	38,89	2	0,590674639	0,11	0,781526454	3
optimal_loci_45176_G1	1106	0,816562	0	1079	48,64	1	5,907907829	0,51	0,783380251	7
optimal_loci_45202_G1	1758	0,822949	8,76	1631	55,46	3	2,620522113	0,539	0,784088872	8
optimal_loci_45222_G1	1095	0,827202	1432	2457	49,31	1	0,164963239	0,312	0,784626279	7
optimal_loci_45300_G1	1058	0,827294	0	2521	39,13	1	0,077087726	0,137	0,785975251	10
optimal_loci_45301_G1	1194	0,827294	0	3791	36,59	1	0,077087726	0,143	0,785982885	10
optimal_loci_45306_G1	1313	0,827294	0	8383	45,62	1	0,077087726	0,189	0,786010489	10
optimal_loci_45338_G1	1990	0,651623	0	14278	41,95	1	8,21583554	0,152	0,786815056	9
optimal_loci_45355_G1	1281	0,604385	15,14	12990	31,77	1	8,801554564	0,067	0,787654836	7
optimal_loci_45356_G1	1164	0,604385	0	11743	37,02	1	8,801554564	0,223	0,787663036	7
optimal_loci_45372_G1	1414	0,604385	0	8899	43,7	1	16,77890815	0,212	0,787984362	7
optimal_loci_45565_G1	1043	0,315045	0	7915	40,26	3	17,99667492	0,182	0,79451487	2
optimal_loci_45568_G1	1091	0,315045	11,82	10658	42,8	3	17,99667492	0,141	0,794531359	2
optimal_loci_45689_G1	2257	2,007482	39,12	7376	34,82	2	4,966529074	0,02	0,798137299	3
optimal_loci_45708_G1	1697	1,998097	22,63	7382	53,74	5	22,04271925	0,6	0,798767779	3
optimal_loci_45724_G1	1958	2,365526	0	5724	42,49	3	6,419902163	0,347	0,798992691	3
optimal_loci_45895_G1	1378	1,683864	0	1001	51,52	5	1,801530429	0,459	0,805173818	5
optimal_loci_45908_G1	1083	1,53458	0	3157	51,43	3	72,09334655	0,317	0,805756491	5
optimal_loci_45914_G1	1077	1,582736	30,83	3796	29,34	1	0,17023875	0,171	0,805971255	5
optimal_loci_45923_G1	1208	1,354879	0	4284	38,65	3	13,47292565	0,164	0,806294584	5
optimal_loci_45926_G1	1036	1,754879	0	14979	39,18	1	6,068047254	0,235	0,806358874	6
optimal_loci_46021_G1	1109	0,38199	3,52	2026	44	1	3,796839463	0,203	0,809350474	4
optimal_loci_46065_G1	1272	0,780569	0	7615	52,2	2	4,767975353	0,408	0,81101669	3
optimal_loci_46100_G1	1591	0,177876	0	12030	33,75	1	6,807609606	0,091	0,812188834	4
optimal_loci_46166_G1	1353	3,423297	26,53	6152	38,95	1	3,32836282	0,129	0,81484001	12
optimal_loci_46181_G1	1165	4,161348	0	2195	47,98	2	7,765993228	0,339	0,815559355	11
optimal_loci_46189_G1	1125	4,161348	2,67	2535	57,06	1	12,52145275	0,538	0,815742446	11
optimal_loci_46194_G1	1297	4,161348	0	9979	39,7	3	7,804848121	0,373	0,815865545	11
optimal_loci_46197_G1	1418	4,161348	0	2955	41,81	2	5,446545805	0,248	0,815907041	11
optimal_loci_46198_G1	1921	4,161348	9,32	1001	35,5	2	5,446545805	0,119	0,815915763	11
optimal_loci_46248_G1	1193	3,933443	8,05	2375	39,89	2	32,49870162	0,164	0,817443618	11
optimal_loci_46249_G1	1052	3,933443	0	3849	36,02	1	18,14576221	0,174	0,817452479	11
optimal_loci_46253_G1	1407	3,933443	0	6257	55,01	1	18,14576221	0,523	0,817466954	11

optimal_loci_46254_G1	1145	3,933443	0	18686	46,81	1	18,14576221	0,234	0,817541668	11
optimal_loci_46255_G1	1016	3,933443	7,78	19985	33,07	1	18,14576221	0	0,817549477	11
optimal_loci_46388_G1	1682	0,881023	0	16795	62,24	1	15,31350877	0,79	0,822039422	8
optimal_loci_46391_G1	1636	0,90238	2,02	7355	46,21	1	15,31350877	0,335	0,822096445	8
optimal_loci_46393_G1	1011	0,90238	2,97	5775	54,3	1	15,31350877	0,385	0,8221097	8
optimal_loci_46397_G1	2739	0,90238	2,01	1880	45,05	1	15,31350877	0,367	0,822122726	8
optimal_loci_46400_G1	1102	0,90238	0	2109	34,57	1	15,31350877	0,117	0,822178132	8
optimal_loci_46407_G1	1041	0,924691	0	7920	51,2	1	15,31350877	0,241	0,822213064	8
optimal_loci_46437_G1	1201	0,087004	0	8483	63,11	1	1,579757796	0,707	0,822959291	11
optimal_loci_46475_G1	1754	1,511535	0	7096	39,9	3	2,663786472	0,155	0,823869578	12
optimal_loci_46525_G1	1369	1,511535	0	11190	53,54	1	16,99527685	0,438	0,825566278	7
optimal_loci_46528_G1	1947	1,511535	0	6107	57,98	1	16,99527685	0,703	0,825593358	7
optimal_loci_46530_G1	1506	1,511535	5,58	4192	55,51	1	16,99527685	0,549	0,825607521	7
optimal_loci_46549_G1	2043	0,529461	0	2126	41,01	2	0,297289372	0,178	0,826307203	7
optimal_loci_46575_G1	1397	0,328506	7,95	6034	36,36	1	4,558764601	0,068	0,82757162	6
optimal_loci_46626_G1	1171	0,073157	9,82	4438	35,09	1	86,100095	0,061	0,829142167	11
optimal_loci_46676_G1	4012	2,877314	0	18501	48,37	1	0,123542338	0,346	0,830930641	10
optimal_loci_46677_G1	2428	2,877314	0	16040	52,67	1	0,123542338	0,589	0,830954956	10
optimal_loci_46695_G1	1731	2614927	2,31	4019	46,79	3	3,493460345	0,313	0,83131416	10
optimal_loci_46699_G1	1213	2,614921	28,85	4356	41,22	4	7,332569366	0,099	0,831407491	10
optimal_loci_46709_G1	1367	2,614927	0	5435	58,52	2	9,424948215	0,647	0,831573204	10
optimal_loci_46714_G1	1691	2,614927	0	9426	37,61	2	9,424948215	0,372	0,831597195	10
optimal_loci_46718_G1	2208	2,444315	12,91	18749	44,42	1	8,202970758	0,371	0,831668062	10
optimal_loci_46721_G1	1355	2,396866	0	1617	49,96	2	4,101485379	0,348	0,831776174	10
optimal_loci_46788_G1	1655	2,338528	23,02	2764	42,83	2	41,83063057	0,304	0,833769368	10
optimal_loci_46848_G1	1376	0,436067	13,44	1001	32,84	1	414,1568129	0,102	0,835451887	2
optimal_loci_46940_G1	1031	1,87891	0	4330	35,59	3	46,7197077	0,14	0,839950399	4
optimal_loci_46941_G1	1365	1,87891	0	2723	37,8	3	46,7197077	0,205	0,839958051	4
optimal_loci_46998_G1	1078	2168782	10,48	6739	37,01	2	12,60303637	0,047	0,841177828	4
optimal_loci_47037_G1	2241	2,620605	1,34	3428	54,97	4	17,04746781	0,558	0,841803566	4
optimal_loci_47108_G1	1896	1,114186	0	2947	41,82	1	0,690279491	0,186	0,845109573	3
optimal_loci_47122_G1	2643	1,060531	1,4	1486	48,05	4	10,55970398	0,608	0,845809874	3
optimal_loci_47175_G1	1278	1,116064	2,82	2001	43,42	1	13,09481191	0,355	0,848002287	3
optimal_loci_47311_G1	1311	1,303325	21,89	7270	35,85	2	0,014358178	0,179	0,854398431	2
optimal_loci_47351_G1	1793	0,893084	37,59	1001	37,08	1	19,13540217	0,042	0,856620462	2

optimal_loci_47449_G1	1015	1,791493	0	1001	60,39	1	10,31155776	0,526	0,860574677	6
optimal_loci_47452_G1	1128	1,783119	0	5385	40,42	3	9,145221663	0,129	0,860662333	6
optimal_loci_47492_G1	2626	2,06218	7,69	4540	43,86	2	0,028151276	0,359	0,862300976	9
optimal_loci_47444_G1	1030	2,06218	0	8422	47,96	2	0,028151276	0,465	0,862324312	9
optimal_loci_47509_G1	2454	2,06218	0	2887	46,98	3	3,836679401	0,447	0,862639002	9
optimal_loci_47530_G1	1065	1,918804	0	2258	39,62	5	0,623073558	0,227	0,863339904	9
optimal_loci_47553_G1	1103	1,856746	39,98	10401	41,25	2	1,353663953	0,356	0,863703929	9
optimal_loci_47608_G1	1674	1,661352	22,82	18493	36,37	1	0,286934489	0,064	0,864902949	9
optimal_loci_47612_G1	1037	1,661352	0	8908	49,75	2	0,778324442	0,775	0,864964397	9
optimal_loci_47676_G1	2617	1,620313	11,39	11905	42,83	2	32,94726837	0,402	0,866432818	6
optimal_loci_47683_G1	1021	1,637792	0	2483	31,53	2	6,360135489	0,233	0,866714645	6
optimal_loci_47727_G1	1270	1,705225	0	2001	36,85	2	12,74979429	0,132	0,868085377	7
optimal_loci_47808_G1	1222	1,671717	0	12465	56,46	1	0,04490182	0,596	0,870216848	9
optimal_loci_47812_G1	3787	1,664712	2,24	2001	49,3	1	0,04490182	0,439	0,870264331	9
optimal_loci_47844_G1	1184	1,597721	21,37	17296	45,86	2	0,942086964	0,372	0,870896681	9
optimal_loci_47856_G1	1251	1,59933	35,41	3143	39,56	4	29,50537105	0,214	0,871053178	9
optimal_loci_47886_G1	1565	1,510755	0	1766	42,55	1	12,01282596	0,337	0,87214221	8
optimal_loci_47941_G1	1177	1,52276	2,72	1001	47,15	3	3,267300779	0,438	0,872899005	8
optimal_loci_47943_G1	2129	1,52276	6,48	3343	44,66	3	3,267300779	0,464	0,872913475	8
optimal_loci_47945_G1	1146	1,52276	3,75	1509	49,82	3	3,267300779	0,253	0,872967702	9
optimal_loci_48009_G1	1586	2,25613	0	2538	54,85	2	91,28237473	0,632	0,875933189	4
optimal_loci_48075_G1	2018	3,373715	26,56	2001	38,94	2	10,56759909	0,248	0,878600998	6
optimal_loci_48077_G1	1019	3,407607	0	3303	34,05	2	10,56759909	0,119	0,878682505	6
optimal_loci_48100_G1	1324	3,77184	2,79	19805	37,38	1	28,24227248	0,211	0,879444379	8
optimal_loci_48108_G1	1843	4,11421	18,5	4066	49,7	2	14,45287721	0,393	0,879605548	8
optimal_loci_48110_G1	1169	4,13692	12,06	3025	39,52	2	14,45287721	0,153	0,879626683	8
optimal_loci_48236_G1	1280	3,797536	0	4686	47,26	1	3,448287524	0,368	0,881905683	7
optimal_loci_48242_G1	1544	3,797536	0	1297	31,21	1	1448287524	0,08	0,881924468	7
optimal_loci_48250_G1	1067	3,797536	0	3654	43,2	2	0,35214668	0,291	0,882294997	7
optimal_loci_48267_G1	1787	3,797536	11,82	6968	43,25	1	1,639176957	0,186	0,882659827	4
optimal_loci_218569_G1	1146	1,342848	0	4737	39,87	2	2,371366536	0,133	0,888084441	4
optimal_loci_48648_G1	1109	1,588509	11,27	18385	48,51	1	0,51329719	0,441	0,890676087	5
optimal_loci_48666_G1	1760	1,593464	0	7942	37,72	3	0,171099063	0,033	0,890734949	5
optimal_loci_48702_G1	1248	1,690209	0	4735	45,11	3	2,484167723	0,342	0,891096197	5
optimal_loci_48707_G1	1043	1,580679	23,87	2622	34,99	2	12,89199134	0,094	0,89155529	4

optimal_loci_49154_G1	1527	1,50384	0	5363	41,06	3	19,20127254	0,234	0,902010629	4
optimal_loci_49165_G1	1846	1,50384	13,43	2001	38,35	2	4,880883076	0,255	0,902277037	4
optimal_loci_49167_G1	1276	1,50384	2,19	1001	45,29	3	21,83535609	0,457	0,90233204	4
optimal_loci_49242_G1	1150	1,419112	0	1793	52,26	3	31,12027534	0,433	0,904843123	4
optimal_loci_49365_G1	1891	2,497009	3,7	2383	37,96	1	1,159439349	0,343	0,909917833	6
optimal_loci_49369_G1	1967	2,497009	0	2001	51,7	1	3,609778819	0,54	0,910127885	6
optimal_loci_49374_G1	1477	2,610361	0	13763	36,83	1	38,72848162	0,243	0,910307051	6
optimal_loci_49377_G1	1467	1,234433	7,36	7930	45,39	1	38,72848162	0,381	0,910342175	6
optimal_loci_49382_G1	1346	1,254157	16,94	2368	46,58	1	72,77100016	0,344	0,910722207	7
optimal_loci_49383_G1	1043	1,254157	0	1001	38,25	1	72,77100016	0,131	0,910732246	7
optimal_loci_49478_G1	1582	3,023787	0	1480	56,38	3	0,696356737	0,549	0,913671434	5
optimal_loci_49498_G1	1609	3,023787	31,7	3521	36,17	1	0,0178318	0,166	0,914060898	3
optimal_loci_49508_G1	1021	2,669324	0	10019	34,28	1	92,57645231	0,09	0,91444622	4
optimal_loci_49562_G1	1063	2,377502	7,62	2001	47,22	2	18,70422843	0,765	0,917239454	5
optimal_loci_49574_G1	1369	1,682401	16,44	1001	42,51	4	25,7080339	0,203	0,918062169	4
optimal_loci_49589_G1	3521	1,682401	23,6	11020	41,09	4	25,6944679	0,301	0,918122396	4
optimal_loci_49631_G1	1379	1,978996	0	3158	45,97	1	10,18935518	0,301	0,919645598	4
optimal_loci_49835_G1	1020	4,145865	0	1259	38,52	2	23,93501364	0,047	0,92861714	3
optimal_loci_49842_G1	1001	4,145865	0	3911	46,95	2	0,823644744	0,508	0,928742685	3
optimal_loci_49881_G1	1458	3,872632	38,75	2001	50,68	3	6,238575429	0,6	0,930807088	5
optimal_loci_49914_G1	1099	3,476978	0	1083	44,22	2	29,83281941	0,243	0,9329745	3
optimal_loci_49945_G1	1301	3,514708	15,07	3841	39,73	3	25,77707063	0,214	0,933548902	3
optimal_loci_50154_G1	2164	0,924366	10,17	2703	37,84	2	1,440033809	0,251	0,941142912	2
optimal_loci_50185_G1	1621	1,867435	39,79	1844	42,68	1	37,91716483	0,228	0,942100513	2
optimal_loci_50284_G1	1202	2,639845	0	2138	58,65	2	86,05865655	0,504	0,94514348	2
optimal_loci_50325_G1	2498	2,647378	0	2224	43,75	2	58,99737208	0,262	0,946921975	3
optimal_loci_50411_G1	1443	3,466717	0	3349	30	3	14,36784538	0,084	0,949787067	6
optimal_loci_50422_G1	1241	3,694299	0	1001	35,93	4	13,13388217	0,051	0,950015075	5
optimal_loci_50469_G1	1322	3,787899	22,92	17631	59,53	1	2,90972745	0,725	0,951640823	10
optimal_loci_50479_G1	1338	3,787899	0	1664	48,43	1	2,90972745	0,243	0,951736709	10
optimal_loci_50493_G1	1364	3,824662	14,59	1001	50,21	2	0,208006933	0,504	0,95213091	10
optimal_loci_50519_G1	1368	1,564904	35,82	5416	31,65	2	8,417245698	0,019	0,953200436	10
optimal_loci_50537_G1	1164	1,53108	16,32	8961	34,27	1	16,8344914	0,201	0,953310412	11
optimal_loci_50542_G1	1780	1,514776	0	12197	34,77	2	6,785107205	0,135	0,953442408	11
optimal_loci_50545_G1	1545	1,514776	11,52	9869	35,79	2	6,785107205	0,136	0,953457815	11

optimal_loci_50552_G1	1378	1,493484	0	2001	61,82	5	47,51709342	0,615	0,953591247	11
optimal_loci_50587_G1	1372	1,627616	8,09	2033	36,88	2	1,088516103	0,242	0,955417598	8
optimal_loci_50590_G1	1872	1,627616	0	2001	43,21	2	1,088516103	0,258	0,95547539	8
optimal_loci_50607_G1	2418	0,813456	16	11473	46,98	1	30,18102701	0,391	0,956294161	7
optimal_loci_50700_G1	2670	3,455192	0	5857	52,92	2	24,75850342	0,496	0,959552103	3
optimal_loci_50719_G1	2353	5,036694	39,91	17471	34,84	1	2,279955811	0,104	0,959861028	3
optimal_loci_50734_G1	1056	5,656081	4,64	4175	38,44	2	260,2044072	0,138	0,960732332	4
optimal_loci_50820_G1	1421	5,966694	8,66	2121	43,84	3	15,86696549	0,33	0,963388599	3
optimal_loci_50830_G1	1152	6,326304	23	14946	35,5	1	1,294816529	0,086	0,964003756	3
optimal_loci_50926_G1	1338	3,689608	0	18878	37,96	1	10,24822372	0,102	0,966547715	3
optimal_loci_50941_G1	1460	3,787461	1,92	1288	57,05	3	2,036550004	0,839	0,967115028	2
optimal_loci_51075_G1	1262	1,398277	8,72	3607	41,12	5	16,50316479	0,21	0,973112667	3
optimal_loci_51101_G1	1587	1,203214	0	1521	5119	2	1243017819	0,413	0,973903841	3
optimal_loci_51120_G1	1275	1,17643	8,71	1291	32,62	3	1,551129348	0,143	0,974815949	4
optimal_loci_51178_G1	1551	0,024541	14,44	16615	35,65	1	24,71785478	0,055	0,977256621	2
optimal_loci_51281_G1	2038	3,011175	0	1555	46,61	2	3,984222476	0,344	0,981491804	1
optimal_loci_51361_G1	1227	3,943736	7,42	2001	35,69	1	19,1352505	0,092	0,984587939	3
optimal_loci_51379_G1	2820	5,521172	4,43	2001	52,55	5	7,515979922	0,481	0,985679514	6
optimal_loci_51380_G1	1141	5,521172	14,81	4836	36,1	5	7,515979922	0,183	0,985700542	6
optimal_loci_51472_G1	1168	4,334889	19,78	9696	38,44	2	28,66139134	0,07	0,988557417	5
optimal_loci_51473_G1	3705	4,334889	4,94	5706	34,3	2	28,66139134	0	0,988566151	5
optimal_loci_51482_G1	1459	4,373623	0	1001	48,32	2	28,66139134	0,462	0,988688691	5
optimal_loci_51589_G1	1535	2,087855	1,89	1343	42,08	2	0,102296968	0,224	0,992083233	4
optimal_loci_51591_G1	1328	2,087855	8,28	2153	35,09	2	0,102296968	0,235	0,992120581	4
optimal_loci_51640_G1	3185	1,584899	30,24	5346	34,5	1	0,043276121	0,148	0,993181161	4
optimal_loci_51655_G1	2123	1,373386	9,94	8302	39,04	1	15,54882446	0,317	0,993431837	4
optimal_loci_51796_G1	1030	0,861109	0	13338	40	1	1,805609138	0,195	0,998758486	2
optimal_loci_51803_G1	2073	0,821922	35,31	2001	37,53	1	1,805609138	0,173	0,998820366	2
optimal_loci_51949_G1	1469	1,03722	9,19	1074	48,33	1	6,169026665	0,445	0,991900183	1
optimal_loci_52050_G1	1339	5,086547	38,46	1897	43,46	6	6,84979128	0,353	0,982233036	8
optimal_loci_52052_G1	1960	5,086547	9,44	2087	48,16	6	7,382237087	0,315	0,981740527	8
optimal_loci_52090_G1	1258	4,505889	0	1001	40,06	6	13,78892165	0,3	0,977863832	12
optimal_loci_52101_G1	1224	4,804254	35,95	2104	37,99	6	16,19567036	0,283	0,977744489	12
optimal_loci_52103_G1	1522	4,804254	0	4201	54,46	3	8,264605947	0,524	0,977520431	12
optimal_loci_52106_G1	1353	4,804254	0	7441	41,98	4	7,714029043	0,412	0,977487374	12

optimal_loci_52113_G1	1469	4,804254	0	5873	45,94	5	7,370813452	0,328	0,977424607	12
optimal_loci_52122_G1	1150	5,108975	9,3	2976	48,52	4	12,29195057	0,551	0,977126986	12
optimal_loci_52177_G1	1665	5,69598	0	5368	56,63	2	7,082802302	0,595	0,975658267	10
optimal_loci_52178_G1	3135	5,69598	5,58	2200	53,07	3	4,856352542	0,518	0,975624166	10
optimal_loci_52226_G1	3116	5,101162	0	1689	47,65	4	17,43323222	0,423	0,973252788	10
optimal_loci_52227_G1	1213	5,101162	8,33	1080	52,51	4	17,43323222	0,524	0,973238224	10
optimal_loci_52292_G1	1297	4,258825	31,23	1542	37,77	3	3,720674455	0,134	0,967656534	2
optimal_loci_52299_G1	1300	4,258825	14,31	4177	43,61	3	3,720674455	0,432	0,967598837	2
optimal_loci_52420_G1	1118	4,033901	17,62	2822	40,6	4	60,28504566	0,341	0,961744198	9
optimal_loci_52424_G1	1725	4,026847	0	2001	59,88	4	60,28504566	0,717	0,961649699	9
optimal_loci_52428_G1	1511	4,170072	0	3159	43,01	6	16,18247655	0,162	0,961323832	9
optimal_loci_52429_G1	2598	4,170072	0	2001	52,5	6	16,18247655	0,514	0,96129395	9
optimal_loci_52477_G1	1177	3,697188	1351	4604	36,78	3	2,030991102	0,086	0,95833986	19
optimal_loci_52480_G1	1671	1697188	12,27	2001	47,63	3	2,030991102	0,349	0,958311841	19
optimal_loci_52483_G1	1363	3,697188	0	1647	34,48	3	2,030991102	0,159	0,958237481	19
optimal_loci_52490_G1	1228	3,697188	26,3	18903	37,37	1	22,67616371	0,102	0,957971981	19
optimal_loci_52503_G1	1207	3,59195	7,79	14076	46,14	2	88,93890884	0,301	0,957045716	19
optimal_loci_52560_G1	1083	3,911517	0	2625	34,53	1	0,352758048	0,223	0,954177621	15
optimal_loci_52564_G1	2031	3,911517	0	2489	57,8	1	0,352758048	0,516	0,954061141	15
optimal_loci_52566_G1	1757	3,911517	0	4949	41,26	1	0,352758048	0,23	0,95403761	15
optimal_loci_52571_G1	1129	3,911517	15,77	9384	37,11	2	58,28568418	0,109	0,953817718	15
optimal_loci_52572_G1	1131	3,911517	0	7877	46,68	2	58,28568418	0,445	0,953801496	15
optimal_loci_52573_G1	1535	3,911517	2,02	6247	54,65	2	58,28568418	0,668	0,95378395	15
optimal_loci_52574_G1	2346	3,911517	0	3790	51,61	2	58,28568418	0,529	0,953757503	15
optimal_loci_52583_G1	1701	3,82478	0	6628	50,61	3	38,85712279	0,365	0,95358747	15
optimal_loci_52584_G1	1055	3,82478	0	7556	41,99	3	38,85712279	0,319	0,95357409	15
optimal_loci_52598_G1	1704	3,82478	0	2001	53,11	4	3,771012079	0,384	0,953226738	15
optimal_loci_52706_G1	1136	5,979401	0	2919	44,71	4	44,39863695	0,375	0,945364855	11
optimal_loci_52707_G1	1219	5,974435	3,53	4491	38,63	4	44,39863695	0,194	0,94534704	12
optimal_loci_52709_G1	1975	5,974435	0	2952	47,44	6	29,94110848	0,415	0,945320764	12
optimal_loci_52751_G1	2197	6,28964	0	3485	49,84	2	20,26268253	0,501	0,943794316	13
optimal_loci_52758_G1	1176	6,28964	0	9604	47,44	3	41,40017581	0,382	0,943043186	13
optimal_loci_52791_G1	1056	6,162786	0	6351	64,01	2	2,824823706	0,962	0,940794316	13
optimal_loci_52798_G1	1217	6,335294	0	2893	54,23	2	2,824823706	0,649	0,940674822	15
optimal_loci_52810_G1	1119	6,235049	0	7917	47,54	2	2,249470894	0,643	0,940377503	15

optimal_loci_52815_G1	2415	6,202157	1,2	1851	48,19	2	21,11283371	0,416	0,940312207	15
optimal_loci_52817_G1	2133	6,175366	0	2001	61,65	3	27,10879548	0,724	0,940199903	15
optimal_loci_52821_G1	1092	6,175366	3,3	4089	60,16	3	27,10879548	0,67	0,94016268	15
optimal_loci_52826_G1	1334	6,21184	0	3099	41,67	2	40,66319322	0,487	0,939962422	14
optimal_loci_52843_G1	3646	6,160549	3,57	1001	55,89	1	2,553826385	0,649	0,938807417	14
optimal_loci_52875_G1	2458	5,959415	0	1920	50,85	4	2,295083449	0,515	0,935375178	14
optimal_loci_52877_G1	2479	5,955449	15,61	2680	56,75	5	1,844157538	0,448	0,935286243	14
optimal_loci_52953_G1	1113	3,285277	0	1181	61,18	4	10,62413854	0,715	0,933472745	9
optimal_loci_52956_G1	1255	3,285277	3,11	3325	54,26	5	8,499310829	0,664	0,933448138	9
optimal_loci_52962_G1	1219	3,286553	1395	2001	5183	5	8,499310829	0,488	0,933385113	8
optimal_loci_52963_G1	1757	3,278565	0	1001	47,75	4	10,62413854	0,339	0,933322013	8
optimal_loci_52977_G1	2306	2,964391	24,11	2727	34,99	2	2,536108118	0,04	0,931950872	8
optimal_loci_53026_G1	1302	4,301557	0	2834	59,83	3	0,022010351	0,808	0,929304015	6
optimal_loci_53126_G1	1965	3,922653	3466	2907	43,05	5	4,095434433	0,333	0,922530818	2
optimal_loci_53137_G1	1300	3,87381	5,38	1001	42,53	4	4,476943704	0,265	0,921361722	2
optimal_loci_53270_G1	2226	0,497425	0	4777	43,26	1	0,878088261	0,126	0,914569795	2
optimal_loci_53276_G1	3200	0,497425	0	4849	57,21	2	1758390701	0,688	0,91438592	2
optimal_loci_53423_G1	1168	4,824315	19,78	1490	48,45	6	28,49149737	0,454	0,904159451	13
optimal_loci_53430_G1	1576	4,49616	12,56	2182	55,32	1	0,98792547	0,61	0,903559429	17
optimal_loci_53432_G1	1273	4,49616	27,49	4463	34,72	1	0,98792547	0,129	0,903538138	17
optimal_loci_53446_G1	1824	6,056942	1974	1024	43,42	1	4,884892144	0,289	0,902216932	18
optimal_loci_53447_G1	1201	6,170885	0	9956	52,95	2	50,85177139	0,46	0,902044844	19
optimal_loci_53448_G1	1030	6,170885	14,95	11796	4058	2	50,85177139	0,4	0,902026878	20
optimal_loci_53452_G1	1148	6,170885	3,14	9771	39,8	2	50,85177139	0,178	0,901991927	20
optimal_loci_53478_G1	1162	6,586746	14,97	3325	49,05	2	59,1581833	0,432	0,900289171	20
optimal_loci_53483_G1	1641	6,586746	0	2001	42,35	2	59,1581833	0,25	0,900194672	20
optimal_loci_53484_G1	1627	6,586746	0	1001	49,53	2	59,1581833	0,343	0,900124435	20
optimal_loci_53517_G1	1147	5,478453	0	2001	55,79	2	57,10966723	0,323	0,899313563	20
optimal_loci_53522_G1	1214	5,464954	0	4677	56,42	2	57,10966723	0,655	0,899135264	20
optimal_loci_53524_G1	1989	5,464954	11,61	6926	53,69	2	57,10966723	0,616	0,899102713	20
optimal_loci_53532_G1	1133	4,904385	7,77	7903	45,27	3	2,885428278	0,467	0,898542325	19
optimal_loci_53537_G1	1278	4,904385	0	4914	42,87	4	2,84711135	0,389	0,898490549	19
optimal_loci_53539_G1	1112	4,904385	17,18	1135	50,44	4	2,84711135	0,354	0,898449871	19
optimal_loci_53540_G1	1098	4,904385	0	2001	39,98	3	2,917320105	0,248	0,898392659	19
optimal_loci_53548_G1	1452	4,734425	37,47	1001	47,1	5	6,448684145	0,365	0,897794155	17

optimal_loci_53574_G1	1443	4,107517	0	2748	46,7	2	2,907779761	0,359	0,896738837	17
optimal_loci_53577_G1	1560	4,107517	0	3841	59,16	5	1,868379855	0,685	0,896634403	16
optimal_loci_53666_G1	1101	1,510483	16,49	13165	42,77	1	9,86548846	0,341	0,892031055	6
optimal_loci_53693_G1	1272	2,987244	21,38	2001	38,36	5	6,946744596	0,152	0,888304618	6
optimal_loci_53706_G1	2077	4,773684	25,9	1001	40,1	4	49,37321906	0,162	0,887338934	6
optimal_loci_53712_G1	1095	4,773684	0	2001	52,87	5	11,64363889	0,277	0,886964263	6
optimal_loci_53765_G1	1716	4,029627	0	2414	43,47	4	6,579121202	0,455	0,885233638	5
optimal_loci_53783_G1	1551	1864732	0	2163	4951	2	12,5907944	0,425	0,883846857	5
optimal_loci_53949_G1	1486	2,700815	0	3340	56,19	2	8,693360798	0,705	0,875697976	9
optimal_loci_53950_G1	1635	2,700815	1,77	5327	4336	2	8,693360798	0,454	0,875674984	9
optimal_loci_53955_G1	1284	2,813794	0	3168	51,47	2	5,345516719	0,483	0,87551282	9
optimal_loci_53958_G1	1192	2,818734	10,49	1715	47,65	2	4,753667676	0,4	0,875314887	9
optimal_loci_53964_G1	1310	2,818734	0	2001	52,74	2	4,753667676	0,364	0,875202121	9
optimal_loci_53972_G1	1387	2,893695	0	2001	44,7	1	6,848655211	0,26	0,874852691	9
optimal_loci_53976_G1	1792	3,082349	0	4426	57,81	2	3,444019853	0,568	0,874563509	11
optimal_loci_54002_G1	1214	4,588314	2,31	2445	44,97	3	3,268877018	0,463	0,873418493	13
optimal_loci_54009_G1	1042	4,588314	0	3669	39,73	3	3,268877018	0,265	0,873321819	13
optimal_loci_54062_G1	1454	4,249769	22,28	5478	51,03	2	21,53672793	0,492	0,869351141	9
optimal_loci_54064_G1	1037	4,249769	0	7525	57,66	1	43,07345586	0,567	0,869333595	9
optimal_loci_54073_G1	1633	4,538432	7,96	8044	48,86	3	7,348671915	0,406	0,868225038	9
optimal_loci_54083_G1	2104	4,538432	0	3035	32,36	4	8,778208177	0,225	0,868157104	9
optimal_loci_54088_G1	1648	5,105257	0	12046	38,95	3	4,355605654	0,141	0,867786276	7
optimal_loci_54128_G1	2594	3,18945	25,4	2806	37,74	2	1,694387174	0,104	0,863959064	11
optimal_loci_54138_G1	1938	3,18945	0	2719	45,04	2	157,3582378	0,404	0,863387169	9
optimal_loci_54146_G1	1669	1,37934	17,91	1001	58,29	1	2,091011194	0,398	0,862235296	9
optimal_loci_54149_G1	1670	1,37934	16,29	4049	35,98	1	2,091011194	0,171	0,862116233	9
optimal_loci_54151_G1	1316	1,522022	2,43	7006	44,6	1	2,091011194	0,388	0,862088213	9
optimal_loci_54212_G1	1158	1,877403	19,69	1909	44,55	2	0,234247621	0,239	0,858994112	13
optimal_loci_54245_G1	1592	1,491934	0	4753	53,64	5	8,074340409	0,424	0,856929279	14
optimal_loci_54249_G1	1036	1,491934	0	3860	35,13	6	7,352165517	0,15	0,856890312	14
optimal_loci_54250_G1	1367	1,491934	2,93	2074	45,13	6	7,352165517	0,353	0,856871087	14
optimal_loci_54304_G1	1233	1,968056	26,03	2047	36,57	3	5,077060852	0,213	0,855152777	11
optimal_loci_54314_G1	1628	1,743049	16,28	2001	58,66	1	42,94204063	0,635	0,854212723	11
optimal_loci_54319_G1	1152	1,743049	0	7159	59,37	1	42,94204063	0,558	0,854078105	11
optimal_loci_54320_G1	1359	1,743049	0	2809	41,28	1	100,8474336	0,432	0,853699763	11

optimal_loci_54326_G1	1082	1,997936	0	1532	50,64	2	3,394080109	0,591	0,853388127	12
optimal_loci_54332_G1	1734	1,997936	9,57	5266	36,1	3	2,262720073	0,122	0,853230721	12
optimal_loci_54353_G1	1696	1,86666	7,9	2317	37,85	2	21,48559525	0,301	0,852467944	13
optimal_loci_54404_G1	1107	0,90197	0	1001	45,52	1	2233,060052	0,283	0,848163079	12
optimal_loci_54407_G1	1279	0,90197	0	3657	3518	1	2233,060052	0,11	0,848053746	12
optimal_loci_54422_G1	1081	0,596548	9,25	1001	41,99	2	39,35057751	0,227	0,847097481	11
optimal_loci_54427_G1	1619	0,810291	0	1001	56,7	3	88,81804522	0,64	0,846871604	10
optimal_loci_54429_G1	1106	0,810291	0	2114	54,97	3	88,81804522	0,507	0,846851399	10
optimal_loci_54437_G1	1794	0,895346	1,56	9496	46,98	1	56,04020913	0,326	0,8465331	10
optimal_loci_54439_G1	1129	0,895346	3,54	2001	48,89	1	56,04020913	0,253	0,846452422	10
optimal_loci_54453_G1	1757	0,974483	2,96	2963	58,45	3	1,42520307	0,65	0,84576118	10
optimal_loci_54463_G1	1056	0,928638	0	1001	44,6	3	24,65807769	0,339	0,844288364	11
optimal_loci_54490_G1	1620	0,90135	1,85	3604	43,76	2	1,582124616	0,28	0,842025694	13
optimal_loci_54534_G1	1004	0,948911	0	1240	35,55	5	0,373449385	0,082	0,839811163	9
optimal_loci_54574_G1	2392	0,894463	0	2392	47,24	2	0,828723327	0,538	0,838467589	14
optimal_loci_54581_G1	1515	0,894463	0	8204	35,57	2	0,828723327	0,078	0,838414467	14
optimal_loci_54590_G1	1335	0,894463	10,19	2111	45,84	2	0,828723327	0,247	0,83831606	14
optimal_loci_54602_G1	1352	1,001145	0	2946	47,55	4	19,26113011	0,506	0,837252002	15
optimal_loci_54628_G1	1813	0,733752	12,91	5493	42,8	1	2,8111154	0,225	0,835513821	14
optimal_loci_54629_G1	1466	0,733752	3,07	7414	52,11	1	2,8111154	0,334	0,835496878	14
optimal_loci_54662_G1	1704	2,10634	0	5794	46,83	2	4,705640944	0,399	0,833450215	15
optimal_loci_54663_G1	2038	2,10634	0	3723	55,05	2	4,705640944	0,568	0,833427922	15
optimal_loci_54664_G1	1098	2,10634	0	2514	53,64	2	4,705640944	0,507	0,833414909	15
optimal_loci_54665_G1	1412	2,10634	2,41	1001	44,47	2	4,705640944	0,287	0,833398622	15
optimal_loci_54666_G1	2402	2,10634	0	1001	50,74	2	4,705640944	0,404	0,833300721	16
optimal_loci_54669_G1	1537	2,10634	0	10631	39,55	2	4,705640944	0,133	0,833206372	16
optimal_loci_54700_G1	1020	2,033852	0	12708	31,66	2	9,498957249	0,121	0,832569397	13
optimal_loci_54741_G1	1184	3,10672	14,02	9885	47,38	2	11,12465416	0,38	0,829321281	11
optimal_loci_54742_G1	1201	3,095487	0	2001	29,3	5	14,50445146	0,191	0,829105188	11
optimal_loci_54763_G1	1038	2,825139	29,96	1966	45,56	5	18,65473284	0,315	0,827957212	8
optimal_loci_54788_G1	1232	2,416864	14,85	1336	41,88	2	3,510193903	0,34	0,825362067	14
optimal_loci_54829_G1	1747	2,996545	32,86	2368	33,37	1	0,537773747	0,121	0,823504607	16
optimal_loci_54847_G1	1893	2,725532	12,41	1259	48,38	3	27,02597468	0,403	0,82189887	17
optimal_loci_54857_G1	1319	2,597436	0	4386	64,82	1	27,34759026	0,651	0,820948418	18
Optimal_loci_54858_G1	1609	2,597436	12,18	2744	38,59	2	15,2765972	0,092	0,820930743	18

optimal_loci_54859_G1	1097	2,597436	0	1001	45,48	2	15,2765972	0,235	0,820911981	18
optimal_loci_54861_G1	2768	2,597436	3,58	2882	48,8	3	12,70324067	0,524	0,820817051	18
optimal_loci_54863_G1	1721	2,597436	9,59	5731	36,25	3	12,70324067	0,06	0,820790904	18
optimal_loci_54865_G1	3154	2,597436	1146	1400	54,66	3	1170324067	0,528	0,820744284	18
optimal_loci_54867_G1	1043	2,534195	12,94	1001	47,07	2	8,169368741	0,543	0,820430635	18
optimal_loci_54868_G1	2807	2,534195	6,06	2077	34,16	1	8,782209866	0,117	0,820400065	18
optimal_loci_54878_G1	1527	2,509605	18,07	9504	48,59	1	3,62849279	0,313	0,81899958	18
optimal_loci_54899_G1	1000	2,500876	0	3279	37,7	1	0,984972012	0,136	0,818438568	19
optimal_loci_54900_G1	1798	2,500876	14,68	1397	45,38	1	0,984972012	0,446	0,81841831	19
optimal_loci_54903_G1	1004	2,500876	0	3940	50,59	1	0,984972012	0,714	0,818309699	19
optimal_loci_54920_G1	2119	2,633172	1,84	9493	50,49	1	2106176365	0,565	0,81776662	18
optimal_loci_54924_G1	2441	2,633172	4,01	3897	52,47	1	22,06176365	0,457	0,817706383	18
optimal_loci_54949_G1	2345	2,623336	3,16	2190	53,9	1	24,25194469	0,489	0,816014833	19
optimal_loci_55003_G1	1627	2,28514	0	16758	51,87	1	6,428749981	0,759	0,814496168	12
optimal_loci_55026_G1	1011	1,685981	5,44	2225	37,09	2	94,0070788	0,075	0,81343296	11
optimal_loci_55050_G1	1147	1,744099	0	2298	39,66	3	6,142266627	0,294	0,811062433	6
optimal_loci_55062_G1	1130	1,744099	0	1112	46,1	2	11,91305991	0,353	0,810687147	7
optimal_loci_55098_G1	2098	1,814216	0	2001	48,23	2	1,138218329	0,477	0,809611733	7
optimal_loci_55154_G1	1113	0,505251	0	1434	36,11	1	8,284041069	0,108	0,805401981	7
optimal_loci_55164_G1	1445	0,495105	14,33	7566	37,71	2	362,8853448	0,155	0,80468916	6
optimal_loci_55197_G1	1193	0,642185	8,47	2001	38,64	2	18,48626573	0,156	0,803516695	7
optimal_loci_55225_G1	1416	1,356189	8,83	4569	39,83	1	5,081544148	0,246	0,802396362	7
optimal_loci_55227_G1	1744	1,356189	0	7116	40,53	1	5,081544148	0,366	0,802365414	7
optimal_loci_55290_G1	1191	0,918414	0	2316	48,11	1	9,91014601	0,452	0,798678493	6
optimal_loci_55312_G1	1148	0,97049	0	13245	46,86	2	9,396252486	0,379	0,798181087	6
optimal_loci_55390_G1	1637	1,424313	19,55	1001	48,8	2	60,35787855	0,508	0,793341292	5
optimal_loci_55413_G1	154S	1,64217	0	2001	47,18	2	2,87487977	0,385	0,791941184	3
optimal_loci_55415_G1	1469	1,369326	0	1460	43,36	2	0,671973682	0,17	0,791628525	3
optimal_loci_55485_G1	1067	2,658796	19,31	2096	42,83	1	1,300190612	0,458	0,784849569	16
optimal_loci_55492_G1	1247	3,687435	9,38	5358	38,97	2	0,967253093	0,263	0,784681141	16
optimal_loci_55493_G1	1179	3,687435	0	4146	48,85	2	0,967253093	0,393	0,784668095	16
optimal_loci_55494_G1	1804	3,687435	0	2126	52,66	2	0,967253093	0,491	0,784646351	16
optimal_loci_55495_G1	1024	3,687435	0	1001	55,76	2	0,967253093	0,634	0,784634241	16
optimal_loci_55499_G1	1139	3,687435	0	5992	39,33	1	0,634315574	0,152	0,784537492	16
optimal_loci_55502_G1	2219	3,687435	5,14	8044	48,35	1	0,634315574	0,472	0,784503778	16

optimal_loci_55524_G1	1483	1961612	1,89	1153	42,68	3	0,994446883	0,254	03836331	18
optimal_loci_55527_G1	1067	2,961612	0	2628	39,45	4	0,745835162	0,196	0,783562304	18
optimal_loci_55528_G1	1027	2,796359	0	4115	51,7	4	0,745835162	0,659	0,783546728	18
optimal_loci_55529_G1	1895	2,796359	0	5175	51,55	4	0,745835162	0,618	0,783525974	18
optimal_loci_55530_G1	1271	2,796359	1031	7103	44,92	4	0345835162	0,192	0,783511938	18
optimal_loci_55531_G1	2569	1796359	16,58	5493	36,78	4	0145835162	0,203	0,783482842	18
optimal_loci_55532_G1	1266	2,796359	0	3953	29,3	4	0,745835162	0,081	0,783466265	18
optimal_loci_55541_G1	1147	2,796359	35,57	1001	29,29	2	6,012279303	0,17	0782657029	18
optimal_loci_55574_G1	1029	3,043686	0	3168	43,34	4	1420567367	0,254	0,78025056	19
optimal_loci_55594_G1	1105	1,471139	0	2001	57,37	3	66,73039796	0,622	0,778881529	12
optimal_loci_55608_G1	1306	1,471139	0	3109	30,93	1	0,2447366	0,111	0,778588428	12
optimal_loci_55650_G1	1751	1,342996	0	5130	45,17	1	49,06470612	0,407	0,77698253	4
optimal_loci_55765_G1	1674	0,942	9,74	2001	37,27	2	10,95097147	0,144	0,769580065	7
optimal_loci_55788_G1	1117	0,940438	0	1205	60,42	3	5552634446	0,785	0,768427815	7
optimal_loci_55802_G1	3244	1,072904	8,05	1001	49,72	1	1,367976704	0,43	0,76746662	11
optimal_loci_55852_G1	1157	1,193791	0	2789	54,27	1	23,8972847	0,605	0,765352078	11
optimal_loci_55854_G1	1127	1,193791	0	4268	37,88	1	23,8972847	0,366	0,76533648	11
optimal_loci_55855_G1	1137	1,193791	2,81	6367	47,31	2	15,46044253	0,33	0,765313778	11
optimal_loci_55860_G1	1797	1,193791	4,84	3405	41,4	1	7,023600359	0,139	0,765151507	11
optimal_loci_55912_G1	1372	1,384393	0	1676	44,09	1	23,09232088	0,392	0,76276239	9
optimal_loci_55913_G1	1159	1,384393	3,19	3081	54,01	1	23,09232088	0,511	0,762749559	9
optimal_loci_55916_G1	1650	1,384393	0	5396	38,36	1	23,09232088	0,164	0,762719354	9
optimal_loci_55920_G1	1629	1,41291	0	2649	45,54	1	16,9039453	0,413	0,762374241	9
optimal_loci_56005_G1	1726	2,428938	0	2828	51,73	1	8,007073391	0,611	0,755532637	10
optimal_loci_56043_G1	1104	2,682819	0	2167	45,83	2	5,8733667	0,42	0,753580614	11
optimal_loci_56055_G1	1538	2,682819	19,77	3010	43,43	3	5526773013	0,315	0,753025565	11
optimal_loci_56061_G1	1067	2,682819	19,21	2397	32,52	5	8310968529	0,131	0,752826437	11
optimal_loci_56068_G1	1741	2,682819	1,61	1415	47,21	5	130,3320266	0,37	0,752560958	11
optimal_loci_56084_G1	1396	1,709796	0	16846	41,11	2	0368844939	0,2	0,751160893	11
optimal_loci_56086_G1	1097	1,709796	0	15180	51,95	2	0,368844939	0,566	0,75114296	11
optimal_loci_56088_G1	1444	1,709796	0	7363	38,01	2	0,368844939	0,24	0,751058816	11
optimal_loci_56089_G1	1961	1,709796	5,05	5143	37,42	2	0,368844939	0,137	0,751034919	11
optimal_loci_56093_G1	1250	1,709796	5,04	2001	37,76	2	0368844939	0,239	0,751001098	11
optimal_loci_56114_G1	1112	2,937578	0	2001	38,03	2	16,99878001	0,168	0,749048041	13
optimal_loci_56176_G1	5187	3,638735	0,66	2569	53,05	2	2,674091323	0,496	0,744665791	5

optimal_loci_56193_G1	2763	3638735	4,6	2103	49,54	2	2,674091323	0,355	0,744513046	5
optimal_loci_56197_G1	1030	3,638735	4,76	2001	45,72	1	4,520803575	0,258	0,744178805	5
optimal_loci_56241_G1	2499	2,050618	1,6	19188	42,69	1	11,87751763	0,311	0,741533638	5
optimal_loci_56298_G1	1355	0,263265	17,49	2001	37,26	3	3249289947	0,114	0,737504553	4
optimal_loci_56391_G1	1309	0,234681	19,79	7043	43,92	1	1,772800061	0,538	0,733818536	3
optimal_loci_56395_G1	1651	0,234681	12,3	4303	38,34	3	26,60327168	0,192	0,733012573	3
optimal_loci_56489_G1	1499	0,163024	36,02	12062	39,49	1	21,02998823	0,108	0,726558762	1
optimal_loci_56610_G1	1062	0,235226	25,8	17836	38,98	1	15,26176319	0,275	0,718888461	1
optimal_loci_56725_G1	1083	0,281964	0	1803	33,88	4	3,374048766	0,118	0,710666911	4
optimal_loci_56729_G1	1131	0,288013	21,22	8282	40,31	2	4,982776634	0,109	0,71016409	4
optimal_loci_56735_G1	1697	0,288013	7,84	2605	46,67	2	4,982776634	0,388	0,710102982	4
optimal_loci_56745_G1	1299	0,304902	0	1267	55,81	2	7,350275354	0,466	0,709546233	4
optimal_loci_56839_G1	2081	0,939652	0	5123	46,22	3	0,269991887	0,382	0,703345274	6
optimal_loci_56841_G1	1372	0,939652	0	2820	55,46	3	0,269991887	0,423	0,703320484	6
optimal_loci_56846_G1	1270	0,939652	0	5503	57,4	5	6,081095883	0,636	0,703181722	6
optimal_loci_56847_G1	1706	0,939652	0	2001	53,63	5	6,081095883	0,475	0,703095673	6
optimal_loci_56925_G1	1111	2,597109	0	4300	52,29	2	5,867393949	0,414	0,699020969	9
optimal_loci_56939_G1	1150	2,769703	4,43	2001	55,21	2	14,19833689	0,722	0,698095188	9
optimal_loci_456952_G1	1730	3,041037	0	2408	41,21	5	10,18071093	0,248	0,697242056	6
optimal_loci_56985_G1	1317	3,492072	13,82	2988	40,16	2	2,455427111	0,335	0,695353143	7
optimal_loci_56988_G1	3497	3,575022	4,46	1001	50,32	2	2,455427111	0,369	0,695193929	7
optimal_loci_57037_G1	1108	4,672555	0	14714	33,03	2	16,40735581	0,224	0,691872917	7
optimal_loci_51549_G1	1047	1,967577	16,81	1277	38,87	3	4,378017782	0,248	0,690989731	6
optimal_loci_57107_G1	2692	2,000562	10,74	10345	46,06	1	1,417662146	0,333	0,687231991	7
optimal_loci_57123_G1	1024	2,437887	5,37	2816	41,11	2	2,12969919	0,341	0,686559978	7
optimal_loci_57176_G1	1127	2,628609	4,17	14047	45,69	2	3,34074734	0,272	0,684768321	6
optimal_loci_57183_G1	1363	2,530673	0	18463	46,07	1	0,586132966	0,331	0,684237094	6
optimal_loci_57231_G1	1252	2,173337	6,55	1336	35,86	2	36,8609996	0,138	0,682009193	6
optimal_loci_57248_G1	1425	2,173337	21,33	8478	41,75	3	5,026625186	0,283	0,680818708	5
optimal_loci_57316_G1	1098	1,610734	0	1001	40,52	1	56,85964659	0,268	0,675686685	6
optimal_loci_57327_G1	1167	1,53558	0	1823	43,44	4	8,800565954	0,26	0,674040194	5
optimal_loci_57332_G1	1328	1,374017	9,79	1840	39,15	4	4,66997373	0,199	0,673389645	5
optimal_loci_57380_G1	1829	2,103329	139	7438	42,91	1	6,08017405	0,209	0,671024144	6
optimal_loci_57382_G1	1240	2,103329	2,74	9716	58,79	1	6,08017405	0,684	0,671005963	6
optimal_loci_57436_G1	1898	0,490461	17,23	4348	41,35	2	40,41129425	0,27	0,667368837	3

optimal_loci_57771_G1	1863	0,385137	7,25	2654	40,25	7	101,8653252	0,198	0,650111313	2
optimal_loci_57827_G1	1603	1,181745	5,12	7709	37,05	1	3637570626	0,226	0,645407492	3
optimal_loci_57856_G1	1963	2,184472	28,32	11288	36,06	1	17,94911424	0	0,642684327	2
optimal_loci_57940_G1	1396	1,054216	0	3218	39,68	1	28,90643928	0,167	0,635681862	1
optimal_loci_58039_G1	1182	0,771803	0	15474	44,16	2	6,098778972	0,369	0,626788837	2
optimal_loci_58041_G1	1420	0,771803	9,08	13545	54,01	2	6,098778972	0,425	0,626768073	2
optimal_loci_58137_G1	1111	0,025789	0	1421	50,49	1	27,78390007	0,471	0,619769053	1
optimal_loci_58251_G1	1366	0,102661	15,89	5233	38,28	4	0,425239433	0,233	0,613867653	2
optimal_loci_58275_G1	1709	0,738232	0	2001	36,8	1	49,17211443	0,213	0,611562304	2
optimal_loci_58368_G1	1553	3,644468	15,07	4370	35,6	3	21,82553725	0,202	0,603662605	4
optimal_loci_58378_G1	1114	3,29739	0	2871	46,31	3	21,82553725	0,475	0,603548568	4
optimal_loci_58379_G1	1265	3,284549	8,54	2001	45,84	3	21,82553725	0,297	0,60338211	4
optimal_loci_58453_G1	2953	2,407803	4,98	5906	37,58	2	0,732042746	0,171	0,600186523	5
optimal_loci_58498_G1	1099	1,392645	0	2375	38,39	1	4,619369991	0,189	0,59717267	4
optimal_loci_58581_G1	1269	0,681481	26,16	5581	35,53	2	0,404540391	0	0,592344403	6
optimal_loci_58586_G1	1184	0,681481	33,36	8758	42,9	2	0,404540391	0,228	0,592311119	6
optimal_loci_58630_G1	1324	1,935422	2,11	3086	48,48	1	6324686736	0,3	0,589804144	5
optimal_loci_58634_G1	1044	1,935422	0	6295	40,51	1	6,324686736	0,086	0,589772616	5
optimal_loci_58638_G1	1114	2,086339	0	4340	47,48	2	34,78546018	0,314	0,589581927	5
optimal_loci_58888_G1	1307	0,049323	4,74	17698	55,24	1	15,12521289	0,692	0,573768751	2
optimal_loci_58912_G1	1590	0,049323	0	1001	40,18	1	0,077017774	0,21	0,572029612	3
optimal_loci_58992_G1	2564	1,276401	11,04	5595	55,85	2	6,636684062	0,61	0,567908751	3
optimal_loci_59034_G1	2310	1,150359	0	2001	37,61	3	2,880764805	0,209	0,564135361	2
optimal_loci_59167_G1	1570	0,939513	0	4839	52,54	2	1,55573036	0,509	0,556159795	3
optimal_loci_59200_G1	1490	1,292876	6,38	3355	46,44	4	3,197208574	0,332	0,553386222	9
optimal_loci_59233_G1	1297	1,482214	8,87	4976	39,16	1	3,105819884	0,019	0,550832217	9
optimal_loci_59237_G1	1019	1,525996	0	2001	40,13	2	2,715143835	0,269	0,550703229	8
optimal_loci_59242_G1	1657	1,525996	0	4718	37,41	2	2,715143835	0,214	0,550667115	8
optimal_loci_59249_G1	1795	1,525996	0	1001	38,05	4	1,441216053	0,205	0,550521507	8
optimal_loci_59251_G1	1482	1,348277	0	2700	36,57	3	0886348109	0	0,550438633	8
optimal_loci_59255_G1	1348	1,348277	2,14	2001	58,6	3	0,886348109	0,638	0,550303638	8
optimal_loci_59288_G1	1402	1,32119	0	1001	43,5	2	15,89512146	0,336	0,549005727	8
optimal_loci_59396_G1	1051	0,384822	3,62	3221	29,01	2	13,61818928	0,094	0,541119203	4
optimal_loci_59397_G1	1833	0,384822	0	1268	57,82	2	13,61818928	0,465	0,541098181	4
optimal_loci_59463_G1	1310	0,406852	31,53	11684	33,58	2	0,239431984	0,144	0,537732734	6

optimal_loci_59466_G1	1534	0,406852	23,53	2216	38,26	1	0,478863967	0,252	0,537530323	6
optimal_loci_59517_G1	1015	0,409826	8,97	6092	54,87	2	10,52646427	0,631	0,53333535	6
optimal_loci_59518_G1	1748	0,409826	0	7140	55,66	2	10,52646427	0,726	0,533316179	6
optimal_loci_59569_G1	1354	0,350012	0	9856	29,61	1	3,917660879	0,279	0,529621496	4
optimal_loci_59586_G1	1135	0,347562	2537	9457	36,65	2	1,95883044	0,306	0,529308525	4
optimal_loci_59704_G1	3070	0,491023	0	2052	51,1	2	28,94230906	0,445	0,522318396	1
optimal_loci_59828_G1	1202	0,29601	0	2155	53,49	2	21,94582793	0,601	0,513457309	4
optimal_loci_59830_G1	1166	0,302693	0	4467	55,4	2	21,94582793	0,625	0,513432809	4
optimal_loci_59831_G1	2656	0,302693	0	5666	56,92	3	14,63055195	0,556	0,513403864	4
optimal_loci_59835_G1	1075	0,302693	2,6	1001	46,79	3	0,477526211	0,428	0,513253994	4
optimal_loci_59894_G1	1112	0,572388	14,3	2001	44,06	5	3,366464288	0,111	0,507375135	3
optimal_loci_59922_G1	1052	0,753055	6,15	1001	30,51	4	1,388102367	0,119	0,505227729	5
optimal_loci_59928_G1	1219	0,753055	0	3544	40,77	5	4,57970571	0,19	0,505138568	5
optimal_loci_59985_G1	1249	0,985788	0	11406	35,22	3	11,3140273	0,169	0,500987298	5
optimal_loci_59989_G1	1050	0,985788	0	17082	38,09	2	16,97104095	0,1	0,500928342	5
optimal_loci_60041_G1	1594	0,997115	8,09	17929	49,56	1	0,149828964	0,486	0,496956954	3
optimal_loci_60209_G1	1441	0,562762	2,43	2244	58,22	1	63,45891958	0,566	0,488534499	5
optimal_loci_60213_G1	1496	0,562762	0	6414	49,46	1	63,45891958	0,41	0,48848902	5
optimal_loci_60216_G1	2329	0,533052	4,42	2001	36,49	1	40,62384658	0,162	0,48814606	5
optimal_loci_60228_G1	2394	0,502394	0	6616	46,19	1	9,695191693	0,492	0,487645673	6
optimal_loci_60310_G1	1180	0,076994	22,37	6357	46,94	1	3,162919411	0,35	0,483656932	9
optimal_loci_60339_G1	2711	0,63086	26,67	3901	34,15	2	33,70008166	0,076	0,482270097	7
optimal_loci_60380_G1	1408	0,829609	26,21	3545	37,42	3	10,80570301	0,22	0,478918654	7
optimal_loci_60386_G1	1064	0,829609	0	4128	60,99	3	10,80570301	0,601	0,478823961	7
optimal_loci_60387_G1	1325	0,735036	3,7	2770	54,49	3	10,80570301	0,489	0,478809343	7
optimal_loci_60395_G1	1254	0,624604	6,14	1356	39,31	3	5,510365247	0,139	0,476989817	6
optimal_loci_60152_G1	1041	0,66594	0	8552	43,32	1	2,389457168	0,303	0,474341572	5
optimal_loci_60846_G1	1070	0,243855	0	1001	40,84	3	8,114803582	0,095	0,448465296	1
optimal_loci_61010_G1	1068	0150746	0	5282	48,22	1	20,14093739	0,507	0,436758009	2
optimal_loci_61011_G1	1579	0,150746	7,09	6383	50,79	1	20,14093739	0,585	0,436740657	2
optimal_loci_61414_G1	1640	0,165968	23,48	4348	32,86	1	1,472908897	0,112	0,415993337	2
optimal_loci_61423_G1	1766	0,174537	22,34	3512	41,16	3	1,310246639	0,231	0,415715145	5
optimal_loci_61498_G1	1282	0,1718	8,03	7131	42,35	1	181,2765866	0,477	0,410592906	6
optimal_loci_61500_G1	1179	0,1718	0	5528	55,64	1	181,2765866	0,616	0,410575651	6
optimal_loci_61504_G1	1539	0,1718	0	1001	43,07	1	181,2765866	0,472	0,410526921	6

optimal_loci_61579_G1	2254	0,225947	0	5555	47,33	1	7,763170904	0,291	0,407631163	6
optimal_loci_61582_G1	1049	0,225947	19,54	2001	38,51	1	7,763170904	0,108	0,407520205	6
optimal_loci_61639_G1	1208	0,089137	21,85	2578	42,46	2	9,549194798	0,346	0,40319324	4
optimal_loci_61743_G1	2058	0,020553	0	6434	50,38	2	0,408172136	0,489	0,399331453	2
optimal_loci_61934_G1	1329	0,29354	2,11	15574	43,49	1	0,042964074	0,315	0,388682433	1
optimal_loci_62343_G1	1171	0,060213	15,03	16533	36,72	1	37,01180236	0	0,367727008	4
optimal_loci_62346_G1	1743	0,060213	0	2085	48,02	2	19,44962092	0,567	0,367483423	4
optimal_loci_62347_G1	1032	0,060213	0	1001	45,83	2	19,44962092	0,212	0,367456814	4
optimal_loci_62420_G1	1000	0,060213	25,7	10812	32,2	1	24,92560473	0,112	0,364359645	4
optimal_loci_62519_G1	1765	0,062732	6,12	1001	55,18	3	4,351212408	0,422	0,357206136	2
optimal_loci_62533_G1	1002	0,062732	0	2149	40,11	4	3,26780254	0,092	0,357061087	2
optimal_loci_62665_G1	1114	0,908022	34,65	2766	41,65	2	31,20642875	0,054	0,34692803	4
optimal_loci_62668_G1	1295	0,908022	0	10540	41,54	2	31,20642875	0,412	0,3468424	4
optimal_loci_62707_G1	1144	0,91196	0	3201	64,16	2	8,60997208	0,586	0,34467225	4
optimal_loci_62708_G1	1675	0,91196	0	4378	60	2	8,60997208	0,48	0,344653864	4
optimal_loci_62911_G1	1561	1446414	0	16387	37,15	1	36,99848904	0,195	0,334381302	4
optimal_loci_62916_G1	1803	1,446414	1,61	3730	37,27	2	18,49924452	0,174	0,334245059	4
optimal_loci_62920_G1	1058	1,446414	38,19	2207	32,51	3	12,37256848	0,089	0,334105479	4
optimal_loci_62922_G1	1217	1446414	0	17069	48,8	1	0,11921639	0,439	0,33375817	4
optimal_loci_6301061	1578	0,355447	5,7	16937	43,53	1	0,212678551	0,368	0,327311141	2
optimal_loci_63068_G1	2511	0,230249	18,76	3733	42,29	1	3,934653932	0,211	0,32486901	2
optimal_loci_63195_G1	1098	0,633987	18,12	17737	37,34	1	2,299679245	0,232	0,316762347	1
optimal_loci_63393_G1	1324	0,379011	22,73	1001	42,82	1	15,16130782	0,206	0,303606577	3
optimal_loci_63429_G1	1294	0,341812	0	3964	37,17	1	11,67543858	0,1	0,301012239	3
optimal_loci_63432_G1	2150	0,341812	0	7276	44,04	1	11,67543858	0,288	0,300967374	3
optimal_loci_64279_G1	1151	0043322	0	2785	41	2	0,138593898	0,169	0,238686792	1
optimal_loci_64364_G1	1987	0,113114	0	1001	46,35	2	1,663704877	0,406	0,232390764	1
optimal_loci_64459_G1	1214	0,262699	35,09	2154	41,1	1	0,524037974	0,238	0,226087772	4
optimal_loci_64542_G1	1330	0,3038	0	1006	61,2	1	0,715489091	0,623	0,222765931	6
optimal_loci_64548_G1	2584	0,301896	0	5119	40,82	1	0,715489091	0,297	0,222657169	6
optimal_loci_64549_G1	1534	0,301896	0	7770	39,11	1	0,715489091	0,198	0,222639935	6
optimal_loci_64601_G1	1155	0,307976	19,65	3356	43,72	2	1,994071778	0,292	0,219961658	5
optimal_loci_64643_G1	1009	0,298863	2,97	2261	38,55	1	3,428961566	0,118	0,217672939	5
optimal_loci_64718_G1	1001	0,29993	12,99	5147	38,86	1	57,30804893	0,01	0,211157578	2
optimal_loci_64722_G1	1195	0,29993	0	1340	37,07	1	57,30804893	0,156	0,211047234	2

optimal_loci_65456_G1	2080	0,212068	32,74	6538	35,76	1	0,36554036	0,156	0,157810883	1
optimal_loci_66070_G1	1261	0,08838	0	3471	38,38	1	2,331633188	0,209	0,110458116	1
optimal_loci_66202_G1	1105	0,001621	21,18	7199	34,38	1	570,0691809	0,217	0,101346512	1
optimal_loci_72631_G1	1154	0,095364	23,22	1001	37,78	1	0,620692925	0,156	0,229969623	1
optimal_loci_72780_G1	1101	0,211837	14,99	2149	37,05	2	21,05567121	0,329	0,235203358	3
optimal_loci_72781_G1	1084	0,211837	0	3369	36,16	2	21,05567121	0	0,235211927	3
optimal_loci_72848_G1	1615	0,216185	7,37	2208	35,78	1	2,955888264	0,121	0,238005621	3
optimal_loci_73221_G1	1417	0,136835	2,54	6827	44,88	2	2,314418708	0,329	0,257333006	1
optimal_loci_74607_G1	1003	0,527827	0	2624	46,95	3	5,324750317	0,351	0,315660566	1
optimal_loci_75292_G1	1087	0,273015	1408	3341	41,58	2	3,411811943	0,257	0,33953596	5
optimal_loci_75335_G1	1914	0,370377	4,75	5148	33,17	2	4,021732259	0,119	0,341028506	5
optimal_loci_75336_G1	1585	0,370377	0	3493	37,79	2	4,021732259	0,225	0,341042441	5
optimal_loci_75365_G1	1609	0,43707	12	7988	46,36	2	1,392626699	0,477	0,342012997	5
optimal_loci_75406_G1	1033	0,441903	0	2332	39,49	1	9,042942286	0,251	0,342940778	5
optimal_loci_75644_G1	1477	0,323534	0	1672	51,65	1	9780469832	0,527	0,351884102	1
optimal_loci_76564_G1	2912	0,220784	0	5326	33,03	1	0,771893338	0,153	0,394009658	1
optimal_loci_76728_G1	1437	0,354409	0	3503	41,19	1	0,067250271	0,094	0,400231025	4
optimal_loci_76729_G1	1039	0,354409	0	1315	38,11	1	0,067250271	0,126	0,400283502	4
optimal_loci_76733_G1	1345	0,354409	15,39	5410	40,29	1	0,067250271	0,169	0,400312265	4
optimal_loci_76739_G1	1174	0,335078	30,83	19784	46,67	1	2,546029973	0,386	0,400462522	4
optimal_loci_77426_G1	1018	0,053786	1798	13675	41,94	1	2,419882565	0,137	0,429997469	2
optimal_loci_77444_G1	1046	0,046849	21,7	8628	36,23	2	8,36328374	0	0,430375929	2
optimal_loci_77581_G1	1960	0,107655	6,63	10853	38,06	1	18,39136289	0,052	0,437082107	3
optimal_loci_77595_G1	2466	0,147621	18,9	8002	40,59	1	18,39136289	0,136	0,437374664	3
optimal_loci_77617_G1	1120	0,270816	0	1001	39,01	3	14,89693922	0,201	0,439621187	3
optimal_loci_77899_G1	1374	0,174429	37,26	14398	38,35	2	15,27114915	0,199	0,45136341	1
optimal_loci_78701_G1	1094	1,158249	39,12	6418	37,93	2	2,105190329	0,003	0,483630562	3
optimal_loci_78754_G1	1006	1,022099	15,11	2001	43,33	2	3,064378014	0,298	0,485518502	3
optimal_loci_78771_G1	1005	1,000883	0	4682	42,58	2	12,38342965	0,219	0,486292794	3
optimal_loci_79826_G1	1524	0,531361	0	10718	42,78	2	42,67109101	0,328	0,530368446	3
optimal_loci_79832_G1	1040	0,531361	0	1001	33,07	2	42,67109101	0,217	0,530510521	3
optimal_loci_79861_G1	2898	0,867296	25,81	1001	33,98	1	15,08917488	0,087	0,532378549	3
optimal_loci_80142_G1	3506	0,444441	21,02	2519	50,28	1	0,034628146	0,444	0,546395096	1
optimal_loci_80265_G1	2563	0,280857	23,14	6374	35,31	3	0,55274231	0,156	0,552279114	6
optimal_loci_80271_G1	1425	0,282972	32,63	9700	35,71	1	12,95031067	0,184	0,552574017	6

optimal_loci_80282_G1	1037	0,282972	6,75	2307	40,79	2	7,749850619	0,185	0352935711	6
optimal_loci_80300_G1	1200	0,280402	16,5	1663	35,75	3	0,292572339	0,057	0,553188898	6
optimal_loci_80375_G1	1086	0,27258	0	8214	39,59	1	4,347192074	0,255	0355365589	6
optimal_loci_80379_G1	1772	0,27258	16,82	5333	56,43	1	4,347192074	0,611	0,555381007	6
optimal_loci_80524_G1	1101	0,229017	38,51	9069	3736	2	25,19927316	0,199	0360230086	4
optimal_loci_80564_G1	1465	0,306843	39,18	2004	39,18	3	6,450586453	0,26	0560911408	4
optimal_loci_80591_G1	1964	0,324387	0	5833	47,14	1	0,084283601	0,273	0,56123001	4
optimal_loci_80592_G1	1196	0,322676	0	3919	40,63	1	0,084283601	0,194	0,561248848	4
optimal_loci_80792_G1	1074	1,358911	3,54	13605	42,08	1	0,46401909	0,353	0,568808359	2
optimal_loci_80795_G1	1341	1,358911	0	6447	4481	1	046401909	0,19	0,56899807	2
optimal_loci_80882_G1	1603	0,762472	0	5895	34,12	3	2,307557167	0,201	0,573541325	1
optimal_loci_81004_G1	1046	3,217338	6,41	6719	53,34	1	12,11621969	0,722	0,578886847	3
optimal_loci_81035_G1	1105	2,13142	0	1848	40,45	1	21,33850973	0,104	0379971333	3
optimal_loci_81064_G1	1641	2,073291	23,77	1542	33,94	1	1505375619	0,235	0,581187125	3
optimal_loci_81339_G1	1086	0,81191	0	8853	3885	1	0693298688	0,099	0390732589	1
optimal_loci_81521_G1	2012	0,465219	4,62	3462	33,79	2	6,166519574	0,043	0,595244095	4
optimal_loci_81527_G1	1046	0,465219	0	1990	49,71	1	12,33303915	0,535	0,595359127	4
optimal_loci_81594_G1	1625	0,759473	31,32	5005	35,38	3	7,589845294	0	0397899662	8
optimal_loci_81602_G1	1336	0,759473	0	15830	48,8	2	5,932192909	0,588	0,597975697	8
optimal_loci_81625_G1	1370	0,863975	2,63	3545	33,57	1	0,043143423	0,163	0,598976695	6
optimal_loci_81629_G1	1424	0,863975	0	1705	44,38	1	0,043143423	0,385	0399033428	6
optimal_loci_81630_G1	2059	0,863975	3,59	3415	51,18	1	0,043143423	0,476	0,599045439	6
optimal_loci_81613_G1	1203	0,521485	1155	11171	37,24	2	0,069341888	0,19	0,600417593	10
optimal_loci_81773_G1	1645	0,245818	28,94	1490	46,2	1	2,815875433	0,312	0,602865761	6
optimal_loci_81774_G1	1249	0,245818	0	3282	34,82	1	2,815875433	0,081	0,602878348	6
optimal_loci_81775_G1	1833	0,245818	33,01	4564	38,02	1	2,815875433	0,271	0,602887353	6
optimal_loci_81803_G1	1075	0,180336	0	1985	31,72	1	2,004374813	0,171	0,603827088	7
optimal_loci_81833_G1	1174	0,184792	6,56	13362	42,75	1	60,64609925	0,208	0,605105858	8
optimal_loci_81871_G1	1713	0,295723	11,85	5888	56,21	1	8,306698442	0,595	0,60705693	6
optimal_loci_81882_G1	1395	0,39234	2,87	1101	43,65	1	1,505133326	0,198	0,607409156	5
optimal_loci_81887_G1	1280	0,389163	0	14788	42,26	1	1,505133326	0,184	0,607505294	5
optimal_loci_81941_G1	2606	0,421443	6,22	2430	43,93	2	0,353018069	0,472	0,609111909	5
optimal_loci_81992_G1	1321	1465365	0	3782	38,45	1	61,58131348	0,124	0,6120573	2
optimal_loci_82147_G1	1466	0,913901	19,3	1687	61,32	2	0,593551887	0,828	0,617787302	3
optimal_loci_82184_G1	1611	0,114827	0	1147	43,51	1	2,374861876	0,23	0,619344834	4

optimal_loci_82185_G1	1802	0,114827	0	3002	33,9	1	2,374861876	0,222	0,619357863	4
optimal_loci_82253_G1	1861	0,367807	14,78	4231	42,34	3	24,71939846	0,504	0,621551939	8
optimal_loci_82315_G1	1317	0,591994	18,45	4406	59,68	2	12,05657654	0,616	0,624115877	7
optimal_loci_82317_G1	1362	0,591994	0	2595	47,94	2	12,05657654	0,439	0,624128281	7
optimal_loci_82331_G1	1070	0,6583	0	4950	31,02	1	5,137654584	0,119	0,624522117	7
optimal_loci_82335_G1	1548	0,6583	0	2001	38,5	1	5,137654584	0,092	0,624539474	7
optimal_loci_82339_G1	1259	0,664743	24,38	8423	36,06	1	5,137654584	0,034	0,624630575	8
optimal_loci_82404_G1	1517	0,958667	9,1	17906	41,92	1	68,21290415	0,286	0,627105091	9
optimal_loci_82425_G1	1318	0,904861	27,16	9448	34,67	2	33,25438587	0	0,628063432	5
optimal_loci_82430_G1	1171	0,821632	0	2001	54,31	1	62,27839978	0,807	0,628232224	4
optimal_loci_82417_G1	1479	1,149908	0	4291	51,52	1	2,321872031	0,489	0,630056607	4
optimal_loci_82562_G1	1365	0,964232	0	19263	46,44	1	0,115192164	0,42	0,633642819	10
optimal_loci_82516_G1	1276	0,926744	2,59	2529	4E39	2	2,203966447	0,349	0,634008264	11
optimal_loci_82579_G1	1029	0,926744	0	4864	32,94	1	4,392706201	0,136	0,634078736	11
optimal_loci_82590_G1	1249	1,211737	18,73	6821	40,11	2	0,452598027	0,191	0,634330322	11
optimal_loci_82591_G1	1530	1,211737	3,59	5109	45,09	2	0,452598027	0,548	0,634340373	11
optimal_loci_82593_G1	1951	1,211737	0	2048	49,82	2	0,452598027	0,314	0,634358916	11
optimal_loci_82596_G1	1007	1,211737	0	1689	54,51	2	0,452598027	0,528	0,634413402	11
optimal_loci_82622_G1	1677	1,372215	7,81	2870	54,8	3	8,798611899	0,586	0,635829526	12
optimal_loci_82628_G1	1010	1,372215	5,74	5555	53,06	2	4,539368733	0,639	0,635986765	12
optimal_loci_82662_G1	2132	1,395429	3,56	2235	39,11	2	19,56689799	0,154	0,637090665	19
optimal_loci_82665_G1	1757	1,395429	0	2001	47,41	2	0,501135211	0,552	0,637291362	18
optimal_loci_82708_G1	1461	2,45223	3,15	3898	47,02	1	0,082048066	0,231	0,63917695	14
optimal_loci_82738_G1	1036	2,682853	26,25	3336	44,01	2	0,129946436	0,184	0,639647678	14
optimal_loci_82739_G1	2486	2,682853	1,77	1016	39,5	2	0,129946436	0,142	0,639703624	14
optimal_loci_82142_G1	1307	2,65809	2,91	4070	50,42	2	0,129946436	0,601	0,639772459	14
optimal_loci_82750_G1	3165	2,657429	14,28	2021	47,45	2	0,396643696	0,405	0,640134463	14
optimal_loci_82751_G1	1124	2,657429	0	7805	35,14	2	0,396643696	0,107	0,640175089	14
optimal_loci_82773_G1	1477	2,657429	0	12318	46,58	1	0,229040038	0,326	0,640373497	14
optimal_loci_82774_G1	1035	2,657429	7,15	13857	46,18	1	0,229040038	0,429	0,640384306	14
optimal_loci_82804_G1	1614	2,569516	0	1675	58,05	3	16,50467876	0,601	0,642443205	13
optimal_loci_82808_G1	1683	2,51687	6,36	2001	54,07	4	12,46982241	0,408	0,642545594	13
optimal_loci_82810_G1	2798	2,488398	11,97	2001	59,04	2	16,30058404	0,543	0,642706865	12
optimal_loci_82821_G1	1109	2,397035	0	3594	49,77	2	0,456900746	0,456	0,643123887	12
optimal_loci_82871_G1	1596	1,801366	10,9	2001	50,43	1	1,059336159	0,472	0,645059893	6

optimal_loci_82929_G1	1085	1,056971	26,91	4343	47,28	1	1,322952263	0,455	0,646873506	2
optimal_loci_83027_G1	1188	1,547525	23,74	5629	52,69	2	4,149400251	0,541	0,650802089	3
optimal_loci_83029_G1	1316	1,547525	0	3038	42,09	2	4,149400251	0,46	0,650819389	3
optimal_loci_83082_G1	1303	1,048143	0	2001	48,34	2	2,885339313	0,525	0,653858755	3
optimal_loci_83168_G1	1122	1,337105	27,54	8916	56,14	2	4,508065677	0,417	0,657978258	6
optimal_loci_83171_G1	1154	1,61711	27,56	9547	38,21	2	2,765199131	0,126	0,658100784	6
optimal_loci_83175_G1	2475	1,61711	18,83	4318	50,14	3	16,2057168	0,343	0,658128234	6
optimal_loci_83182_G1	1007	1,600375	25,22	4028	46,97	3	16,2057168	0,478	0,658299964	6
optimal_loci_83243_G1	1166	1,813988	0	2001	37,9	3	0,287424547	0,152	0,661056585	9
optimal_loci_83244_G1	1140	1,813988	31,49	2001	52,01	2	0,431136821	0,425	0,661136771	9
optimal_loci_83327_G1	1318	1,557795	35,96	1343	43,85	4	2,541765292	0,292	0,663782925	8
optimal_loci_83338_G1	1083	1,557795	16,34	3715	47,55	3	69,2761174	0,506	0,663869545	8
optimal_loci_83342_G1	1189	1,322586	17,41	1288	38,18	3	69,2761174	0,13	0,663961412	8
optimal_loci_83359_G1	1408	1,27797	0	1748	46,8	2	16,80514131	0,399	0,664693855	7
optimal_loci_83392_G1	2237	1,53744	13,95	2624	36,65	3	70,21294953	0,13	0,66583914	8
optimal_loci_83402_G1	1469	1,369757	0	1001	43,09	5	0,317954935	0,265	0,666393391	8
optimal_loci_83471_G1	1288	1,504483	0	15347	44,56	2	0,341393827	0,433	0,667548278	5
optimal_loci_83489_G1	1435	1,021454	13,87	3687	52,61	2	0,638262375	0,52	0,668309736	4
optimal_loci_83584_G1	1150	0,654857	15,3	15134	34,86	2	4,14295712	0,178	0,672186939	3
optimal_loci_83639_G1	1305	1,024099	4,44	7542	50,49	4	9,012114771	0,321	0,675452267	9
optimal_loci_83642_G1	1190	1,029107	0	10428	39,91	4	9,012114771	0,298	0,675472538	9
optimal_loci_83650_G1	1401	1,001315	0	9056	29,47	1	3,932177444	0,132	0,675880275	9
optimal_loci_83671_G1	2032	1,097556	0	7537	39,76	2	5185228115	0,281	0,676454861	11
optimal_loci_83691_G1	1452	1,097556	0	18291	51,72	1	16,28147624	0,527	0,677185778	11
optimal_loci_83701_G1	1951	1,097556	8,97	5954	51,2	1	16,28147624	0,337	0,677268928	11
optimal_loci_83705_G1	1349	1,097556	0	2038	39,28	2	9,564685099	0,256	0,671346705	11
optimal_loci_83708_G1	2713	1,097556	0	1001	49,24	3	8,110177109	0,466	0,677465073	11
optimal_loci_83735_G1	1381	1,08007	0	1001	40,47	1	15,1238849	0,19	0,679051993	9
optimal_loci_83739_G1	1266	1,076307	28,12	11693	33,49	1	1,486389794	0,127	0,679416518	8
optimal_loci_83748_G1	1549	1,082664	6,46	4132	36,79	1	1,486389794	0,187	0,679474663	8
optimal_loci_83838_G1	3351	2,221731	2,54	1001	43,39	2	1,344032019	0,292	0,684344484	3
optimal_loci_83889_G1	3245	3,049467	1,45	3322	50,5	4	10,25521947	0,524	0,686510829	5
optimal_loci_83890_G1	1464	3,049467	9,08	6676	38,72	3	13,42341371	0,181	0,686534387	5
optimal_loci_83937_G1	2241	1,934145	13,92	2974	53,36	1	0,024284288	0,512	0,688680186	4
optimal_loci_83950_G1	1164	1,798398	2,75	16319	48,28	1	9,904671615	0,484	0,689069843	4

optimal_loci_84193_G1	1645	0,671661	0	3870	45,41	3	12,71895587	0,544	0,700926564	6
optimal_loci_84195_G1	1213	0,671661	0	6941	52,18	3	12,71895587	0,62	0,700948135	6
optimal_loci_84200_G1	1309	0,671661	13,9	4055	50,87	3	12,71895587	0,489	0,700974082	6
optimal_loci_84201_G1	1653	0,671661	0	2369	60,37	3	12,71895587	0,41	0,70083508	6
optimal_loci_84227_G1	1343	0,522907	2,08	3496	47,43	2	0,117912108	0,272	0,701830877	6
optimal_loci_84300_G1	100	0,135331	0	2570	42,38	1	8,897749882	0,225	0,703815173	6
optimal_loci_84411_G1	1097	1,550632	21,57	3179	41,84	4	11,35247296	0,294	0,708274153	2
optimal_loci_84433_G1	3251	1,249915	36,08	4777	36,11	2	0,350700835	0,029	0,709016324	3
optimal_loci_84502_G1	1365	0,659103	0	1327	41,53	4	0,991178407	0,285	0,712550594	5
optimal_loci_84519_G1	1015	0,185577	13,99	1115	42,26	1	28,57665239	0,11	0,713101086	4
optimal_loci_84521_G1	2299	0,052863	0	15717	46,45	1	28,57665239	0,425	0,713203651	4
optimal_loci_84562_G1	1074	0,048891	23,84	1619	39,75	2	8,684408378	0,223	0,714371238	5
optimal_loci_84630_G1	1561	0,342027	6,09	2645	45,8	3	0,028469586	0,307	0,716749208	4
optimal_loci_84708_G1	1407	0,686497	0	2001	54,72	1	6,18230174	0,581	0,719552419	3
optimal_loci_84721_G1	1601	0,036537	11,12	7407	54,65	2	124,4424985	0,476	0,72001644	3
optimal_loci_84852_G1	1249	0,774525	0	2001	34,5	1	0,08957153	0	0,725275819	2
optimal_loci_84860_G1	1287	0,802195	4,04	1442	35,43	2	81,52330742	0,103	0,725731136	2
optimal_loci_84952_G1	2376	0,759116	26,77	7898	44,14	2	16,92609664	0,298	0,730546115	7
optimal_loci_84976_G1	2355	0,721081	4,63	3189	39,74	2	6,108550255	0,225	0,73133805	7
optimal_loci_84980_G1	1437	1,900563	9,81	2005	39,87	1	0,751166042	0,199	0,731634562	8
optimal_loci_84983_G1	1859	1,900563	0	5011	38,35	1	0,751166042	0,163	0,731655676	9
optimal_loci_84984_G1	3137	1,900563	0	7480	40,99	1	0,751166042	0,067	0,731673018	9
optimal_loci_85008_G1	1014	1,873361	0	2001	40,72	5	7,546109899	0,28	0,733787855	9
optimal_loci_85014_G1	1029	1,873361	0	1001	40,71	6	6,288424916	0,287	0,733854155	9
optimal_loci_85047_G1	1098	2,117557	8,47	2977	43,8	1	8,657201424	0,36	0,735048264	7
optimal_loci_85048_G1	1884	2,193398	25,21	18191	43,52	1	3,198457741	0,291	0,735179241	6
optimal_loci_85384_G1	1402	0,256766	3,42	2980	44,07	2	4,020391698	0,379	0,754724166	2
optimal_loci_85388_G1	1038	0,285582	35,07	3480	33,42	2	15,56875499	0,134	0,755017271	2
optimal_loci_85488_G1	1149	0,524632	0	2502	39,86	1	2,214837968	0,178	0,760090501	2
optimal_loci_85558_G1	1082	0,44152	0	2001	38,81	4	8,197937511	0,287	0,762446458	5
optimal_loci_85595_G1	1162	0,540193	26,25	2001	34,59	3	3,887895567	0,101	0,764806265	5
optimal_loci_85599_G1	1030	0,538448	7,18	3140	33,98	5	10,0081613	0,082	0,764975045	5
optimal_loci_85600_G1	1565	0,538448	0	5510	47,15	4	11,43836096	0,39	0,764991692	5
optimal_loci_85651_G1	1878	0,530569	9,42	2159	36,36	1	2,991803332	0,254	0,767054046	6
optimal_loci_85720_G1	1726	0,215523	7,65	6388	31,17	1	1,602431615	0,132	0,76860914	3

optimal_loci_85742_G1	2230	0,17068	0	12630	46,77	3	53,57748885	0,353	0,769536688	3
optimal_loci_85833_G1	1227	0,105989	0	2111	52,64	4	4,630873727	0,547	0,773161216	1
optimal_loci_85950_G1	1017	2,26771	2,95	2603	45,91	2	26,01360757	0,561	0,780205144	3
optimal_loci_85971_G1	1561	2,26771	0	2768	42,79	5	18,45458198	0,345	0,781305138	4
optimal_loci_85987_G1	1107	0154578	6,78	1001	62,87	2	25,72255991	0,608	0,782081551	4
optimal_loci_86058_G1	1080	0,336656	22,41	16742	48,24	1	24,68027051	0,205	0,784572798	4
optimal_loci_86108_G1	1508	0,204868	8,75	1447	58,88	2	69,60766525	0,578	0,786158945	2
optimal_loci_86203_G1	1112	1,841541	0	2001	49,64	4	0,248704055	0,306	0,790409593	4
optimal_loci_86235_G1	1290	1,902968	10,08	6327	50,46	3	15,56845767	0,571	0,791400632	4
optimal_loci_86326_G1	1931	2,102728	2,02	2919	42,51	1	30,81380457	0,199	0,793666021	6
optimal_loci_86328_G1	1014	2,102728	8,58	1540	41,71	1	30,81380457	0,093	0,793682148	6
optimal_loci_86389_G1	1204	1,474655	2,82	2728	53,32	2	6,890812982	0,602	0,795614095	6
optimal_loci_86403_G1	1197	1,304148	0	8185	47,2	2	9,999407553	0,651	0,796280989	7
optimal_loci_86453_G1	1476	1,860015	2,03	2652	39,76	4	10,20509395	0,143	0,797358387	5
optimal_loci_86465_G1	1062	1,835867	17,61	3590	38,32	3	0,840604054	0,221	0,198211875	5
optimal_loci_86505_G1	1903	1,962831	1,47	1412	50,39	2	40,98072025	0,521	0,799624199	5
optimal_loci_86657_G1	1648	4,302462	2,37	1001	52,06	1	0,102628809	0,611	0,802424635	7
optimal_loci_86638_G1	1277	2,833247	6,19	1001	51,68	3	1,850414474	0,458	0,80360391	6
optimal_loci_86692_G1	1400	2,891595	28,21	1001	34,85	4	3,87894362	0,156	0,803693585	6
optimal_loci_86702_G1	1367	2,68791	14,19	4230	47,69	2	2,03580737	0,402	0,804446074	8
optimal_loci_86705_G1	1127	2,68791	0	7737	33,89	2	2,03580737	0,116	0,804470708	8
optimal_loci_86713_G1	1202	2,68791	27,12	1212	50,66	3	270,1361783	0,524	0,804782243	8
optimal_loci_86764_G1	1012	1,192267	5,24	6254	52,47	2	3,736518746	0,496	0,807251372	5
optimal_loci_86770_G1	1781	1,192267	9,83	1221	56,31	1	7,473037491	0,586	0,807391789	5
optimal_loci_86959_G1	1125	1,347902	0	3413	36,88	1	47,49057092	0,111	0,813622266	6
optimal_loci_86985_G1	1667	1,50466	9,84	6940	46,19	2	5,173485636	0,364	0,814318352	6
optimal_loci_86996_G1	1464	1,369816	0	13057	56,14	1	7,303676816	0,643	0,814512776	6
optimal_loci_86998_G1	1817	1,363365	0	15069	49,31	1	7,303676816	0,428	0,814526909	6
optimal_loci_87009_G1	1013	1,290087	0	19745	37,7	1	20,4725122	0,159	0,814950864	7
optimal_loci_87027_G1	1035	1,121851	36,91	9973	36,52	3	8,913720419	0,243	0,815865867	8
optimal_loci_87098_G1	2371	0,90211	17,55	2001	45,84	2	1,344209394	0,499	0,818201406	7
optimal_loci_87130_G1	1181	0,893715	0	8413	42,67	1	9,539303345	0,204	0,818613448	7
optimal_loci_87177_G1	1091	1,012629	28,14	5361	35,1	1	41,59911262	0,098	0,82021325	6
optimal_loci_87183_G1	1586	1,012629	7,31	1010	48,61	4	35,93989433	0,321	0,820305791	6
optimal_loci_87190_G1	2852	1,012629	9,26	1001	51,26	6	27,8916882	0,449	0,820453696	6

optimal_loci_87230_G1	1094	1,08565	0	2001	56,58	4	7,470672994	0,711	0,82209817	5
optimal_loci_87332_G1	1222	1,18849	0	3155	32,56	2	15,66537482	0,115	0,826566127	5
optimal_loci_87345_G1	2437	1,266821	1,4	4006	47,02	2	0,024511781	0,414	0,826812522	5
optimal_loci_87353_G1	1425	1,388246	0	15631	39,36	1	1,094216667	0,099	0,827153362	5
optimal_loci_87354_G1	1006	1,388246	0	14562	43,63	1	1,094216667	0,205	0,827163814	5
optimal_loci_87395_G1	1672	1,759951	0	1001	44,25	4	16,43946296	0,361	0,829502956	7
optimal_loci_87433_G1	1203	0,725128	0	1449	47,54	7	3,626615983	0,412	0,832144854	3
optimal_loci_87446_G1	1693	0,725128	9,16	2310	39,16	3	9,204188115	0,155	0,832434018	3
optimal_loci_87547_G1	2166	1,563942	35,04	2427	39,75	4	21,34866467	0,214	0,836616274	3
optimal_loci_87548_G1	1244	1,563942	0	2920	53,53	4	21,34866467	0,386	0,836637577	3
optimal_loci_87554_G1	1436	1,563942	5,57	2840	31,12	5	17,07893173	0,016	0,836696326	3
optimal_loci_87703_G1	1809	1,961675	7,85	1234	50,08	1	18,4295397	0,346	0,843960414	1
optimal_loci_87837_G1	1344	1,197831	0	5421	38,02	2	1,551540488	0,27	0,851966019	3
optimal_loci_87838_G1	1016	1,197831	27,17	4226	38,28	2	1,551540488	0,069	0,851976717	3
optimal_loci_87839_G1	1701	1,197831	0	2492	44,26	2	1,551540488	0,207	0,851984085	3
optimal_loci_87921_G1	1118	3,25338	29,79	2520	36,04	4	8,571376858	0	0,855955726	1
optimal_loci_88032_G1	1143	2,884469	32,11	3959	38,05	3	2,498140545	0,102	0,859916444	2
optimal_loci_88072_G1	1235	2,095163	3,48	3248	38,62	1	1,6124360	0,096	0,862289062	2
optimal_loci_88369_G1	1128	2,611449	36,26	4641	33,95	2	3,458568121	0	0,872733213	1
optimal_loci_88529_G1	1442	2,348597	0	2067	41,19	1	11,45554116	0,28	0,878707869	3
optimal_loci_88592_G1	1083	2,481125	13,3	13318	36,65	1	0,84705245	0,024	0,880533746	3
optimal_loci_88611_G1	1022	2,482981	25,24	2008	39,62	1	2,643203904	0,364	0,881139334	3
optimal_loci_88802_G1	1263	1,077159	0	1559	44,97	1	60,41854779	0,413	0,885935594	1
optimal_loci_89030_G1	1132	2,617259	20,14	4749	40,37	2	26,40137481	0,238	0,895940491	6
optimal_loci_89040_G1	1573	2,603599	7,5	2017	42,65	3	17,6091654	0,141	0,896031038	6
optimal_loci_89054_G1	2721	2,984412	0	13438	30,72	2	7,159012921	0,149	0,89638195	6
optimal_loci_89114_G1	1007	3,693577	0	2846	43,99	3	2,485318477	0,18	0,898678913	9
optimal_loci_89116_G1	1671	3,693577	15,02	1040	43,38	3	2,485318477	0,152	0,898727884	9
optimal_loci_89120_G1	1001	3,161579	0	2001	30,36	3	0,138323	0	0,898875704	9
optimal_loci_89225_G1	1026	3,391541	28,17	3720	43,17	1	11,7832491	0,257	0,90096319	8
optimal_loci_89229_G1	2716	3,791541	15,1	7053	41,56	1	11,7832491	0,251	0,900986601	8
optimal_loci_89230_G1	1339	3,791541	0	10077	48,24	1	11,7832491	0,46	0,901007842	8
optimal_loci_89294_G1	1003	2,767074	9,57	12875	47,35	2	0,333939177	0,363	0,903043083	7
optimal_loci_89320_G1	1493	2,591261	0	1001	49,63	4	0,042548743	0,37	0,903957658	7
optimal_loci_89367_G1	1912	1,81778	0	3801	40,89	1	0,517046598	0,14	0,905691366	5

optimal_loci_89386_G1	1175	1,509206	0	4450	38,8	1	3,482425682	0,315	0,9062052	6
optimal_loci_89505_G1	1016	0,161936	0	1001	37,5	3	1,809201126	0	0,909073123	6
optimal_loci_89515_G1	1263	0,142407	18,45	10558	40,61	3	0,474215007	0,33	0,909315578	5
optimal_loci_89535_G1	1452	0,14545	23,69	2313	40,28	1	0,312954528	0,177	0,90984103	4
optimal_loci_89606_G1	1150	0,370485	4,43	12168	40,17	2	1,283570485	0,28	0,911588287	5
optimal_loci_89659_G1	1893	0,33763	15,76	1001	30,53	3	18,87122558	0,095	0,914201533	2
optimal_loci_89795_G1	1323	1,274968	25,17	1001	34,16	2	0,060986176	0,2	0,918973967	2
optimal_loci_89825_G1	1319	1,894018	10,99	6994	43,21	3	3,108866102	0,433	0,92042234	3
optimal_loci_89916_G1	1377	2,698104	5,81	2611	44,51	2	20,1379054	0,384	0,92353037	9
optimal_loci_89921_G1	1058	2,716525	0	6605	42,72	2	20,13790954	0,056	0,923615248	8
optimal_loci_89923_G1	1065	2,729486	1/02	3176	56,43	2	20,13790954	0,463	0,923639285	8
optimal_loci_89937_G1	1070	1884781	14,67	3410	53,08	1	34,91664371	0,729	0,924550685	8
optimal_loci_89953_G1	1915	3548448	0	2915	40,83	2	5,049996849	0,342	0,925187137	8
optimal_loci_89995_G1	1018	3548448	7,66	4840	35,85	1	5,157505072	0,093	0,926403857	8
optimal_loci_90016_G1	1581	3,548448	31,69	2753	36,11	1	6,061646288	0,135	0,926124018	8
optimal_loci_90017_G1	1430	3,548448	35,87	4968	41,6	1	6,061646288	0,346	0,926739576	8
optimal_loci_90267_G1	1232	1,349498	17,05	1001	38,23	4	6,086645335	0,156	0,936846554	1
optimal_loci_90457_G1	1441	1,952695	33,66	2721	49,34	1	0,035363994	0,485	0,940850786	2
optimal_loci_90575_G1	1244	2,441362	0	2001	53,77	2	0,244660782	0,662	0,943404764	2
optimal_loci_90733_G1	1116	1,870238	0	14293	32,88	1	42,40723381	0	0,947906429	2
optimal_loci_90804_G1	2221	3,018455	14,99	3731	37,37	2	0,377507679	0,261	0,949730135	2
optimal_loci_90930_G1	1132	6,280686	20,05	12230	48,49	2	0,053849283	0,358	0,954306248	4
optimal_loci_90949_G1	1006	5,587964	4,57	1309	38,36	3	0,669726461	0,009	0,954766643	4
optimal_loci_91003_G1	1185	5,313728	8,86	3280	38,56	4	5,816485694	0,097	0,956517426	5
optimal_loci_91018_G1	1080	6,041724	1141	2868	48,7	2	0,08082029	0,313	0,956986195	5
optimal_loci_91074_G1	1006	3,872765	0	1964	48,4	1	18,54919225	0,611	0,958820697	3
optimal_loci_91337_G1	1025	5,880001	5,85	1001	41,07	4	10,26254782	0,118	0,967763403	2
optimal_loci_91374_G1	1014	6,506823	13,71	10010	42,8	1	0,177041819	0,429	0,969538728	4
optimal_loci_91432_G1	1349	4,081849	0	2376	52,18	3	5,924057577	0,548	0,971387629	4
optimal_loci_91447_G1	1082	3,815219	19,96	6758	39,92	1	6,631383893	0,356	0,972097363	5
optimal_loci_91493_G1	1831	3,886717	10,16	2184	38,39	1	1,942544638	0,195	0,974200695	4
optimal_loci_91512_G1	1077	4,238125	0	3200	59,14	3	1,178659308	0,726	0,975532847	3
optimal_loci_92289_G1	1793	3,996078	29,5	8560	33,24	1	3,13304653	0,221	0,989022528	4
optimal_loci_92364_G1	1017	4,101608	9,73	10471	45,52	3	2,593329365	0,153	0,986571815	4
optimal_loci_92390_G1	2735	4,882398	14,55	3470	38,68	4	13,57047167	0,236	0,984320181	4

optimal_loci_92391_G1	2056	4,908309	0	1381	44,06	4	1357047167	0,283	0,984299228	4
optimal_loci_92455_G1	1647	7,100221	1,82	2548	52,45	4	5,663576615	0,582	0,978418716	5
optimal_loci_92543_G1	1027	7,964583	0	7079	30,96	2	0,297320817	0,071	0,974078124	8
optimal_loci_92568_G1	3365	7,289776	0	12872	48,35	2	1,508985501	0,431	0,973808124	8
optimal_loci_92573_G1	2002	7,128469	0	1001	60,93	1	2,423329369	0,709	0,973638044	8
optimal_loci_92579_G1	1131	7,232928	0	11631	39,16	1	2,423329369	0	0,973484774	8
optimal_loci_92607_G1	2094	5,415292	0	4118	34,57	5	1,300125005	0,126	0,972370401	8
optimal_loci_92613_G1	1626	5415292	0	3137	48,21	5	1,300125005	0,253	0,972315426	8
optimal_loci_92643_G1	1583	6507184	0	12883	37,52	1	30,42260173	0,143	0,970954473	8
optimal_loci_92714_G1	1509	5,44412	15,24	2812	47,24	3	5,091620723	0,414	0,967751565	8
optimal_loci_92768_G1	1398	7,533335	0	4166	55,36	4	18,45278064	0,544	0,965178044	5
optimal_loci_92769_G1	2097	7,533335	5,01	2001	58,22	4	18,45278064	0,581	0,965156329	5
optimal_loci_92773_G1	2043	7,533335	0	3001	61,23	3	14,98255843	0,707	0,964879298	6
optimal_loci_92791_G1	1753	8,043398	0	2001	55,16	3	2,057370917	0,522	0,964332086	6
optimal_loci_92850_G1	1631	3,440993	0	5757	55,79	1	0,406583997	0,616	0,959996279	3
optimal_loci_92958_G1	2248	10,539975	4	2001	52,13	3	2,95083908	0,635	0,953133601	7
optimal_loci_92959_G1	1203	10,539975	3,16	2001	48,79	3	4,503898924	0,456	0,95281008	7
optimal_loci_92962_G1	1816	10,539975	7,54	2230	46,14	3	4,503898924	0,48	0,952657954	7
optimal_loci_92963_G1	1114	10,539975	25,4	1001	43,08	3	4,503898924	0,343	0,952645627	7
optimal_loci_92974_G1	1460	10,539975	0	1001	36,23	3	0,041836287	0,308	0,95234016	7
optimal_loci_93007_G1	1521	7,480889	23,14	2501	42,93	3	5,976980771	0,247	0,951153701	8
optimal_loci_93017_G1	1377	7,480889	0	1504	51,56	4	4,482735578	0,49	0,95105013	8
optimal_loci_93120_G1	1709	6,39582	0	11936	33,87	2	4,520340744	0,213	0,946338004	6
optimal_loci_93187_G1	2574	8,192837	6,1	2001	43,82	4	21,17224075	0,357	0,943919488	9
optimal_loci_93189_G1	1126	8,192837	2,49	2420	38,45	4	21,17224075	0,062	0,943905266	9
optimal_loci_93248_G1	1719	8,121026	2,79	1699	38,91	4	2,36836902	0,131	0,942081444	9
optimal_loci_93279_G1	1553	7,482869	2,38	3723	49,25	1	2,895684693	0,347	0,941017783	8
optimal_loci_93280_G1	1002	7,482869	10,68	2558	54,69	1	2,895684693	0,515	0,941006098	8
optimal_loci_93296_G1	1670	6,765297	0	6154	50,77	1	16,75181258	0,562	0,940332487	10
optimal_loci_93308_G1	1320	6,765297	0	2001	41,59	3	4,161743516	0,242	0,940018556	10
optimal_loci_93314_G1	2475	6,765297	0	3160	52,52	3	4,161743516	0,422	0,939792558	10
optimal_loci_93409_G1	2228	5,743544	0	4363	47,08	1	14,34804309	0,442	0,935525356	9
optimal_loci_93413_G1	1369	5,748781	19,28	2046	46,67	1	14,34804309	0,623	0,93542663	9
optimal_loci_93433_G1	1630	4,964327	1037	2001	39,5	2	3,759998601	0,198	0,934627081	7
optimal_loci_93463_G1	1635	5,27922	2,81	1001	38,59	1	0,596945696	0,166	0,933287141	7

optimal_loci_93469_G1	1134	5,27922	0	13866	51,85	2	0,298472848	0,287	0,933163129	7
optimal_loci_93486_G1	1164	5,25572	24,48	1001	46,13	2	2,100276392	0,386	0,932372628	11
optimal_loci_93549_G1	1866	5,21642	0	2001	59,75	3	0,10385989	0,113	0,930010632	9
optimal_loci_93575_G1	1159	5,129063	18,21	2169	36,92	1	5,813227482	0,219	0,927698546	6
optimal_loci_93576_G1	1149	5,129063	0	3444	52,74	1	5,813227482	0,716	0,927685858	6
optimal_loci_93581_G1	1240	5,129063	33,63	8768	41,04	1	5,813227482	0,123	0,927631545	6
optimal_loci_93582_G1	1238	5,129063	10,9	10455	39,09	1	5,813227482	0,2	0,927614644	6
optimal_loci_93690_G1	2365	5,789913	3	2796	54,33	3	0,479558801	0,591	0,920311695	5
optimal_loci_93741_G1	1247	5,886068	0	1087	49,87	3	5,471303881	0,336	0,917583751	6
optimal_loci_93761_G1	1354	5,886068	0	11012	36,63	6	0,349433712	0,096	0,916487864	6
optimal_loci_93764_G1	1306	5,886068	21,03	8673	34,53	5	0,419320454	0,048	0,916464403	6
optimal_loci_93765_G1	1506	5,886068	0	4716	34,66	5	0,419320454	0,138	0,916424714	6
optimal_loci_93801_G1	1592	4,919716	18,72	17301	35,42	1	64,17113743	0,117	0,914123852	5
optimal_loci_93934_G1	1324	6,630209	0	2344	43,65	2	0,35503881	0,398	0,908627834	7
optimal_loci_93980_G1	1044	6,99864	18,01	1033	41,85	4	1,204642407	0,239	0,90650656	8
optimal_loci_93986_G1	1002	6,99864	0	2427	42,31	4	1,204642407	0,126	0,906381936	8
optimal_loci_93987_G1	1201	6,99864	14,57	3506	40,63	4	1,204642407	0,26	0,906369117	8
optimal_loci_93998_G1	1385	6,81365	17,55	1840	49,24	2	1,468351871	0,262	0,905351926	8
optimal_loci_94020_G1	1356	6,81365	22,79	3152	42,62	2	8,256710826	0,329	0,90514317	8
optimal_loci_94042_G1	1169	7,066986	0	14995	50,21	2	11,35040419	0,562	0,904073109	9
optimal_loci_94067_G1	1072	3,806593	10,35	4143	41,04	3	24,6794355	0,105	0,901506038	12
optimal_loci_94089_G1	1953	1,721165	0	2238	41,16	1	1,656069974	0,351	0,899618766	11
optimal_loci_94098_G1	1302	1,784235	26,88	5128	39,7	2	45,60650498	0,212	0,899015025	11
optimal_loci_94104_G1	2096	1,784235	0	1110	31,63	2	48,9176243	0,127	0,898897803	11
optimal_loci_94134_G1	1508	3,03801	3,12	2001	48,47	1	21,90083607	0,447	0,89697995	12
optimal_loci_94135_G1	1198	3,105639	0	1001	52,42	1	21,90083607	0,425	0,896836249	12
optimal_loci_94161_G1	1113	4,897769	10,42	18176	32,34	1	1,57270471	0,075	0,895348004	11
optimal_loci_94184_G1	1759	5,094538	0	7994	58,1	1	1,57270471	0,617	0,895045005	13
optimal_loci_94189_G1	2024	5,094538	0	11059	49,65	1	1,57270471	0,575	0,895011605	13
optimal_loci_94193_G1	1450	5,094538	14,48	14642	62,62	1	1,57270471	0,726	0,894981424	13
optimal_loci_94205_G1	1560	4,800464	31,67	4948	50,51	3	0,919781937	0,315	0,894383561	12
optimal_loci_94227_G1	1202	5,417254	9,9	2236	50,83	3	4,435023881	0,456	0,893443541	10
optimal_loci_94271_G1	1882	5,126693	11,26	4697	47,55	2	2,330441357	0,212	0,890171765	13
optimal_loci_94273_G1	1291	5,126693	5,5	8408	40,89	2	2,330441357	0,3	0,890140471	13
optimal_loci_94313_G1	1342	2,949452	0	2001	53,05	1	1,837424622	0,573	0,887562698	9

optimal_loci_94314_G1	2006	2,949452	14,31	1155	45,06	1	1,837424622	0,132	0,887474112	9
optimal_loci_94317_G1	1711	2,949452	6,31	4805	41,61	1	1,837424622	0,27	0,887440461	9
optimal_loci_94324_G1	1074	2,949452	0	12416	37,24	1	1,837424622	0,168	0,887370512	9
optimal_loci_94326_G1	2729	2,949452	10,59	14356	46,86	1	1,837424622	0,279	0,887334453	9
optimal_loci_94358_G1	1196	0,395627	0	1971	43,31	2	1,063206442	0,39	0,885145697	9
optimal_loci_94402_G1	2260	0,076665	0	2823	35	2	13,68002819	0,188	0,883366861	7
optimal_loci_94557_G1	1548	3,346806	0	2001	54,32	5	5,45308408	0,741	0,874353581	10
optimal_loci_94570_G1	1362	3,306159	0	2236	37,88	1	414,455905	0,197	0,813523882	11
optimal_loci_94571_G1	1687	3,306759	17,55	3841	35,56	1	474,455905	0,099	0,813504524	11
optimal_loci_94574_G1	1731	3,306759	0	6607	39,34	1	474,455905	0,202	0,873476339	11
optimal_loci_94602_G1	1034	3,381197	26,89	5064	41,48	1	0,321127918	0,128	0,873240983	11
optimal_loci_94618_G1	1205	3,763484	0	6145	40,58	2	2,795134847	0,182	0,871776489	11
optimal_loci_94627_G1	1077	4,250963	0	13145	46,98	1	5,590269693	0,391	0,8713501	11
optimal_loci_94635_G1	1841	4,250963	3,69	2822	38,07	1	1,31734256	0,237	0,810815157	11
optimal_loci_94640_G1	1963	4,250963	9,42	2139	38,81	1	1,31734256	0,136	0,870738445	11
optimal_loci_94662_G1	1044	3,193717	15,52	4213	43,86	1	5,32091876	0,364	0,869660572	11
optimal_loci_94688_G1	2178	2,970021	0	12666	37,09	2	5,689191879	0,234	0,868717503	11
optimal_loci_94752_G1	1065	1,06929	0	5950	38,4	6	0,818748272	0,227	0,864360491	4
optimal_loci_94779_G1	1363	0,431884	0	3922	57,22	3	9,620412902	0,686	0,862392738	3
optimal_loci_94784_G1	1035	0,366221	0	1068	52,94	3	9,632769842	0,405	0,862319519	3
optimal_loci_94946_G1	1106	0,827231	4,25	2667	38,96	2	2,12019871	0,331	0,850153109	1
optimal_loci_95111_G1	1659	0,375226	11,33	14557	38,33	2	3,329760586	0,091	0,840700752	1
optimal_loci_95244_G1	1025	1,238781	0	2001	44,58	4	32,23821141	0,437	0,833712197	5
optimal_loci_95264_G1	1609	1,609796	26,6	5054	46,86	2	12,38934556	0,418	0,832934473	5
optimal_loci_95297_G1	1674	1,892877	14,34	8710	35,96	1	7,089186664	0,111	0,830809328	8
optimal_loci_95324_G1	1206	2,150173	12,02	16139	39,46	1	33,53686511	0,185	0,829634012	9
optimal_loci_95334_G1	1028	2,150173	23,54	1001	43,77	3	1,950014597	0,341	0,829124313	9
optimal_loci_95359_G1	1096	1,624693	0	11151	32,84	4	9,53021744	0,019	0,827848947	7
optimal_loci_95360_G1	1119	1,624693	30,56	9155	30,65	4	9,53021744	0,075	0,827828927	7
optimal_loci_95371_G1	1065	1,624693	0	3639	40	4	9,53021744	0,063	0,827571184	7
optimal_loci_95425_G1	1002	2,119723	0	5514	50,09	2	91,61850376	0,32	0,825054303	6
optimal_loci_95526_G1	1200	1,894349	0	12710	46	2	5,664797499	0,333	0,819021424	1
optimal_loci_95651_G1	2457	0,500424	2,16	4796	40,98	1	8,793879726	0,244	0,813041515	3
optimal_loci_95734_G1	1385	0,999496	11,12	2195	39,92	2	12,24664446	0,183	0,809482999	5
optimal_loci_95748_G1	1653	1,169318	36,6	1001	36,29	3	0,03642109	0,119	0,808473862	5

optimal_loci_95783_G1	1421	1,750163	0	1001	50,52	2	22,35103934	0,494	0,804768004	7
optimal_loci_95784_G1	1336	1,750163	5,01	7019	42,44	2	22,35103934	0,257	0,804708495	7
optimal_loci_95846_G1	1750	0,882787	1,89	1425	54,74	2	22,37561353	0,564	0,801808415	5
optimal_loci_95864_G1	1776	0,447218	0	13383	39,92	1	302,8164291	0,251	0,800969368	5
optimal_loci_95872_G1	1833	0,740351	0	2301	51,77	3	15,20134326	0,495	0,80008343	5
optimal_loci_96164_G1	1295	1,333484	0	1451	51,42	2	4,518550494	0,589	0,783770171	4
optimal_loci_96166_G1	1317	1,333484	15,64	2917	42,59	2	4,518550494	0,341	0,783750321	4
optimal_loci_96196_G1	1271	1,333484	0	1161	40,83	1	0,541361095	0,285	0,78255989	4
optimal_loci_96212_G1	1120	1,620923	14,37	1235	37,76	3	5,13751094	0,035	0,780797934	4
optimal_loci_96348_G1	2060	3,952223	0	1893	49,56	2	12,96901622	0,38	0,77367678	7
optimal_loci_96380_G1	2780	3,003905	1,65	9000	58,74	1	67,04883832	0,672	0,772029228	10
optimal_loci_96381_G1	1042	3,003905	0	2861	49,52	1	67,04883832	0,399	0,771967653	10
optimal_loci_96419_G1	1158	1,879857	0	1001	57,08	1	28,93141046	0,603	0,769713671	10
optimal_loci_96444_G1	1516	1,763894	0	2001	40,89	1	0,480275002	0,098	0,769234604	10
optimal_loci_96445_G1	2111	1,763894	0	1001	54,57	1	0,480275002	0,606	0,769148736	10
optimal_loci_96446_G1	2442	1,763894	0	6030	52,17	1	0,480275002	0,708	0,769094975	10
optimal_loci_96490_G1	1031	1,130493	29,97	1765	36,17	1	0,98496388	0,205	0,767493992	9
optimal_loci_96491_G1	1696	1,130493	36,26	3050	46,63	1	0,98496388	0,354	0,767474433	9
optimal_loci_96494_G1	1374	0,54087	6,04	6530	41,7	1	0,98496388	0,223	0,767442758	9
optimal_loci_96614_G1	1180	0362862	0	1332	35	1	0,661749592	0,082	0,762411284	2
optimal_loci_96647_G1	1077	0,562961	0	3760	45,86	1	3,803388273	0,522	0,761355577	2
optimal_loci_96777_G1	1510	0,019763	20,66	3428	38,14	2	13,40216323	0,126	0,750735296	4
optimal_loci_96778_G1	1623	0,019763	8,69	1001	42,94	2	13,40216323	0,196	0,750710953	4
optimal_loci_96782_G1	1701	2,355961	4,23	1001	56,55	2	0,410686774	0,679	0,75018332	6
optimal_loci_96849_G1	1451	1,327294	27,43	5245	35,21	1	3,064081603	0,282	0,746070181	6
optimal_loci_96876_G1	1017	1,327294	24,98	2143	42,57	1	1,827255687	0,173	0,745675878	4
optimal_loci_96877_G1	2222	1,329844	24,08	3228	40,09	1	1,827255687	0,254	0,745652909	4
optimal_loci_96967_G1	1163	0,980747	31,3	1001	45,57	2	12,00896394	0,094	0,739959478	2
optimal_loci_96999_G1	2092	1,619304	0	1649	38,04	4	3,296160303	0,146	0,738292828	2
optimal_loci_97232_G1	1128	0,584351	0	7510	43,43	3	3,016489057	0,464	0,724532166	2
optimal_loci_97235_G1	1345	0,584351	0	10328	38,21	3	3,016489057	0,269	0,724501725	2
optimal_loci_97394_G1	1813	0,915759	0	5730	41,69	2	0,652683983	0,316	0,716995416	3
optimal_loci_97398_G1	1481	0,915759	17,22	2439	50,03	2	0,652683983	0,345	0,716962407	3
optimal_loci_97417_G1	1134	1,506023	0	3025	46,47	4	9,02533564	0,46	0,715668847	4
optimal_loci_97503_G1	1082	1,814439	0	1553	29,39	2	23,33396509	0,1	0110754654	2

optimal_loci_97629_G1	1966	0,182846	11,29	10868	32,96	2	10,43551162	0,051	0,704531986	3
optimal_loci_97648_G1	1681	0,165505	0	1001	39,91	2	23,02037987	0,187	0,702989037	6
optimal_loci_97656_G1	1434	0,473277	0	9018	37,16	2	5,9604257	0,24	0,702676018	6
optimal_loci_97741_G1	1253	0,771775	0	1001	36,95	2	20,16275075	0,17	0,699335537	7
optimal_loci_97752_G1	2790	0,79018	16,7	3645	48,67	2	4,540887177	0,419	0,698617492	8
optimal_loci_97755_G1	2376	0,79018	14,81	2606	38,17	2	4,540887177	0,146	0,698579759	8
optimal_loci_97772_G1	1355	0,971452	0	16197	43,76	1	98,84169754	0,343	0,696984885	7
optimal_loci_97776_G1	1227	0,971452	0	13547	51,42	1	98,84169754	0,606	0,696958305	7
optimal_loci_97851_G1	2140	0,73704	8,97	4747	36,3	5	0,183769808	0,182	0,693817944	6
optimal_loci_97861_G1	2031	0,744302	0	6987	34,36	4	0,019948038	0,096	0,693542197	4
optimal_loci_97998_G1	1208	0,045538	36,75	6787	38,65	3	10,47373593	0,09	0,684389488	4
optimal_loci_98002_G1	1318	0,045538	0	5246	36,87	3	10,47373593	0,147	0,684346078	4
optimal_loci_98015_G1	1335	0,045538	27,64	11281	37,3	1	0,022642537	0,167	0,684151946	4
optimal_loci_98088_G1	1151	0,01486	0	13106	36,14	1	161,2649901	0,123	0,679880822	5
optimal_loci_98130_G1	1096	0,01486	18,52	1001	40,87	3	44,94372997	0,208	0,676588425	3
optimal_loci_98167_G1	1626	0,01486	23,25	2487	41,02	3	20,81323665	0,365	0,674384664	2
optimal_loci_98324_G1	1189	0,193778	7,4	5617	41,46	4	16,65345629	0,116	0,661406199	3
optimal_loci_98329_G1	1476	0,193778	17,28	2756	34,55	3	43,61228861	0,242	0,661173942	3
optimal_loci_98336_G1	1493	0,193778	0	7633	30,94	2	56,26362648	0,163	0,661107202	3
optimal_loci_98623_G1	1055	0,265685	0	5449	37,44	2	1,771233691	0,105	0,644668656	1
optimal_loci_98842_G1	2284	0,211144	2,06	2715	44,13	1	0,123542338	0,144	0,63196318	2
optimal_loci_98857_G1	1261	0,166764	0	11726	30,68	1	21,20492645	0,058	0,630677623	3
optimal_loci_98900_G1	1435	0,035619	3,62	3683	41,39	1	12,80667229	0,335	0,626426449	2
optimal_loci_99241_G1	1399	0,312157	0	16086	36,81	1	5,554745907	0,176	0,606465637	1
optimal_loci_99490_G1	2029	0,037212	24,79	3759	35,58	1	0,034043404	0,209	0,587408606	2
optimal_loci_99566_G1	1048	0,071635	0	11319	36,64	1	27,33974387	0,027	0,582604082	4
optimal_loci_99591_G1	1032	0,080129	0	1001	39,43	2	19,96148101	0,169	0,58133671	3
optimal_loci_99593_G1	1024	0,111	0	3097	54,49	2	19,96148101	0,504	0,58126329	3
optimal_loci_99886_G1	1323	0,125709	11,56	1260	41,26	2	0,707506865	0,302	0,56512325	3
optimal_loci_99888_G1	1087	0,125709	0	2001	41,85	2	0,707506865	0,265	0,565056038	3
optimal_loci_99889_G1	1377	0,125709	8,42	3121	47,78	2	0,707506865	0,463	0,565041896	3
optimal_loci_100036_G	1203	0,010913	19,78	1001	37,57	2	0,899231745	0,172	0,55774654	1
optimal_loci_100127_G	1170	0,732804	24,7	1453	40,85	1	4,94259971	0,195	0,552625145	1
optimal_loci_100850_G	1532	0,042448	1129	2385	35,83	1	16,43238712	0,113	0,513636961	2
optimal_loci_100860_G	1571	0,042448	2,16	9711	56,52	1	16,43238712	0,405	0,513475928	2

optimal_loci_100985_G	1164	0,19792	22,08	3490	40,03	1	7,08339202	0,249	0,50983922	7
optimal_loci_101003_G	1231	0,220347	0	2001	43,21	2	0589384396	0,43	0,506172076	7
optimal_loci_101090_G	1291	0,22203	0	16195	38,1	1	2,995538678	0,141	0,503049408	7
optimal_loci_101091_G	1387	0,22203	25,67	15375	40,08	1	2,995538678	0,14	0,503035165	7
optimal_loci_101092_G	1416	0,22203	12,08	12766	33,96	1	2,995538678	0,132	0,503008997	1
optimal_loci_101094_G	1099	0,21634	0	1523	32,66	1	2,995538678	0	0,502817322	7
optimal_loci_101100_G	1606	0,227319	6,41	2194	38,97	1	41,00466169	0,192	0,502220873	9
optimal_loci_101170_G	1128	0,213115	20,83	2001	46,89	2	34,80368924	0,289	0,491464935	3
optimal_loci_101177_G	2052	0,212037	1,8	14961	49,85	1	69,60737847	0,616	0,497325677	3
optimal_loci_102395_G	1108	0,178336	18,86	18229	35,1	1	8,818024758	0,247	0,42948333	2
optimal_loci_102398_G	1371	0,178336	6,71	9242	34,64	1	8,818024758	0,1	0,42939319	2
optimal_loci_102571_G	1534	0,590242	6,52	16935	37,94	2	3,259670745	0,205	0,41763652	1
optimal_loci_102780_G	1440	0,021241	0	2001	36,45	1	18,03860226	0,116	0,40498339	1
optimal_loci_106202_G	1498	0,014448	0	10926	37,11	1	11,63450677	0,181	0,140936459	3
optimal_loci_106240_G	1801	0,011793	19,16	17321	47,41	1	0,317910372	0,407	0,139892257	3
optimal_loci_106255_G	1582	0,011793	13,53	11702	37,48	1	0,317910372	0,256	0,13958332	3
optimal_loci_106433_G	1202	0,012254	17,72	9150	50,99	2	2,218181655	0,625	0,129082106	1
optimal_loci_106888_G	1052	0,00041	3E88	8205	41,15	1	7,04433304	0,305	0,103122528	1
optimal_loci_107176_G	1402	0,00041	0	17506	41,79	1	0,050969819	0,238	0,082724453	1
optimal_loci_107462_G	1181	0,00041	5,42	2917	40,98	1	1,787186992	0,152	0,066342377	2
optimal_loci_107480_G	1149	0,00041	21,15	1001	35,07	4	8,915392752	0,079	0,065367482	2
optimal_loci_107909_G	1526	0,00041	4	14283	38,99	1	0,634618813	0,251	0,03683337	1
optimal_loci_108229_G	1030	0,00041	0	3332	49,51	4	0,02441353	0,6	0,012642628	2
optimal_loci_108231_G	1047	0,00041	0	2675	37,15	5	0,019530824	0,123	0,012396499	2
optimal_loci_108411_G	1268	0,00541	20,98	7175	50,86	1	3,55594749	0,468	0,004282457	1
optimal_loci_109456_G	6844	0,00041	35,13	9236	59,32	1	1,446754759	0,623	0,051411329	1
optimal_loci_109578_G	1089	0,00041	19,93	19716	37,74	1	6,023590263	0,205	0,056806392	1
optimal_loci_109890_G	1125	0,00041	28,8	11727	38,13	1	11,7378535	0,101	0,07596841	1
optimal_loci_110490_G	1472	0,345352	20,24	11981	41,84	2	2,119402476	0,327	0,107732268	2
optimal_loci_110554_G	1248	0,031071	7,21	15157	39,66	1	0,172345895	0,044	0,111134226	2
optimal_loci_110785_G	1159	0,373729	0	2877	36,75	1	107,3769514	0,068	0,12600417	1
optimal_loci_110941_G	1724	0,287245	18,62	1001	34,39	2	11,71167563	0,242	0,132980058	1
optimal_loci_111607_G	1346	0,122762	0	1001	56,09	4	5,071803034	0,383	0,162568957	3
optimal_loci_111669_G	1532	0,070136	0	16440	52,08	1	5,57909494	0,481	0,165815004	3
optimal_loci_111678_G	1033	0,070136	0	1049	41,81	1	5,57909494	0,264	0,165935896	3

optimal_loci_111796_G	2028	0,135747	14,89	5830	46,84	1	5,250484844	0,381	0,172732334	1
optimal_loci_111975_G	1206	0,142186	2,4	18429	42,7	1	34,23265137	0,429	0,182332108	1
optimal_loci_112169_G	1682	0,24827	17,42	2388	39,83	2	2,852559127	0,286	0,190272823	1
optimal_loci_112289_G	1079	0,390346	0	1001	40,4	1	0,100859877	0,158	0,196341584	1
optimal_loci_112423_G	1269	0,242172	0	17575	32,78	1	5,094646605	0,061	0,200998091	3
optimal_loci_112438_G	1518	0,199743	15,02	8776	36,62	1	0,997195423	0,23	0,201834228	4
optimal_loci_112470_G	1063	0,194449	0	1001	34,61	2	4,805464976	0,243	0,202368258	4
optimal_loci_112558_G	1672	0,034003	2,27	3391	38,27	2	0,155232006	0,071	0,205365127	4
optimal_loci_112632_G	1402	0,097822	25,68	1056	46,07	1	13,39153571	0,244	0,208451154	2
optimal_loci_112689_G	1011	0,549276	21,76	4569	34,42	1	24,70841842	0,218	0,212803994	2
optimal_loci_112750_G	2272	1,216792	28,3	8210	38,55	2	13,49388864	0,18	0,215572295	4
optimal_loci_112780_G	1199	1,141597	12,84	7878	39,86	3	9,227681327	0,233	0,216871457	3
optimal_loci_112804_G	1051	1,141597	0	2177	37,39	4	0,931192423	0,313	0,217525092	3
optimal_loci_112882_G	1966	0,055938	15,51	5301	38,4	1	21,24317763	0,176	0,222784717	1
optimal_loci_113176_G	2376	0,050046	0	1001	35,52	1	2,488572814	0,082	0,233057718	2
optimal_loci_113238_G	1300	0,051581	30,92	1811	34,84	2	2,993222397	0,138	0,23524981	3
optimal_loci_113314_G	1477	0,056977	22,88	4052	35,61	1	1,56834174	0,268	0,238315114	3
optimal_loci_113401_G	1418	0,043871	30,04	1799	35,72	2	11,96121663	0,13	0,241120405	3
optimal_loci_113475_G	1500	0,042875	0	6403	42,4	1	15,82305722	0,553	0,243378299	2
optimal_loci_113659_G	1022	0,394851	27,3	16417	36,39	1	50,7569753	0,103	0,252662896	1
optimal_loci_113785_G	1046	0,601292	0	1221	37,47	3	14,29754402	0,188	0,259224041	2
optimal_loci_113813_G	1595	0,72677	35,92	4177	34,35	1	3,218359211	0,186	0,26026386	2
optimal_loci_114418_G	1082	0,03152	39,74	2969	29,02	1	30,76055926	0,123	0,270545397	2
optimal_loci_114050_G	1510	0,043365	0	1079	34,83	1	71,26925227	0,088	0,271778026	2
optimal_loci_114184_G	1278	0,497788	8,45	5165	49,6	2	0,013555916	0,358	0,277990426	3
optimal_loci_114185_G	1269	0,497788	11,51	4817	44,2	2	0,013555916	0,32	0,278001055	3
optimal_loci_114188_G	1060	0,497788	1E32	2150	45,84	2	0,013555916	0,365	0,278022935	3
optimal_loci_114499_G	1260	0,168963	0	16113	40	1	0,104345728	0,096	0,292574248	3
optimal_loci_114514_G	1045	0,165803	0	18649	46,88	1	2,108894506	0,691	0,293248235	3
optimal_loci_114346_G	1672	0,157898	36,24	17749	56,04	1	0,835108697	0,768	0,295393446	4
optimal_loci_114606_G	1061	0,148252	4,24	10643	39,3	1	9,186593584	0,141	0,297910013	4
optimal_loci_114664_G	1112	0,182127	6,56	16234	36,06	1	3,552323115	0,117	0,299809022	3
optimal_loci_114666_G	1034	0,181217	0	17917	31,72	1	3352323115	0,03	0,300086388	3
optimal_loci_114793_G	1304	0,142266	26,69	10888	41,33	2	1,453796334	0,306	0,306203551	2
optimal_loci_114856_G	1357	0,034144	0	1547	38,24	1	0,154236269	0,178	0,309999521	2

optimal_loci_115045_G	1506	0,026228	20,19	1188	41,69	2	8,724651537	0,199	0,31974629	1
optimal_loci_115279_G	1411	0,064159	0	2001	37,84	5	14,94592871	0,084	0,33008825	2
optimal_loci_115303_G	1064	0,079136	28,1	11610	29,88	1	5,277330433	0,076	0,332139525	3
optimal_loci_115348_G	1693	0,096384	25,58	11585	38,33	1	4,624021369	0,131	0,334106846	2
optimal_loci_115496_G	1605	0,087519	4,67	2001	32,21	2	8,629852916	0,238	0,34306919	1
optimal_loci_115620_G	1078	0,571523	0	2048	46,01	3	19,19266424	0,279	0,349648365	1
optimal_loci_115698_G	1534	0,507342	6	9550	45,5	1	1,096707961	0,378	0,353662222	3
optimal_loci_115703_G	3148	0,423253	25,64	1001	39,89	2	202,4731514	0,233	0,354374295	3
optimal_loci_115740_G	1139	0,351334	20,02	1969	53,46	1	10,02509308	0,431	0,356724543	4
optimal_loci_115806_G	1158	0,197921	9,59	14903	40,06	1	10,52368719	0,211	0,359977027	3
optimal_loci_115875_G	2396	0,121669	11,14	8503	44,32	2	0,675884777	0,322	0,362127123	2
optimal_loci_116108_G	2450	0,53275	7,88	1532	44,32	2	16,92292422	0,286	0,371693117	2
optimal_loci_116203_G	1135	0,611213	30,84	1069	43,08	1	3,156525497	0,406	0,375481236	2
optimal_loci_116472_G	1236	0,081218	15,53	2001	36,24	3	7,146987696	0,216	0,387365137	2
optimal_loci_116502_G	1410	0,096584	12,7	2856	40,85	1	7,213491589	0,356	0,389802664	5
optimal_loci_116543_G	1163	0,137791	13,84	4787	33,87	1	18,92745917	0,206	0,391580188	4
optimal_loci_116545_G	1069	0,137791	0	3011	43,4	1	18,92745917	0,376	0,391594415	4
optimal_loci_116547_G	1181	0,137791	11,52	1001	40,47	2	9,463729583	0,178	0,391682401	4
optimal_loci_116807_G	1465	0,209709	30,17	4229	43,82	4	16,92833486	0,311	0,403809363	1
optimal_loci_116936_G	1020	0,220951	0	6199	39,5	2	0,039034682	0,191	0,409731875	3
optimal_loci_116937_G	1127	0,220951	0	4664	46,31	2	0,039034682	0,245	0,40974274	3
optimal_loci_116939_G	1233	0,220951	4,14	1001	43,3	2	0,039034682	0,263	0,409769801	3
optimal_loci_117229_G	1018	0,475788	20,83	3736	46,26	2	96,73892877	0,27	0,420471895	1
optimal_loci_117303_G	1163	0,395027	32,42	10664	35,51	1	31,07617667	0,24	0,424513437	1
optimal_loci_117457_G	1302	0,192487	0	1001	46	2	13,10311082	0,386	0,434118978	2
optimal_loci_117502_G	1344	0,212829	17,71	7019	31,25	1	0,910890761	0,216	0,435378403	2
optimal_loci_117595_G	1426	0,399315	1,96	1001	38,35	2	10,57726032	0,096	0,439257506	3
optimal_loci_117597_G	1014	0,399315	0	1001	46,15	2	10,57726032	0,434	0,439351975	3
optimal_loci_117607_G	1414	0,398113	9,05	2263	44,83	3	53,11964645	0,266	0,439786842	3
optimal_loci_117803_G	1344	0,865648	11,38	1280	38,61	2	0099217312	0,283	0,447553052	10
optimal_loci_117811_G	1761	0,845866	27,37	9629	48,04	1	0,198434624	0,389	0,447773395	10
optimal_loci_117865_G	1902	1,0448	0	15020	48,47	2	0,401056927	0,525	0,449634934	10
optimal_loci_117866_G	2863	0,787718	13,06	12059	48,89	2	0,401056927	0,413	0,44965015	10
optimal_loci_117872_G	1085	0,787718	0	8163	45,34	2	0,401056927	0,462	0,449693318	10
optimal_loci_117875_G	1073	0,787718	0	6079	58,43	2	0,401056927	0,469	0,449709265	10

optimal_loci_117876_G	1080	0,787718	0	4966	62,4	2	0,401056927	0,688	0,449717679	10
optimal_loci_117888_G	1724	0,766953	5,92	11724	43,56	1	42,04874619	0,247	0,450092466	10
optimal_loci_117891_G	1494	0,766953	9,71	6270	45,58	1	42,04874619	0,163	0,45013571	10
optimal_loci_117894_G	2722	0,766953	0	2244	55,03	1	42,04874619	0,552	0,450156997	10
optimal_loci_117967_G	1667	0,476252	1,68	2993	38,15	2	27,43362495	0,203	0,455124451	4
optimal_loci_117981_G	1885	0,500261	8,01	4488	45,14	1	11,7140411	0,32	0,455488479	4
optimal_loci_118016_G	1807	0,452463	12,17	9520	42,28	3	8,771993168	0,313	0,456988652	4
optimal_loci_118038_G	1003	0,504162	16,55	1881	44,06	1	17,54648729	0,399	0,45823191	4
optimal_loci_118122_G	1611	0,593353	2,23	3345	55,99	2	14,76138819	0,573	0,463618285	8
optimal_loci_118123_G	1151	0,593353	0	2001	47,08	2	14,76138819	0,324	0,463632009	8
optimal_loci_118157_G	3181	0,914192	3,3	1389	55,39	1	169,8951554	0,577	0,466046172	8
optimal_loci_118161_G	1255	0,914192	0	6181	51,63	1	169,8951554	0,448	0,46608263	8
optimal_loci_118162_G	1202	0,914192	0	12858	51,83	1	169,8951554	0,355	0,466133429	8
optimal_loci_118163_G	2807	0,914192	0	14093	48,59	1	169,8951554	0,396	0,466142825	8
optimal_loci_118183_G	1036	0,915466	0	11626	61	2	8,020616816	0,769	0,466965389	8
optimal_loci_118184_G	1159	0,915466	0	12771	47,1	2	8,020616816	0,276	0,4669741	8
optimal_loci_118265_G	1247	0,340257	0	10683	44,5	3	0436406453	0,193	0,470838665	1
optimal_loci_118636_G	1033	0,667661	0	2001	44,33	2	6,138514142	0,338	0,488922489	2
optimal_loci_118682_G	2178	0,893231	0	4685	48,85	1	0,035491946	0,355	0,490468645	2
optimal_loci_118758_G	1356	1371824	20,8	17839	53,31	1	427,833818	0,353	0,494550289	7
optimal_loci_118761_G	1403	1371824	0	2677	55,31	3	193,7742902	0,76	0,494786312	7
optimal_loci_118782_G	1461	1371824	0	3028	50,3	3	4,272245543	0,356	0,495762118	7
optimal_loci_118788_G	1524	1371824	0	3527	46,85	3	4,272245543	0,375	0,495815663	7
optimal_loci_118791_G	1883	1371824	2,18	2023	60,75	3	11,94895211	0,618	0,495876877	7
optimal_loci_118813_G	2480	1,90189	3,43	2001	42,58	2	6,510274005	0,32	0,496860511	10
optimal_loci_118819_G	1035	1,90189	0	2635	43,28	1	4,793192902	0,2	0,497538972	10
optimal_loci_118862_G	1791	1,12585	7,59	3664	34,72	3	5,835603566	0,154	0,499807897	7
optimal_loci_118872_G	1969	0,987701	0	5736	45,86	1	6,747282326	0,328	0,50000721	7
optimal_loci_118877_G	1003	0,987701	0	2001	4346	3	37,37659111	0,205	0,500066487	7
optimal_loci_118979_G	1162	2,490342	0	12122	41,48	2	12,1012004	0,086	0,502737588	6
optimal_loci_118981_G	1027	2,490342	0	10163	37,87	2	111012004	0,072	0,502753519	6
optimal_loci_119006_G	1068	2,490342	0	2643	57,2	2	19,19520665	0,46	0,504939395	4
optimal_loci_119035_G	1612	0,198807	1,8	3406	55,76	2	19,20558999	0,80	0,507270152	2
optimal_loci_119177_G	1108	1,13953	0	1001	40,25	2	0,983526318	0,085	0,515375984	1
optimal_loci_119289_G	3103	1496568	2,58	8180	39,54	1	54,60949822	0,346	0,520303191	2

optimal_loci_119309_G	3455	2,254597	5,93	1001	56,81	1	0,07282161	0,559	0,521249926	2
optimal_loci_119456_G	1772	2,377729	38,54	4222	48,53	2	0,248809979	0,381	0,52767386	2
optimal_loci_119517_G	1103	2,097235	3,41	3627	42,88	4	6,123606603	0,31	0,530675865	4
optimal_loci_119569_G	1111	2,981068	21,06	2553	41,4	1	10,89792037	0,482	0,533155274	6
optimal_loci_119570_G	1642	2,981068	0	3860	42,08	1	10,89792037	0,221	0,533165218	6
optimal_loci_119626_G	1688	1,732973	0	9453	49,76	2	2,610195145	0,585	0,535002533	5
optimal_loci_119631_G	1527	1,732973	30,91	3458	36,21	2	2,610195145	0,09	0,535049368	5
optimal_loci_119632_G	1926	1,732973	2,28	1001	45,58	2	2,610195145	0,465	0,535065025	5
optimal_loci_119728_G	1284	0,406428	0	5205	45,87	2	4,105316792	0,463	0,540191167	2
optimal_loci_119742_G	1635	0,406428	0	2001	48,56	1	126,1205552	0,547	0,540524099	2
optimal_loci_119833_G	1659	1,336395	27,73	2803	32,85	2	53,85132024	0,125	0,545032548	3
optimal_loci_119847_G	2480	2,69177	1,29	2001	50,12	2	2,80818371	0,456	0,545346577	3
optimal_loci_119875_G	1262	3,48216	0	4206	60,3	1	2,562121581	0,599	0,547548765	4
optimal_loci_119929_G	1016	2,674687	6,45	1001	43,3	3	14,33268782	0,189	0,550160159	5
optimal_loci_119963_G	1638	1,546549	5,92	14442	37,42	2	13,16845477	0,185	0,552767436	7
optimal_loci_119971_G	1164	1,546549	0	1001	52,49	3	8,778969847	0,476	0,552909501	7
optimal_loci_119988_G	1653	1,546549	1,69	5116	57,65	1	9,374383759	0,636	0,553966879	7
optimal_loci_119989_G	1731	1,546549	3,99	3250	55,97	1	9,374383759	0,342	0,553980482	6
optimal_loci_119993_G	1282	1,546549	0	2037	61,46	1	9,374383759	0,668	0,554044124	6
optimal_loci_120002_G	2074	1,546549	7,57	17272	47,97	1	0,324309051	0,532	0,554248239	6
optimal_loci_120112_G	1167	0,083044	12,08	1749	33,59	1	54,01599179	0,145	0,561706446	4
optimal_loci_120131_G	1478	0,169587	0	7207	35,99	1	1,862177086	0,087	0,563005752	5
optimal_loci_120143_G	1270	0,191055	0	8136	57,32	2	37,68721961	0,746	0,563631337	5
optimal_loci_120151_G	1397	0,191055	0	6421	40,65	3	301,9148538	0,1	0,563868509	5
optimal_loci_120230_G	1525	0,609116	21,64	4423	37,18	1	0,524260256	0,018	0,566430344	7
optimal_loci_120279_G	1562	1,50222	0	2994	42,63	4	5,492528377	0,251	0,569328317	9
optimal_loci_120290_G	2445	1,50222	0	6845	54,35	4	5,224567913	0,537	0,569382942	9
optimal_loci_120292_G	1251	1,50222	0	4777	33,49	4	5124567913	0,257	0,56940716	9
optimalloc1_120314_G	1237	1,83009	5,25	7970	35,65	2	4,636256852	0,128	0,570427722	8
optimal_loci_120316_G	1179	1,83009	26,63	2001	51,06	5	1,854502741	0,535	0,570579593	8
optimal_loci_120345_G	1108	2,430701	38,36	5661	34,38	1	8173033949	0,089	0,572051046	13
optimal_loci_120376_G	2052	2,864346	12,91	2403	47,22	2	0,104410067	0,471	0,512587221	13
optimal_loci_120380_G	1243	2,864346	0	2815	37,24	3	0,239788598	0,179	0,572653404	13
optimal_loci_120436_G	1077	3,395007	0	1001	47,35	1	65,20676087	0,365	0,574878241	9
optimal_loci_120459_G	1571	1429523	0	3439	50,92	2	0,717740042	0,571	0,575364797	9

optimal_loci_120460_G	1511	3,429523	13,37	2790	56,51	3	1145118537	0,6	0,575549367	9
optimal_loci_120463_G	2865	3429523	0	2001	49,66	2	1,177512028	0,493	0,575610019	9
optimal_loci_120464_G	1700	3,429523	0	2728	53,23	2	1,177512028	0,515	0,575632394	9
optimal_loci_120513_G	1013	4510093	4,34	1093	56,86	4	17,90017579	0,592	0,577150461	6
optimal_loci_120569_G	1129	1,274088	28,34	7888	35,25	1	6,207861066	0,043	0,58136523	3
optimal_loci_120570_G	1083	1174088	39,89	6711	40,9	1	6,207861066	0,171	0,581374535	3
optimal_loci_120574_G	1129	1,274088	0	2691	53,76	1	6,207861066	0,484	0,581404769	3
optimal_loci_120710_G	2903	1,405194	0	6811	52,7	2	1,347005744	0,539	0,588401039	8
optimal_loci_120714_G	2609	1,405194	4,18	1824	49,06	2	1,347005744	0,407	0,588441217	8
optimal_loci_120124_G	1857	1,51106	0	1001	45,66	1	7,897281976	0,358	0,589105162	10
optimal_loci_120729_G	2151	1,51106	1,44	13845	51,97	1	7,897281976	0,425	0,589251076	10
optimal_loci_120772_G	1240	1,47241	0	2347	37,25	3	0,024486732	0,111	0,590110304	10
optimal_loci_120777_G	2469	1,616359	1,4	6963	50,14	3	0,019536392	0,581	0,590324584	10
optimal_loci_120787_G	1043	1,616359	0	6899	40,84	4	0,08767579	0,115	0,590398838	10
optimal_loci_120789_G	1757	1,80373	2,11	2001	45,58	6	0,158971102	0,313	0,590514898	10
optimal_loci_120843_G	1011	1,566836	0	1918	36,99	4	2,14951692	0,031	0,592356504	8
optimal_loci_120847_G	1007	1,612141	0	2322	41,7	4	2,14951692	0,083	0,592420845	8
optimal_loci_120961_G	1651	1,455547	0	1001	46,94	1	19,90216431	0,444	0,597699126	6
optimal_loci_120993_G	1052	1,27343	5,04	2905	40,58	2	4,212882754	0,374	0,59889837	6
optimal_loci_120997_G	1973	1,27343	0	16950	32,18	2	4,212882754	0,107	0,599005225	6
optimal_loci_120998_G	3003	1,27343	4	19367	57,74	1	6,835740357	0,638	0,599023614	6
optimal_loci_121020_G	1024	1,261677	0	8288	49,7	1	13,38190785	0,461	0,599532849	7
optimal_loci_121023_G	1115	1,261677	0	5429	34,26	1	13,38190785	0,198	0,599681479	8
optimal_loci_121116_G	1020	0,930525	11,96	3281	37,74	2	39,60728573	0,055	0,603344325	5
optimal_loci_121117_G	1084	0,930525	0	4334	39,29	2	39,60728573	0,049	0,603352336	4
optimal_loci_121153_G	1108	0,983086	0	1001	46,38	3	20,16618967	0,316	0,604846993	5
optimal_loci_121239_G	1639	1,106871	3,84	12691	50,09	2	4,784908042	0,529	0,607756202	7
optimal_loci_121240_G	1854	1,106871	8,41	11150	33,33	2	4384908042	0,087	0,607769311	7
optimal_loci_121279_G	1700	1,114771	0	7542	42,64	3	87,75710412	0,27	0,603103135	6
optimal_loci_121292_G	2273	1,14436	31,59	2910	35,45	1	0509325275	0,162	0,610423484	7
optimal_loci_121304_G	1542	1,150198	10,83	2675	55,44	2	0,054381028	0,631	0,61146815	7
optimal_loci_121306_G	1239	1,150198	0	4919	40,27	2	0054381028	0,055	0,611485222	7
optimal_loci_121339_G	1034	1,170287	19,54	1001	37,42	1	1,897677167	0,172	0,613044502	4
optimal_loci_121468_G	2736	2,685469	35,45	2906	41,92	1	1,534396657	0,267	0,617845462	1
optimal_loci_121718_G	1092	1,983024	0	11687	50,36	1	22,14690716	0,699	0,627155895	7

optimal_loci_121719_G	1323	1,904672	0	19930	54,42	1	22,14690716	0,815	0,627218608	7
optimal_loci_121745_G	1151	1,674269	27,98	2001	38,05	3	12,60817674	0,222	0,628057728	7
optimal_loci_121786_G	2243	1,413096	23,72	3922	36,2	1	9,124720469	0,08	0,629007361	8
optimal_loci_121792_G	1109	1,402641	0	2202	41,92	1	9,124720469	0,319	0,629114718	8
optimal_loci_121802_G	1712	1,403564	36,62	1271	47,13	1	2,826165485	0,304	0,629518004	9
optimal_loci_121804_G	2005	1,403564	7,63	5146	39,25	1	6,029548641	0,212	0,629776122	9
optimal_loci_121863_G	1227	0,971668	26,57	3659	38,87	4	20,48470312	0,332	0,632806763	13
optimal_loci_121875_G	2112	0,983523	0	4327	43,98	2	20,90984025	0,319	0,632954655	11
optimal_loci_121889_G	1287	1,179131	3L31	1319	54,54	1	2,085529633	0,508	0,633770798	11
optimal_loci_121905_G	1550	1,184294	0	3847	61,41	2	18,68311821	0,56	0,634314293	11
optimal_loci_121919_G	1170	1,277527	30	1001	52,99	1	0,779753562	0,625	0,634642351	12
optimal_loci_121921_G	1132	1,274532	0	13547	42,75	3	3,138624579	0,251	0,634803428	13
optimal_loci_121949_G	2013	1,319041	0	1001	40,23	4	61,98942337	0,343	0,635841375	14
optimal_loci_121962_G	2941	1,50039	23,22	4143	51,47	1	27,91651112	0,521	0,636458021	15
optimal_loci_121967_G	1976	1,497532	0	2093	55,66	2	13,95825556	0,576	0,636545764	15
optimal_loci_121999_G	2449	1,927578	24,17	5658	43,56	3	133,5716673	0,365	0,637193641	14
optimal_loci_122000_G	1821	1,927578	14,55	3747	38,82	2	4,139253575	0,183	0,637212957	14
optimal_loci_122036_G	1532	1,927578	9,4	1431	56,98	2	15,17385712	0,573	0,638375342	12
optimal_loci_122041_G	1465	1,927578	0	2001	39,11	2	4,365339516	0,24	0,638574063	11
optimal_loci_122051_G	1226	1,927578	0	1001	56,93	1	8,899921747	0,657	0,638894818	10
optimal_loci_122079_G	3459	0,982763	12,63	3956	41,71	1	33,87321695	0,213	0,640156015	9
optimal_loci_122090_G	1093	0,78971	21,5	3755	5179	1	0599409629	0,482	0,602591	7
optimal_loci_122254_G	1035	0,398021	1691	2001	53,42	3	11,34215609	0,644	0,647162047	6
optimal_loci_122285_G	1019	0,200816	29,44	3343	36,5	1	18,61911978	0,31	0,648480334	6
optimal_loci_122291_G	1595	0,200816	0	6905	46,33	1	18,61911978	0,492	0,648507434	6
optimal_loci_122317_G	1261	0,200816	0	11794	55,03	2	1,595629333	0,665	0,649928179	6
optimal_loci_122327_G	1364	0,126026	0	4743	44,28	5	18,50808255	0,275	0,650649268	6
optimal_loci_122329_G	1017	0,126026	9,14	2835	37,36	5	18,50808255	0,409	0,650677334	6
optimal_loci_122515_G	2043	0,890327	1,52	4482	56,82	3	3,827267163	0,497	0,656654228	5
optimal_loci_122516_G	1871	0,890327	23,3	5282	46,87	3	3,827267163	0,388	0,656678034	5
optimal_loci_122567_G	1155	0,890327	30,04	1001	38,61	2	7,750494028	0,137	0,658241764	7
optimal_loci_122582_G	1284	0,890327	23,05	7403	36,83	2	0,032033787	0,166	0,658634642	7
optimal_loci_122603_G	1607	0,711742	35,72	2001	57,24	3	62,81464372	0,582	0,659834884	7
optimal_loci_122629_G	1123	0,586331	0	5699	50,13	2	117,892046	0,228	0,661271469	5
optimal_loci_122664_G	1267	0,605907	10,5	3926	36,22	3	27,59563669	0,165	0,661939271	5

optimal_loci_122800_G	1500	0,217765	9,33	4713	53,66	2	37,53375558	0,545	0,669227347	4
optimal_loci_122801_G	1627	0,217765	35,96	2497	51,01	2	37,53375558	0,479	0,669243241	4
optimal_loci_122804_G	1499	0,217765	19,55	2001	49,36	1	75,06751116	0,279	0,669297798	4
optimal_loci_122842_G	1218	0,556262	0	2001	60,59	1	1,399096294	0,632	0,670296716	4
optimal_loci_122927_G	1045	0,942278	0	2538	39,23	2	69,37589178	0,279	0,674525043	1
optimal_loci_123075_G	2055	1,203249	20,34	1363	45,59	2	0,720300064	0,459	0,680020083	4
optimal_loci_123080_G	1544	1,203249	0	3741	55,44	1	0,551029504	0,343	0,68009312	4
optimal_loci_123095_G	1121	1,209568	0	11591	46,38	1	0,03090145	0,185	0,680546041	4
optimal_loci_123098_G	1506	1,257051	7,37	7282	55,64	1	0,03090145	0,473	0,680575895	4
optimal_loci_123251_G	1687	0,626688	6,4	1373	44,16	2	24,16054688	0,343	0,686482095	5
optimal_loci_123264_G	1325	0,578523	0	12952	58,64	1	2,95215727	0,632	0,686702408	5
optimal_loci_123265_G	1377	0,578523	0	14355	52,65	1	2,95215727	0,487	0,686713082	5
optimal_loci_123298_G	1327	0,709301	0	2950	31,8	1	13,64743462	0,182	0,687919471	5
optimal_loci_123299_G	1135	0,709301	0	1762	41,05	1	13,64743462	0,333	0,68792997	5
optimal_loci_123383_G	1170	1,267998	0	16388	55,29	1	10,1242837	054	0,692670736	7
optimal_loci_123391_G	1270	1,282656	4,33	3394	55,98	2	7,368163888	0,632	0,692916338	7
optimal_loci_123393_G	1182	1,211721	0	5413	48,22	2	7,368163888	0,296	0,692931698	7
optimal_loci_123394_G	1784	1,211721	0	6673	46,52	2	7,368163888	0,42	0,692941284	7
optimal_loci_123419_G	1224	0,915756	6,94	6033	45,58	3	1,262336802	0,354	0,69469132	8
optimal_loci_123429_G	1581	0,915756	15,12	3030	36,3	2	0,332598363	0,191	0,69496037	8
optimal_loci_123450_G	1570	0,894396	32,23	2675	39,23	1	4,851726451	0,16	0,695450959	8
optimal_loci_123505_G	1341	0,472787	27,31	1086	46,6	3	3,68454408	0,413	0,697694116	4
optimal_loci_123810_G	1259	0,863292	0	5288	36,06	1	44,77702782	0,165	0,709828184	4
optimal_loci_123860_G	1284	0,787444	10,2	2065	53,81	1	0,125011157	0,43	0,711746851	7
optimal_loci_123868_G	1329	0,811326	0	1241	40,4	2	7,566769946	0,254	0,712543335	7
optimal_loci_123895_G	3426	1,009745	0	3054	54,58	3	1,180327503	0,565	0,713388686	9
optimal_loci_123955_G	1225	1221988	31,18	17888	33,87	2	4,363049483	0,062	0,71530695	8
optimal_loci_123956_G	1122	1,221988	34,4	14369	33,33	1	8,726098966	0,023	0,715334506	8
optimal_loci_123958_G	1050	1221988	0	12774	57,23	1	8,726098966	0,586	0715347189	8
optimal_loci_123992_G	2284	1,241493	0	9039	52,62	1	5,116274663	0,447	0,716471374	6
optimal_loci_123995_G	2348	1183065	L19	2794	51,19	1	5,116274663	0,445	0716598709	6
optimal_loci_124131_G	2171	2,781551	4,51	16135	53,38	1	4,622748638	0,621	0,723006986	12
optimal_loci_124148_G	1153	2,832272	0	3738	51,17	1	4,622748638	0,608	0,723109047	12
optimal_loci_124151_G	1280	2,832272	2,34	1001	46,71	2	2,311374319	0,214	0,723162098	12
optimal_loci_124182_G	1426	3,055165	0	6071	51,96	3	1,444868996	0,439	0,72442611	13

optimal_loci_124185_G	1945	3,055165	3,86	2001	38,92	4	3,050252616	0,124	0,724453126	13
optimal_loci_124188_G	1271	3055165	28,17	1001	48,7	5	4,705438701	0,389	0,72462309	14
optimal_loci_324189_G	1076	3,055165	4,93	2305	41,54	5	4,705438701	0,413	0,724633011	14
optimal_loci_124192_G	1935	3,055165	0	2385	57,51	1	11,32618304	0,545	0,724800798	14
optimal_loci_124208_G	1116	3,402982	13,53	3674	41,57	3	15,76403463	0,184	0,725469802	14
optimal_loci_124212_G	1214	3,402982	0	1975	45,88	3	15,76403463	0,365	0,725496118	14
optimal_loci_124234_G	1237	4,189987	0	2001	42,19	2	10,71779386	0,205	0,726530855	14
optimal_loci_124235_G	1126	4,189987	17,41	1173	52,75	2	10,71779386	0,51	0,726589695	14
optimal_loci_124257_G	1349	2,829145	0	1893	45,81	1	11,85600426	0,412	0,72773395	11
optimal_loci_124293_G	1995	1,212419	36,74	3741	48,42	2	0,181424856	0,401	0,72843029	11
optimal_loci_124354_G	1277	0,045162	29,29	3386	37,27	2	3,05893284	0,219	0,731557819	3
optimal_loci_124363_G	1205	0,061264	9,46	7361	37,75	1	5,108757822	0,245	0,73210581	3
optimal_loci_124513_G	2086	0,253998	14,33	2001	48,94	1	9,259337464	0,273	0,739916298	3
optimal_loci_124525_G	2017	0,285718	16,91	3086	51,46	2	0,552782824	0,438	0,74052618	3
optimal_loci_124583_G	1163	0,34939	30,61	2001	42,99	4	26,19732374	0,301	0,743138639	3
optimal_loci_124694_G	1596	0,314181	33,02	5872	40,72	2	10,50866178	0,17	0,748131039	5
optimal_loci_124720_G	1840	0,561059	19,35	2265	42,01	1	29,17529525	0,22	0,748694307	6
optimal_loci_124736_G	1776	1,050425	0	2509	36,99	5	4,382086912	0,193	0,749822417	8
optimal_loci_124740_G	1652	1,050425	7,51	4811	44,55	5	4,382086912	0,251	0,749860495	8
optimal_loci_124781_G	1027	1,16114	30,77	3917	33,1	2	48,57456276	0,277	0,751637821	8
optimal_loci_124791_G	1923	1,32175	0	3558	49,03	3	21,42699045	0,375	0,752501218	7
optimal_loci_124792_G	1524	1,32175	0	2001	53,28	3	21,42699045	0,507	0,752516099	6
optimal_loci_124795_G	2671	1,221744	34,71	2918	55,78	5	52,89677981	0,514	0,752768975	7
optimal_loci_124875_G	1791	0,534359	34,61	4361	46,67	3	7,185935828	0,443	0,756419829	3
optimal_loci_124897_G	1039	0,616001	13,86	6572	43,98	1	41,02160289	0,385	0,757641397	4
optimal_loci_124985_G	1464	0,952591	14,75	2246	40,98	2	15,36161189	0,179	0,760764498	4
optimal_loci_124986_G	1191	0,952591	0	1001	59,36	2	15,36161189	0,477	0,760776047	4
optimal_loci_125047_G	1052	0,75794	0	4470	48,09	1	16,92482008	0,472	0,763234481	6
optimal_loci_125071_G	1087	0,579466	15,82	2181	50,13	4	4,286517962	0,494	0,764793228	8
optimal_loci_125085_G	1010	0,515327	0	2001	55,04	2	3,211625724	0,616	0,765337849	8
optimal_loci_125104_G	1363	0,520405	9,68	9776	43,43	1	19,31673218	0,318	0,765882553	8
optimal_loci_125141_G	1377	0,969821	0	11953	42,84	2	2,068657529	0,296	0,767342662	13
optimal_loci_125160_G	1529	0,993207	6,47	17794	36,1	1	13,90923326	0,129	0,767674326	13
optimal_loci_125179_G	1588	1,308572	0	9565	39,67	1	13,90923326	0,259	0,767943338	14
optimal_loci_125184_G	1075	1,308572	7,81	8680	54,32	2	87,97966062	0,534	0,768182748	14

optimal_loci_125225_G	1235	1,164363	0	1779	39,27	2	49,70160091	0,117	0,769978066	11
optimal_loci_125230_G	2345	1,164363	8,66	4474	4535	4	1,917911838	0,356	0,770215109	11
optimal_loci_125235_G	1301	1,173374	0	2207	5257	1	56,2780183	0,424	0,770655728	13
optimal_loci_125236_G	1112	1,173374	10,97	3936	47,12	1	56,2780183	0,533	0,770668882	13
optimal_loci_125238_G	2075	1,173374	1,88	6740	47,66	1	56,2780183	0,392	0,770690215	13
optimal_loci_125246_G	1737	1,20312	2,94	2001	38,91	3	12,56425016	0,126	0,771085407	13
optimal_loci_125267_G	1259	1,390089	2,22	6727	50,91	4	27,48896004	0,707	0,771668706	13
optimal_loci_125311_G	1032	0,916339	0	12933	38,08	1	21,78193314	0	0,774107922	12
optimal_loci_125314_G	1300	0,908111	14,62	17385	52,69	1	0,048223629	0,46	0,774423769	12
optimal_loci_125374_G	1006	0,701684	0	1001	55,16	1	0,023734225	0,604	0,774938133	8
optimal_loci_125375_G	1858	0,701684	2,96	2413	46,87	1	0,023734225	0,443	0,774948875	8
optimal_loci_125429_G	1959	0,328045	1,43	5242	38,48	2	6,003371758	0,183	0,776469742	7
optimal_loci_125431_G	1900	0,330291	11,26	2732	36,68	2	6,003371758	0,26	0,776489287	7
optimal_loci_125456_G	1238	0,200055	14,05	10546	39,66	2	0,215091449	0,123	0,771682484	8
optimal_loci_125535_G	1076	0,12462	21,93	1001	42,93	1	4,214565228	0,2	0,780511786	5
optimal_loci_125555_G	1339	0,099255	0	4591	38,61	3	3,426650536	0,166	0,782017528	7
optimal_loci_125567_G	1041	0,099255	14,7	12420	37,94	1	10,21995161	0,125	0,782259022	7
optimal_loci_125571_G	1800	0,099255	2606	11078	34	1	10,27995161	0,135	0,78229446	7
optimal_loci_125623_G	1247	0,149563	29,59	17908	37,28	1	0,028898055	0,039	0,784735495	6
optimal_loci_125625_G	1267	0,149563	0	13877	36,62	2	12,63932979	0,171	0,784766011	6
optimal_loci_125639_G	1038	0,140294	25,82	2486	39,88	2	12,84356224	0,167	0,78507126	6
optimal_loci_125746_G	1276	2,299265	0	7583	38,63	2	97,1178502	0,154	0,789356571	8
optimal_loci_125749_G	1179	1299265	9,25	3883	43,93	2	97,1178502	0,211	0,789385458	8
optimal_loci_125753_G	1380	2,299265	2,46	1001	57,02	2	97,00878502	0,492	0,789451024	8
optimal_loci_125797_G	1026	3125287	0	3733	32,06	2	10,64292978	0,115	0,790730276	8
optimal_loci_125805_G	1642	3,125287	0	2674	47,5	3	10,01591641	0,394	0,790774927	8
optimal_loci_125809_G	1311	3,193339	0	2441	40,35	4	7,84234752	0,274	0,190841999	8
optimal_loci_125811_G	1505	3,646885	0	2001	44,25	3	8,622149186	0,245	0,790912084	8
optimal_loci_125813_G	1947	3,646885	9,5	2716	40,67	2	5,041765257	0,158	0,790980032	8
optimal_loci_126156_G	1463	0,503484	28,5	1863	37,25	3	8,595827315	0,157	0,80268379	9
optimal_loci_126157_G	1199	0,503484	21,18	3416	37,61	3	8,595827315	0,333	0,802695605	9
optimal_loci_126203_G	1699	2,242129	0	4296	49,44	1	0,224603298	0,422	0,805366683	10
optimal_loci_126206_G	1032	2142129	0	12970	51,55	1	13,12477661	0,29	0,805587103	10
optimal_loci_126208_G	1188	2,242129	19,46	10400	43,56	1	13,12477661	0,298	0,805600904	10
optimal_loci_126215_G	1090	2,242129	14,68	3429	32,38	1	13,12477661	0,238	0,80565925	10

optimal_loci_126218_G	4830	2,242129	3,23	1001	54,45	1	13,12471661	0,63	0,805714827	10
optimal_loci_126220_G	1255	2,242129	0	6634	37,52	1	13,12477661	0,151	0,805757683	10
optimal_loci_126239_G	2489	1,975652	0	5436	46,44	4	1,87207005	0,324	0,806318531	10
optimal_loci_126290_G	1010	2,433767	9,01	2001	48,91	5	36,59305702	0,592	0,807524753	9
optimal_loci_126368_G	2212	1,859813	0	2800	48,96	2	1,193987169	0,329	0,810600191	5
optimal_loci_126431_G	1079	1,226676	8,71	4734	36,05	2	9,95558252	0,1	0,812856191	5
optimal_loci_126434_G	3034	1,214984	11,31	1001	38,1	2	9,95558252	0,229	0,812870318	5
optimal_loci_126470_G	1719	0,651101	8,09	14047	37,63	1	7,409532728	0,058	0,81435701	5
optimal_loci_126484_G	3024	0,651101	5,22	4794	53,76	2	3,704766364	0,592	0,814540043	4
optimal_loci_126599_G	1064	2,767694	0	10091	37,96	1	16,8511709	0,251	0,819808828	9
optimal_loci_126605_G	1519	1131968	2158	4015	33,17	4	12,83142476	0,075	0,820341747	11
optimal_loci_126640_G	1494	5,044848	8,3	12469	41,36	2	1,76353648	0,148	0,821668891	16
optimal_loci_126657_G	1019	5,044848	0	17098	37,97	1	7260521121	0,049	0,822161899	16
optimal_loci_126660_G	1506	5,044848	3,45	14229	52,52	1	7,860521121	0,455	0,822180021	16
optimal_loci_126671_G	1019	5,044848	4,51	4995	40,03	1	7,860521121	0,164	0,822377487	16
optimal_loci_126616_G	1027	5,044848	0	1001	44,69	1	31,21916018	0,229	0,822622587	16
optimal_loci_126685_G	3043	5,044848	0	12471	46,89	1	10,20607328	0,357	0,822989302	16
optimal_loci_126699_G	2382	5,044848	30,65	1219	31,02	3	7,657872333	0,06	0,823152707	16
optimal_loci_126711_G	1191	4,077711	27,2	2525	37,11	3	0,07113113	0,178	0,824058069	15
optimal_loci_126715_G	1137	4,077711	34,48	1050	35,53	3	0,07113113	0,078	0,82410024	15
optimal_loci_126731_G	1342	3,592384	0	2817	51,34	4	13,65268256	0,417	0,824511538	15
optimal_loci_126742_G	2691	3,592384	0	1490	35,63	3	12,68854499	0,073	0,824637983	15
optimal_loci_126747_G	1331	3,506942	4,51	5386	36,88	2	12,21957331	0,101	0,82473634	15
optimal_loci_126748_G	1023	3,506942	20,72	13588	54,64	2	18,06034173	0,641	0,824801837	15
optimal_loci_126749_G	1275	3,506942	0	11902	44,39	2	18,06034173	0,227	0,824812747	15
optimal_loci_126831_G	1044	1,343029	0	6283	36,68	1	4,097741754	0,121	0,82802894	11
optimal_loci_126854_G	1393	1,6791	38,19	2005	36,75	2	10,36388213	0,184	0,828705202	6
optimal_loci_126864_G	4213	2,366671	8,05	2759	49,91	3	17,39530034	0,457	0,828965481	6
optimal_loci_126877_G	1426	2,366671	0	2909	37,23	2	8,468543611	0,16	0,829571969	7
optimal_loci_126886_G	1127	2,366671	0	1013	35,66	1	3,075210519	0,157	0,830062101	7
optimal_loci_126893_G	1308	2,366671	17,74	6550	34,86	2	4,397544243	0,167	0,830267472	7
optimal_loci_126954_G	1113	1,758263	5,39	2800	34,14	2	7,971939438	0,088	0,83325493	9
optimal_loci_127005_G	1187	1,11869	3,29	1767	42,88	4	85,27050481	0,318	0,835505148	8
optimal_loci_127008_G	1421	1,116533	11,26	2858	49,26	4	85,27050481	0,422	0,835561188	8
optimal_loci_127020_G	1677	1,116533	24,75	6058	52,23	1	69,6756097	0,495	0,835694192	8

optimal_loci_127038_G	1588	0,970938	35,64	16290	49,74	1	0,015030147	0,385	0,836149312	8
optimal_loci_127044_G	1386	0,88854	13,85	1113	39,68	1	2,329149325	0,399	0,836640965	9
optimal_loci_127097_G	1126	0,838173	2,58	2001	43,25	1	3208692665	0,346	0,838973349	8
optimal_loci_127103_G	1031	0,838173	16,49	4723	54,41	1	3,808692665	0,833	0,83905703	8
optimal_loci_127133_G	2612	0,935983	0	3646	47,47	3	23,57138316	0,406	0,840230187	6
optimal_loci_127197_G	1215	1,839918	0	1001	55,3	1	10,27406219	0,563	0,843203038	12
optimal_loci_127221_G	1154	1,839918	9,1	1001	30,76	1	10,38832075	0,158	0,843832191	12
optimal_loci_127236_G	1347	2,030549	6,68	3190	38,53	1	0,75864597	0,158	0,844316016	11
optimal_loci_127240_G	1304	2039549	0	2002	46,93	1	0,75864597	0,352	0,844373251	11
optimal_loci_127248_G	1711	2,172199	39,86	2935	32,96	4	22,10193686	0,038	0,844758278	11
optimal_loci_127250_G	1910	2,172199	19,11	5231	43,29	5	17,95287966	0,306	0,844775746	11
optimal_loci_127252_G	1367	2,172199	0	8093	45,35	5	17,95287966	0,365	0,84479752	11
optimal_loci_127259_G	1801	2,205567	5,5	2001	52,13	2	0,95879553	0,47	0,844895633	12
optimal_loci_127268_G	2149	2,212146	2,19	2758	47,97	2	0,95819553	0,344	0,845001235	12
optimal_loci_127306_G	1515	2,560096	0	6825	33,79	1	13,47122548	0,142	0,846313548	12
optimal_loci_127340_G	1137	2,554222	22,16	2001	58,48	3	37,03752722	0,601	0,846995227	12
optimal_loci_127359_G	1095	2,973201	0	4375	53,05	2	7,078007944	0,618	0,848704697	6
optimal_loci_127455_G	1391	2,780624	0	1001	44,21	1	0,254642274	0,427	0,852420608	2
optimal_loci_127574_G	1908	2,979594	5,66	2488	47,06	1	31,01107108	0,438	0,857383132	6
optimal_loci_127581_G	1207	2,979594	2,82	17104	56,33	1	31,01107108	0,582	0,85749433	6
optimal_loci_127583_G	1827	2,979594	0	19164	56,43	1	31,01107108	0,514	0,857510003	6
optimal_loci_127626_G	1432	2,979594	39,87	1001	48,67	3	14,03301076	0,435	0,858912778	6
optimal_loci_127627_G	1006	2,979594	0	1191	47,01	5	49,27924357	0,516	0,859018058	6
optimal_loci_127644_G	1991	1,113133	0	1399	54,79	5	7,658875309	0,554	0,860421518	9
optimal_loci_127730_G	1362	0,011428	0	8425	40,08	3	2,058117192	0,184	0,863443181	7
optimal_loci_127733_G	1553	0,011428	0	6839	42,49	3	2,058117192	0,268	0,863453795	7
optimal_loci_127734_G	2532	0,011428	0	4274	33,68	3	2,058117192	0,078	0,863465861	7
optimal_loci_127788_G	1685	0011525	6,17	8259	50,86	1	13,55318398	0,607	0,864411112	6
optimal_loci_127828_G	1038	0,011525	33,04	5520	44,02	2	9,134301835	0,384	0,865685076	10
optimal_loci_127873_G	2276	2,519335	0	1001	37,12	2	0,047166509	0,172	0,866916891	12
optimal_loci_127930_G	3282	1,991287	1,07	2954	55,81	4	3,764156101	0,616	0,868329267	8
optimal_loci_127935_G	2095	1,991287	7,35	2212	49,88	1	0,274622514	0,577	0,868478925	8
optimal_loci_127931_G	1996	1,991287	8,02	3319	49,39	1	0,274622514	0,557	0,86857035	8
optimal_loci_127954_G	1240	1698374	0	3589	37,17	1	2,456349409	0,219	0,868795852	8
optimal_loci_127989_G	1452	1,471422	0	6831	36,98	1	2,115040627	0,095	0,869936569	10

optimal_loci_127990_G	1492	1471422	0	8452	47,92	1	2,115040627	0,458	0,869948902	10
optimal_loci_128058_G	1157	0984794	0	16550	30,85	1	82,26376666	0	0,872693846	7
optimal_loci_128077_G	1206	0,99956	0	1001	53,89	2	190,6464465	0,536	0,873219477	7
optimal_loci_128078_G	3047	0,99956	8,6	2491	46,4	2	190,6464465	0,439	0,873268731	7
optimal_loci_128128_G	1308	1,081884	0	7682	41,81	3	1,02978178	0,112	0,875508222	8
optimal_loci_128140_G	1281	0,998191	0	1209	47,07	1	0,135143806	0,327	0,876042723	8
optimal_loci_128196_G	1305	1,060897	21,15	10742	3371	1	7,503547688	0,108	0,878306514	6
optimal_loci_128207_G	1320	1,058573	0	1906	36,06	4	7,944110451	0	0,879050442	6
optimal_loci_128209_G	1284	1,064397	0	2001	46,33	4	7,290190058	0,376	0,879186899	6
optimal_loci_128232_G	1137	1,164767	2,99	2001	60,07	5	40,93059429	0,363	0,880168204	6
optimal_loci_128314_G	1522	1,510218	0	1623	36,07	2	12,26290847	0,095	0,883843946	5
optimal_loci_128355_G	1288	1,909735	3,57	18938	39,36	1	56,25114998	0,18	0,884552953	5
optimal_loci_128380_G	1727	2,888969	0	2876	42,79	2	56,7248922	0,286	0,885925691	8
optimal_loci_128404_G	3429	3,627362	0,85	4217	48,46	2	2,083654179	0,317	0,886515792	10
optimal_loci_128484_G	1821	3,894286	12,9	2001	41,79	4	17,98153763	0,358	0,889051973	9
optimal_loci_128488_G	1155	3,844286	0	3244	50,47	4	17,80222952	0,376	0,88919864	9
optimal_loci_128505_G	1122	3,408946	14,44	3707	39,12	1	69,60586615	0,377	0,88966238	9
optimal_loci_128508_G	1377	3,408946	2,83	6465	34,64	1	69,60586615	0,192	0,889683363	9
optimal_loci_128517_G	1592	3,408946	13,51	8228	51,38	2	1,570919287	0,503	0,889791663	8
optimal_loci_128519_G	2104	3,408946	18,87	4765	42,91	2	1,570919287	0,406	0,889814114	8
optimal_loci_128579_G	1500	3,208603	14,8	1815	44,26	1	2,351402635	0,196	0,891977524	7
optimal_loci_128678_G	1330	4,448565	0	2054	36,84	3	2,962521286	0,239	0,89613127	1
optimal_loci_128771_G	1276	3,625382	5,8	4987	37,61	3	2,759717332	0,118	0,901366244	5
optimal_loci_128772_G	1046	3,625382	0	3194	30,78	3	2,759717332	0,083	0,901381635	5
optimal_loci_128775_G	1162	3,625382	21,34	2001	40,7	2	4,139575998	0,236	0,901446585	5
optimal_loci_128776_G	1142	3,71562	23,03	1001	45,7	2	4,139575998	0,313	0,90146966	5
optimal_loci_128823_G	1854	1,870192	0	1001	45,09	2	1,800589461	0,272	0,903729555	5
optimal_loci_128957_G	1124	0,530133	13,97	2820	38,87	1	0,718400452	0,191	0,907881878	2
optimal_loci_129054_G	1001	2,596095	0	1001	38,16	3	86,31756703	0	0,911583661	5
optimal_loci_129063_G	1059	5,228885	27,57	2178	53,63	3	23,40429408	0,667	0,912569189	4
optimal_loci_129067_G	1102	5,228885	0	2269	36,75	3	17,33205238	0	0,912672209	4
optimal_loci_129084_G	1261	5,228885	18,32	2792	34,81	3	23,98652266	0,09	0,913429139	5
optimal_loci_129164_G	1516	5,377074	13,39	4485	50,59	2	19,03122322	0,505	0,917117068	8
optimal_loci_129240_G	1336	14,329869	0	6152	54,11	5	43,52710853	0,609	0,91949208	8
optimal_loci_129241_G	1837	14,329869	2,07	4282	54,43	5	43,52710853	0,454	0,919502495	8

optimal_loci_129243_G	1335	14,329869	12,13	2370	48,61	5	43,52710853	0,572	0,919520861	8
optimal_loci_129255_G	1132	14,329869	0	1631	33,48	6	11,25024042	0,116	0,919995762	8
optimal_loci_129269_G	1394	14,329869	18,72	1001	37,8	3	31,85056347	0,17	0,920511943	8
optimal_loci_129270_G	1517	2,794552	0	2557	45,81	3	31,85056347	0,328	0,920523781	8
optimal_loci_129317_G	1089	1794552	35,9	1993	37,09	5	0842434685	0,092	0322171603	7
optimal_loci_129396_G	1009	1,348583	29,73	3490	39,74	3	12,48289127	0,275	0,927253467	4
optimal_loci_129413_G	1066	1,079304	15,1	8415	36,02	2	17,15889008	0,125	0,927509804	4
optimal_loci_129463_G	1362	1,207893	31,79	10005	34,58	1	0,078486601	0,042	0,929009863	6
optimal_loci_129496_G	1461	1,207893	0	18782	34,22	1	53,26413211	0,175	0,930232328	8
optimal_loci_129571_G	1244	1,485285	0	11996	43,32	3	15,19881314	0,272	0,932684903	10
optimal_loci_129573_G	1417	1,485285	0	8591	39,44	3	15,19887314	0,267	0,932709493	10
optimal_loci_129585_G	1101	2,241472	0	6236	40,96	1	84,76962961	0,172	0,933098445	9
optimal_loci_129586_G	1211	2,241472	0	2685	38,64	2	42,3848148	0,115	0,933124624	9
optimal_loci_129622_G	1341	3,940308	4,62	6560	54,88	3	6,35298416	0,509	0,934555176	8
optimal_loci_129653_G	1116	4,296468	0	6521	37	1	0,088239714	0,12	0,935474112	8
optimal_loci_129662_G	1232	4,32355	7,71	6598	36,6	4	8,497624401	0,109	0,935578517	8
optimal_loci_129663_G	1069	4,32355	0	5320	39,85	4	8,497624401	0,211	0,93558948	8
optimal_loci_129793_G	1465	3,983841	34,06	11781	40,34	2	12,41773026	0,325	0,941449804	7
optimal_loci_129807_G	1314	3,796356	2,13	6122	39,42	3	12,46467482	0,038	0,941675039	7
optimal_loci_129812_G	2360	3,796356	0	3704	42,24	2	35,28247761	0,365	0,941818093	7
optimal_loci_129846_G	1304	2,747528	9,82	9363	57,82	1	15,29094785	0,525	0,943112857	7
optimal_loci_129849_G	1860	2,742141	0	4396	53,92	1	15,29094785	0,684	0,943146416	7
optimal_loci_129866_G	1014	2,218016	0	9063	54,53	1	15,29094785	0,78	0,94329599	7
optimal_loci_129894_G	1010	0,80332	0	4699	44,45	3	6,17892546	0,34	0,945161355	11
optimal_loci_129949_G	1127	0,237623	0	2677	32,56	3	10,32657005	0	0,947337935	7
optimal_loci_129983_G	1015	0320021	0	1334	39,01	3	12,10420311	0,197	0,948193008	9
optimal_loci_129984_G	1901	0,320021	21,25	2001	39,76	4	9,73159355	0,149	0,948232304	9
optimal_loci_129998_G	1064	0,320021	6,48	13084	49,62	1	2,613764871	0,352	0,948475897	9
optimal_loci_130011_G	1452	2,074055	17,29	1531	48,48	1	40,25478744	0,275	0,949146796	8
optimal_loci_130014_G	1109	2,074055	12,8	5120	59,33	1	40,25478744	0,392	0,949174055	8
optimal_loci_130118_G	1150	0,292894	0	1001	31,56	5	44,23087748	0,147	0,951482026	7
optimal_loci_130128_G	1098	4,39774	0	1122	48,45	2	78,71941345	0,381	0,951997142	7
optimal_loci_130272_G	1000	3,190607	0	2294	53,7	2	114,9074331	0,553	0,959173905	7
optimal_loci_130317_G	2115	3,363991	0	1619	45,91	3	24,92407881	0,42	0,960601726	7
optimal_loci_130348_G	1459	3,50156	0	2711	43,45	1	25,43299669	0,27	0,961324458	10

optimal_loci_130353_G	1182	3,616659	0	5284	41,37	1	1,264912316	0,207	0,961491073	10
optimal_loci_130391_G	1202	3,61333	9,07	4067	44,75	1	6,832817341	0,288	0,962660625	10
optimal_loci_130404_G	1009	3,678618	20,12	5612	41,52	1	14,03136204	0,422	0,962968118	10
optimal_loci_130405_G	1554	3,678618	0	3767	36,16	1	14,03136204	0,044	0,962978009	10
optimal_loci_130441_G	1529	3,082673	0	1001	39,24	2	8,483973245	0,021	0,964512387	9
optimal_loci_130452_G	1061	3,30523	6,13	4117	34,3	2	8,483973245	0,121	0,96457488	9
optimal_loci_130457_G	1017	3,30523	0	3407	43,55	2	8,483973245	0,299	0,964621425	9
optimal_loci_130540_G	1896	2,88584	6,28	8216	35,39	2	4,729089955	0,189	0,967960602	4
optimal_loci_130666_G	1039	0,954189	0	6839	37,43	1	1,42162878	0	0,971852198	3
optimal_loci_130675_G	1091	0,980203	0	15109	37,85	1	7,121792745	0,09	0,97251682	3
optimal_loci_130688_G	1548	0,689511	0	14142	36,75	2	5,391416695	0,12	0,97338084	4
optimal_loci_130752_G	1589	3,337613	19,45	2001	40,02	2	2,749075785	0,18	0,97672074	4
optimal_loci_130777_G	1419	4,221166	19,45	2197	40,87	4	4,109283093	0,273	0,977918768	5
optimal_loci_130785_G	1565	4,216929	0	3870	38,53	1	49,05459414	0,022	0,978418372	5
optimal_loci_130824_G	1768	3,621243	0	2002	35,63	3	0,013032351	0	0,980649805	6
optimal_loci_130840_G	1289	4,252115	32,2	3870	34,98	1	0,109826069	0,032	0,981699058	6
optimal_loci_130888_G	1668	4,245	0	11512	37,47	3	46,95041566	0,064	0,983582432	5
optimal_loci_130897_G	1039	4,245	0	2286	37,92	4	40,29911578	0,074	0,983657409	5
optimal_loci_130943_G	1216	1,97504	23,93	16097	34,53	1	12,19515724	0,136	0,986838035	4
optimal_loci_130967_G	1168	2,688817	0	2122	41,6	5	10,20076422	0,188	0,987676097	3
optimal_loci_131035_G	1716	0,581406	0	1001	37,93	3	2,595131653	0,201	0,991102903	2
optimal_loci_131332_G	1052	0,681654	30,51	5120	39,73	1	2,346964998	0,133	0,995176258	2
optimal_loci_131346_G	1366	1,164085	3,51	11860	41,72	2	1,91475527	0,247	0,994325204	2
optimal_loci_131459_G	2036	1362211	0	1001	41,4	4	3,346704666	0,132	0,987952469	1
optimal_loci_131605_G	1796	2,300563	2261	2001	45,71	2	6,41424284	0,391	0,981183333	5
optimal_loci_131609_G	1058	2,667337	0	3377	26,55	2	6,41424284	0,116	0,981009972	5
optimal_loci_131623_G	1507	3,520287	6,5	3547	42,4	5	1,834819545	0,264	0,980642232	5
optimal_loci_131632_G	1544	4,683605	0	3617	40,34	6	1,640764931	0,234	0,980366401	5
optimal_loci_131696_G	1035	6,503542	0	5276	42,41	2	3,320696549	0,175	0,97648641	7
optimal_loci_131802_G	1543	9,046044	1277	1609	37,58	2	2,431915449	0,156	0,972239867	10
optimal_loci_131819_G	1104	8,844509	4,98	6426	38,4	2	2,431915449	0,159	0,972050389	10
optimal_loci_131858_G	1291	8,614337	0	15970	37,95	1	53,29644046	0,141	0,971218262	12
optimal_loci_131859_G	2442	8,614337	0	13184	34,43	1	53,29644046	0,1	0,971191804	12
optimal_loci_131861_G	1775	8,614337	6,76	9270	37,74	1	53,29644046	0,223	0,971154634	12
optimal_loci_131865_G	1339	8,614337	0	5261	39,43	1	53,29644046	0,159	0,971116562	12

optimal_loci_131868_G	1154	8,614337	12,48	2242	38,38	1	5129644046	0,375	0,971087892	12
optimal_loci_131891_G	1978	7,689007	0	2686	41,75	1	179,8552479	0,259	0,970411814	13
optimal_loci_131984_G	1266	9,537879	27,01	2001	36,25	4	16,30825007	0,194	0,968851244	14
optimal_loci_132051_G	1133	5,396735	0	2001	41,21	7	7,100519233	0,335	0,967042308	12
optimal_loci_132052_G	1654	5,396735	21,4	1641	44,61	7	7,100519233	0,298	0,967024824	12
optimal_loci_132055_G	2593	5,670676	0	2716	35,55	1	3,172548861	0,151	0,966648585	12
optimal_loci_132069_G	1130	4,384593	21,59	6596	41,32	4	3,894387945	0,147	0,965982232	7
optimal_loci_132101_G	1314	4,213742	5,02	3027	47,71	3	8,628767514	0,36	0,964476021	9
optimal_loci_132203_G	1261	4,058497	0	5952	41,47	4	6,776792005	0,236	0,960151339	5
optimal_loci_132208_G	1782	4,058497	0	1001	35,4	3	0,232544505	0,152	0,960080237	5
optimal_loci_132212_G	1290	4,058497	14,65	2001	38,52	2	0,348816757	0,298	0,960017531	5
optimal_loci_132256_G	1027	4,894376	0	1749	38,26	3	17,09145572	0,105	0,957424245	11
optimal_loci_132358_G	1241	5,449586	16,6	2661	41,01	3	0,034827694	0,199	0,955049791	11
optimal_loci_132378_G	1082	5,204372	0	4181	41,49	3	11,61513894	0,184	0,954483533	11
optimal_loci_132401_G	1167	5,204372	0	9908	38,56	6	0,012608178	0,148	0,954207113	11
optimal_loci_132417_G	1141	5,204372	23,58	1956	46,71	6	2,982767441	0,506	0,954043476	11
optimal_loci_132435_G	1377	5,178467	0	2423	40,95	4	33,42151784	0,196	0,953683333	11
optimal_loci_132449_G	1093	4,822236	0	4066	36,32	2	6,690642573	0,273	0,953430009	11
optimal_loci_132451_G	1787	4,822236	19,36	1254	39,95	2	6,690642573	0,327	0,953403305	11
optimal_loci_132475_G	1076	5,600031	0	2960	41,91	4	11,97902888	0,296	0,952545214	12
optimal_loci_132477_G	1016	5,600031	0	2593	40,05	4	11,97902888	0,309	0,95252528	12
optimal_loci_132478_G	1430	5,600031	18,46	1001	41,11	4	11,97902888	0,316	0,952510161	12
optimal_loci_132563_G	1254	3396758	21,61	2206	51,59	3	3,357133457	0,549	0,948571083	7
optimal_loci_132570_G	1097	3,796758	8,57	5545	39,38	4	1,690185295	0,124	0,948479734	7
optimal_loci_132647_G	1791	2,647782	0	17368	55,94	1	0,113760312	0,709	0,944504103	8
optimal_loci_132651_G	1022	2,568351	0	2919	40,7	2	1,474454921	0,209	0,944167369	8
optimal_loci_132677_G	1174	4,875804	1E61	3637	39,94	2	9,458449701	0,342	0,943476942	8
optimal_loci_132684_G	1133	4,875804	0	3694	35,3	5	4,007371632	0,198	0,943248623	8
optimal_loci_132688_G	1357	4,875804	0	2071	37,73	4	0,741245399	0,195	0,943076011	8
optimal_loci_132738_G	1143	5,824278	2,45	6541	32,63	1	0,908315347	0,089	0,941370703	14
optimal_loci_132781_G	1042	4,966134	0	5054	38,57	4	7,068621726	0,226	0,938943495	13
optimal_loci_132782_G	1409	4,966134	0	6208	37,82	3	6,65251045	0,366	0,93892905	13
optimal_loci_132816_G	1279	4,649727	0	6655	37,13	1	11,46963483	0,198	0,938035888	12
optimal_loci_132819_G	2579	4,649727	0	2001	36,87	1	11,46963483	0,156	0,93799169	13
optimal_loci_132822_G	1185	4649727	0	4836	45,99	3	7,495686068	0,288	0,937838984	13

optimal_loci_132841_G	3019	5,051751	12,39	1665	34,84	2	48,34091575	0,083	0,93702359	13
optimal_loci_132843_G	2140	4,40511	0	12864	39,62	1	40,13881237	0,163	0,936925584	13
optimal_loci_132845_G	1916	4,40511	0	15959	33,55	1	40,13881237	0,134	0,936898319	13
optimal_loci_132901_G	1297	2,597625	33,77	2577	36,08	4	2,209162043	0,148	0,935086258	13
optimal_loci_132947_G	2043	2,703185	4,36	1793	40,23	3	6,83394289	0,15	0,933404292	12
optimal_loci_132948_G	1066	2,703185	8,35	2001	39,3	3	6,83394289	0,073	0,933393466	12
optimal_loci_132949_G	1076	2,703185	15,43	5107	39,4	2	4,674219817	0,188	0,933237654	11
optimal_loci_133081_G	1730	2,384243	0	5846	33	1	11,43464048	0,158	0,930616904	6
optimal_loci_133102_G	1045	1,932006	8,8	10970	33,77	1	0,060692001	0,246	0,929247075	5
optimal_loci_133408_G	2331	3,94605	0	11438	42,81	1	20,61300748	0,348	0,908394055	6
optimal_loci_133439_G	1066	4,660472	34,9	2001	32,73	4	10,51363413	0,099	0,907407445	6
optimal_loci_133450_G	1095	4,863953	7,49	1203	40	1	6,669761224	0,386	0,906363362	7
optimal_loci_133462_G	1034	4,863953	0	16724	33,26	1	35,28135119	0	0,905856192	7
optimal_loci_133490_G	1484	4,989573	0	12973	45,82	2	1,070836912	0,382	0,904971852	7
optimal_loci_133502_G	1169	4,989573	1985	6717	34,3	2	2,702637536	0,226	0,904578044	7
optimal_loci_133576_G	1206	5,905701	2355	1401	34,41	2	0,058410659	0,174	0,901737635	8
optimal_loci_133658_G	1505	6,123902	0	7523	43,78	3	2,634035529	0,417	0,898925366	4
optimal_loci_133662_G	1433	6,123902	0	3678	45,35	3	2,634035529	0,287	0,898888851	4
optimal_loci_133665_G	1040	6,123902	0	1146	38,55	3	2,634035529	0,012	0,898809449	4
optimal_loci_133801_G	1296	3,446106	30,48	2726	39,89	1	1,158079822	0,163	0,893054435	3
optimal_loci_133810_G	1386	3,39408	0	6713	34,92	1	1,158079822	0,117	0,892924777	3
optimal_loci_133813_G	1370	3,325638	0	8742	53,21	1	1,158079822	0,63	0,89290566	3
optimal_loci_133945_G	1173	2,064251	27,37	3519	36,31	1	10,55535901	0,235	0,887623542	4
optimal_loci_133947_G	1042	2,064251	0	6916	4251	1	10,55535901	0,203	0,887592526	4
optimal_loci_134004_G	1475	1,373921	29,36	10211	45,69	1	11,38830358	0,278	0,88535151	4
optimal_loci_134039_G	2042	0,919536	1,37	3661	33,93	2	5,150542023	0,111	0,884016059	4
optimal_loci_134273_G	1707	1,07218	4,63	18546	52,78	1	230,8263123	0,462	0,872563827	1
optimal_loci_134374_G	2160	3,510306	0	7204	36,52	1	0,716779285	0,169	0,866766059	3
optimal_loci_134377_G	1100	3,510306	0	3513	49,27	1	0,716779285	0,512	0,866731007	3
optimal_loci_134378_G	1211	3,510306	8,18	2152	31,46	1	0,716779285	0,223	0,866718082	3
optimal_loci_134539_G	1316	2,546136	0	9499	47,26	1	14,54958954	0,508	0,860429801	2
optimal_loci_134544_G	1144	2,546136	0	13453	39,68	2	9,699946831	0,149	0,860312545	2
optimal_loci_134810_G	2012	1,172884	17,15	4755	37,72	1	10,93901172	0,178	0,8496785	5
optimal_loci_134830_G	1165	1,514368	32,27	13719	40,08	1	9,085555896	0,163	0,848414217	6
optimal_loci_134853_G	1065	1506985	0	2001	40,09	1	23,69184809	0,199	0,846835337	6

optimal_loci_134861_G	1662	1,506985	0	2033	46,38	2	9,842418425	0,587	0,846459117	6
optimal_loci_134885_G	1769	0,984704	0	7775	41,66	2	0,037166867	0,318	0,845093808	7
optimal_loci_134904_G	1052	0,701252	13,21	1352	43,15	1	2,128590795	0,258	0,844455518	6
optimal_loci_134993_G	2852	1,274329	0	5088	39,97	1	13,23284359	0,136	0,840449791	3
optimal_loci_135093_G	1328	1,841197	19,05	5894	41,26	1	1,142547466	0,309	0,835049962	1
optimal_loci_135280_G	1224	1,959903	9,64	15471	46,48	1	33,76928983	0,36	0,828997987	1
optimal_loci_135413_G	1507	1,634493	17,52	1783	34,7	4	45,19078194	0	0,823630674	2
optimal_loci_135476_G	1049	1,351397	8,67	23522	42,99	1	2,10902829	0,349	0,82015585	3
optimal_loci_135533_G	1267	1,008605	0	3204	38,75	1	14,56143021	0,181	0,818444986	2
optimal_loci_135655_G	2802	0,035436	23,95	2714	38,57	1	0,433546484	0,271	0,811396201	2
optimal_loci_135691_G	1249	0,611158	0	3152	56,84	1	10,04144049	0,44	0,808382764	2
optimal_loci_135845_G	1426	2,605959	0	3886	36,46	2	1,456574293	0,206	0,797465024	1
optimal_loci_136086_G	3484	0,658666	0	4381	34,98	2	25,70024146	0,057	0,785992507	4
optimal_loci_136109_G	1509	0,234225	0	1306	32,8	1	3,385430756	0,117	0,785116657	4
optimal_loci_136110_G	1009	0,234225	27,25	3701	35,18	1	3,385430756	0,099	0,785098661	4
optimal_loci_136152_G	1281	0,011706	0	19586	26,85	1	3,75573775	0,121	0,782877388	8
optimal_loci_136219_G	1932	0,012393	0	7544	36,95	1	0,777821556	0,167	0,780065774	8
optimal_loci_136225_G	1026	0,012393	30,02	3661	58,67	1	0,777821556	0,542	0,780028898	8
optimal_loci_136231_G	2154	0,012393	25,95	2015	42,47	3	1,337413504	0,181	0,779700532	8
optimal_loci_136247_G	1721	0,012393	8,37	10520	33,52	2	0,183149399	0,327	0,778116562	8
optimal_loci_136275_G	1313	1,767127	0	14020	41,58	1	3,873442664	0,172	0,777686638	7
optimal_loci_136311_G	1169	1,767127	18,48	2002	34,64	1	22,92700618	0,242	0,775656211	7
optimal_loci_136318_G	1173	1,761127	38,7	16857	47,39	1	22,92700678	0,384	0,775322678	7
optimal_loci_136716_G	1296	0,348347	22,38	5770	32,56	3	26,21881803	0,079	0,756407028	2
optimal_loci_136760_G	1816	0,510529	28,19	10024	35,57	3	1,197206617	0,084	0,75304095	3
optimal_loci_136789_G	1232	0,470878	24,51	9811	36,28	2	17,74234503	0,046	0,751466078	3
optimal_loci_136871_G	1219	0,446287	36,83	8972	46,51	2	10,74722105	0,258	0,748208234	4
optimal_loci_136884_G	1508	0,509857	19,89	1693	32,75	3	4,658827832	0,125	0,746608215	3
optimal_loci_136909_G	1437	0,451924	0	10914	37,23	2	4,327523678	0,199	0,745392963	3
optimal_loci_131076_G	1284	0,134784	0	1001	58,33	3	1,0382422	0,679	0,734263875	1
optimal_loci_137250_G	1195	0,195893	3332	16621	45,85	1	6,761215945	0,347	0,72637246	2
optimal_loci_137288_G	2578	0,405494	39,64	18645	33,51	1	6,37894121	0,148	0,724527047	2
optimal_loci_137489_G	1459	0,343124	2,26	6423	43,66	1	0426015487	0,382	0,716051994	1
optimal_loci_137604_G	1145	1,266448	0	2595	44,89	1	2,464144614	0,113	0,711031567	3
optimal_loci_137606_G	1261	1,266448	2768	6844	37,82	1	2,464144614	0,125	0,710922251	3

optimal_loci_137664_G	1051	1,041735	0	6312	45	2	31,88357623	0,246	0,706373599	8
optimal_loci_137693_G	3392	0,94655	20,99	4070	45,04	5	8,629299032	0,362	0,704441035	7
optimal_loci_131708_G	1334	0,940201	0	1001	41,97	1	76,63367966	0,428	0,703219193	7
optimal_loci_137709_G	1151	0,940201	0	2409	41,7	1	76,63367966	0,282	0,703207559	7
optimal_loci_137713_G	1555	0,940201	14,86	7082	44,95	2	38,31683983	0,335	0,703159345	7
optimal_loci_131731_G	1102	0,729266	3,45	2322	46,73	1	0,030060293	0,303	0,702280513	8
optimal_loci_137801_G	1297	0,54044	1149	2738	43,4	1	11,01857171	0,357	0,703168146	7
optimal_loci_131845_G	2934	0,011394	1496	10520	41,17	1	0,143540892	0,367	0,697700912	3
optimal_loci_138642_G	1122	1,235952	0	2835	44,38	6	5,135781045	0,475	0,649427645	4
optimal_loci_138653_G	1038	1,164067	0	1960	43,25	2	19,45447632	0,24	0,648525973	4
optimal_loci_138689_G	1889	0,842614	5,77	11726	35,83	1	3,614165813	0,276	0,645912754	5
optimal_loci_138700_G	1054	0,842614	0	2150	43,45	2	14,17743424	0,496	0,645508405	5
optimal_loci_138738_G	1329	0,626999	35,13	1476	40,63	1	0,05550816	0,296	0,641698841	3
optimal_loci_138952_G	1460	0,905718	13,56	2732	37,26	2	5,767806748	0,241	0,630057702	3
optimal_loci_138985_G	2505	0,713022	13,41	7963	40,39	2	1,686015538	0,303	0,627165802	3
optimal_loci_118993_G	2682	0,243185	5,22	2030	42,35	2	48,53604192	0,227	0,62642528	3
optimal_loci_139322_G	1005	0,064994	0	8529	5103	1	4,620770115	0,721	0,602548025	2
optimal_loci_139359_G	1307	0,182869	13,01	2192	36,34	2	9,918529513	0,058	0,599784406	2
optimal_loci_139485_G	1521	0,274608	0	5544	46,81	2	12,28282104	0,337	0,593487645	2
optimal_loci_139557_G	1348	0,336592	35,16	3450	40,43	3	0,7140649	0,262	0,590069877	4
optimal_loci_139634_G	1015	0,377667	6,4	10006	32,41	1	1,002314112	0,06	0,585901785	3
optimal_loci_139637_G	1109	0,377667	12,44	7666	46,25	2	3,725723076	0,482	0,585528414	3
optimal_loci_139762_G	1437	0,257628	142	3935	45,85	1	0,257102836	0,33	0,577357075	2
optimal_loci_139764_G	1022	0,257628	0	2001	56,65	1	0,257102836	0,753	0,577338708	2
optimal_loci_140389_G	1622	0,152955	26,14	3904	39,51	1	18,35359027	0,329	0,542590085	1
optimal_loci_141963_G	1372	0,146021	0	18255	54,44	1	2,742190676	0,415	0,453259639	2
optimal_loci_142025_G	1162	0,143765	0	15941	44,06	1	0,661259257	0,424	0,449860313	2
optimal_loci_142143_G	1122	0,137832	0	17269	33,68	2	1,308659786	0,052	0,444301643	1
optimal_loci_142744_G	1049	0,015546	36,03	9241	38,13	2	1,661991749	0,08	0,408116543	2
optimal_loci_142752_G	1298	0,015546	3,78	12044	45,91	2	1,661991749	0,268	0,407840579	2
optimal_loci_143055_G	2161	0,041782	38,87	11005	43,91	1	0,505949159	0,371	0,391110361	1
optimal_loci_143731_G	1584	0,087083	0	7762	41,72	1	176,4965014	0,27	0,350286372	4
optimal_loci_143777_G	1157	0,093783	0	13627	36,47	1	16,19311723	0,17	0,347074805	4
optimal_loci_143779_G	1602	0,093783	1,81	4441	38,51	2	8,6936098	0,134	0,346812688	4
optimal_loci_143784_G	1393	0,07254	0	2179	41,34	2	8,6936098	0,164	0,346682564	4

optimal_loci_143849_G	1081	0034114	0	4371	39,68	1	0,176391887	0,157	0,340923932	1
optimal_loci_144483_G	1070	0021655	32,9	2375	42,8	1	16,36436873	0,288	0,327185793	3
optimal_loci_144125_G	1439	0,02137	12,02	14642	35,02	2	2,190054031	0,236	0,325350991	3
optimal_loci_144167_G	1317	0,011559	0	2575	45,02	2	0,541360199	0,262	0,323751709	3
optimal_loci_145661_G	1467	0,210258	0	2818	40,35	2	5,844657868	0,141	0,225068794	2
optimal_loci_145696_G	1440	0297337	37,64	10744	38,81	2	51,55152018	0,23	0,223418205	2
optimal_loci_145798_G	2392	0,404242	0	1721	32,94	2	0,03520484	0,105	0,217816686	4
optimal_loci_145828_G	1203	0,396736	20,95	6534	34,58	1	73,39037653	0	0,215933789	4
optimal_loci_145842_G	2094	0,396736	0	18895	48,18	1	5,106747491	0,383	0,214957892	4
optimal_loci_145861_G	1937	0,412409	9,71	1290	30,4	2	12,66657073	0,113	0,213916515	6
optimal_loci_145950_G	1192	0,068969	0	7607	50,75	2	177,6722775	0,51	0,209981282	3
optimal_loci_145958_G	1437	0068969	35,21	16292	36,04	1	16,2263161	0,16	0,209719582	3
optimal_loci_151664_G	1035	0,21345	34,2	3421	32,94	2	1,005029473	0,051	0,143217494	1
optimal_loci_151807_G	2281	0,063399	0	3976	34,23	2	5,735885921	0,066	0,147018932	1
optimal_loci_152337_G	2390	0,055303	0	2945	51,79	1	19,87891117	0,398	017679303	1
optimal_loci_152901_G	2942	0,065307	1L32	1001	34,39	1	15,59616825	0,049	0,202099969	1
optimal_loci_153296_G	2531	0,053223	29,79	10845	35,32	1	9,111673717	0,115	0,220098063	1
optimal_loci_153894_G	1629	0,151554	4,54	2001	45,11	2	3,746844386	0,406	0,250267563	1
optimal_loci_154285_G	1532	1,59459	0	19929	45,62	1	8,060565028	0,258	0,270047837	3
optimal_loci_154390_G	2236	2,789566	31,17	2109	33	2	99,52481283	0,059	0,273125035	3
optimal_loci_154391_G	1241	1789566	6,29	1001	52,37	2	99,52481283	0,433	0,273175	3
optimal_loci_154770_G	2124	0,357022	5,08	6560	45,15	2	4,740515565	0,465	0,29014841	3
optimal_loci_154805_G	1740	0,418893	5,06	2069	47,7	2	9,293132204	0,305	0,291914339	3
optimal_loci_154824_G	1209	0,637938	4,3	2038	29,36	1	6,318888299	0,067	0,292734212	3
optimal_loci_155031_G	1747	0,538084	0	11918	43,44	2	1630830534	0,264	0,302063475	1
optimal_loci_155124_G	1454	0,451306	21,25	2001	35,69	2	0,219516141	0,089	0,306422193	5
optimal_loci_155133_G	2340	0,424573	9,7	7265	39,35	2	0,235678272	0,166	0,307007965	5
optimal_loci_155162_G	1647	0,317313	0	14921	36,18	1	0,071659859	0,162	0,307620559	5
optimal_loci_155217_G	1863	0,156958	1,61	1071	45,3	3	0,049135409	0,231	0,308849382	5
optimal_loci_155222_G	2404	0,156958	9,03	2793	36,27	3	0,049135409	0,323	0,308930786	5
optimal_loci_155801_G	1349	0,739224	0	2001	45,14	1	41,54082346	0,359	0,334686217	4
optimal_loci_155807_G	1125	0,739224	20,09	5680	34,84	1	41,54082346	0,213	0,334713394	4
optimal_loci_155814_G	1227	1,038125	0	8556	32,68	2	15,51638267	0,177	0,335498511	4
optimal_loci_155853_G	1887	1,552126	8,27	7313	51,93	5	6,127509621	0,481	0,337080261	7
optimal_loci_155922_G	1155	2,297014	0	2595	41,64	1	0,282451138	0,264	0,339599225	5

optimal_loci_155924_G	1890	2,281794	6,46	1177	39,94	1	0,282451138	0,315	0,33964348	5
optimal_loci_155931_G	1217	2,273589	3,37	9350	48,23	1	0,282451138	0,38	0,339703854	5
optimal_loci_156007_G	1096	1,513409	0	11635	40,05	1	159,2008283	0,255	0,342343218	6
optimal_loci_156064_G	1328	1,381597	2,26	19141	49,92	1	0,067346206	0,275	0,344193913	4
optimal_loci_156071_G	1361	1,721654	0	1164	49,52	1	0,067346206	0,331	0,344364057	4
optimal_loci_156124_G	1267	1,847856	0	3849	48,53	1	0,032990699	0,47	0,346800287	7
optimal_loci_156176_G	1035	2,620604	2,71	12254	55,07	1	1,007896296	0,443	0,348335846	6
optimal_loci_156179_G	1139	2,620604	0	9910	59,43	1	1,007896296	0,683	0,348352393	6
optimal_loci_156188_G	1507	2,620604	0	2393	45,25	1	1,007896296	0,181	0,348405202	6
optimal_loci_156199_G	1408	1,239478	0	5485	39,41	1	5,26386293	0,168	0,348860439	6
optimal_loci_156281_G	1527	0,614596	22,53	4915	32,54	2	175,8580793	0,27	0,351221189	5
optimal_loci_156385_G	1179	3,194469	3,65	6984	43	2	6,143935836	0,126	0,355844316	3
optimal_loci_156388_G	1635	2,840069	4,77	12541	45,5	1	730,3712301	0,315	0,356022306	3
optimal_loci_156393_G	1370	2,83222	2,55	2001	53,94	1	730,3712301	0,687	0,35615451	4
optimal_loci_156503_G	1398	2,987021	13,95	2397	34,33	1	43,43608945	0,13	0,359759248	3
optimal_loci_156548_G	1697	2,337073	21,51	5315	52,2	2	22,87870804	0,401	0,361343051	3
optimal_loci_156598_G	1244	1,510861	0	17311	46,86	1	5,935958859	0,446	0,363549709	2
optimal_loci_156848_G	1478	1,679143	22,12	2001	38,97	3	0,203290027	0,308	0,371470196	3
optimal_loci_156884_G	1156	2,15672	14,45	1380	44,29	1	75,23696147	0,418	0,372141191	4
optimal_loci_156894_G	1642	2,306981	1,83	4382	50,97	3	0,63962081	0,36	0,372379679	4
optimal_loci_156991_G	1295	2,415503	0	1001	45,71	5	17,02422336	0,371	0,375788729	4
optimal_loci_157006_G	1583	2,634004	5,24	5836	43,01	2	12,30748277	0,356	0,376652273	3
optimal_loci_157055_G	1234	1,975672	0	5413	48,94	1	0,362676786	0,505	0,379500083	2
optimal_loci_157215_G	1227	1043836	0	3223	54,36	3	15,98062835	0,596	0,384345544	3
optimal_loci_157280_G	1075	1,295428	0	11459	35,9	2	12,81653573	0,238	0,386873306	5
optimal_loci_157315_G	1275	0,83237	0	3507	43,76	1	0340361374	0,434	0,388633724	3
optimal_loci_157316_G	1284	0,83237	0	15938	41,82	1	0340361374	0,233	0,388725551	3
optimal_loci_157478_G	1213	0,990581	0	6384	62,07	1	5992951922	0,714	0,395630293	3
optimal_loci_157544_G	1320	1,336437	18,11	2001	41,96	1	25,9526279	0,194	0,397513113	6
optimal_loci_157567_G	1640	1,651075	21,71	2692	49,93	3	0,965091509	0,514	0,398937934	6
optimal_loci_157594_G	1323	1,89211	0	12476	55,63	2	0,081871459	0,505	0,400003482	5
optimal_loci_157615_G	1420	1,919021	20,35	2001	48,59	3	0,054580972	0,315	0,40024104	5
optimal_loci_157634_G	1013	1,931987	9,67	9448	50,54	2	3,225659721	0,678	0,40074444	5
optimal_loci_157701_G	1055	1,0272	25,5	2191	30,42	5	68,59525017	0,233	0,405718382	2
optimal_loci_157716_G	1057	1,109799	0	5453	41,72	1	7,164009145	0,254	0,406738293	2

optimal_loci_157857_G	2626	1,689406	9,86	2001	45,43	1	16,01739839	0,198	0,412292564	2
optimal_loci_157922_G	1063	1,86511	11,76	1068	37,44	2	0,144637597	0,211	0,415492584	2
optimal_loci_157993_G	1138	2,199724	12,21	1811	48,76	2	0,109739655	0,413	0,419317129	1
optimal_loci_158063_G	1594	0,918346	5,21	2001	51,06	2	8,980367734	0,49	0,423267747	2
optimal_loci_158084_G	1597	0,45362	5,64	1368	40,95	6	4,428149977	0,16	0,42509809	3
optimal_loci_158148_G	1093	2,177851	17,2	1081	48,12	4	1,171394018	0,536	0,428407541	3
optimal_loci_158162_G	1574	2,177851	20,08	14311	50,38	2	0171226807	0,617	0,429114836	2
optimal_loci_158474_G	1513	1,021396	0	4691	54,32	3	14,90921109	0,488	0,439738629	4
optimal_loci_158487_G	1401	1,021396	0	1296	37,4	2	48,96717145	0,087	0,440221618	4
optimal_loci_158515_G	1196	1,548322	32,02	7337	49,33	2	10,6659207	0,41	0,44130833	4
optimal_loci_158526_G	1177	1,424397	0	2001	41,71	3	4,910850869	0,2	0,442317353	4
optimal_loci_158719_G	1047	0,671147	0	2618	52,62	3	16,9413519	0,64	0,448839509	6
optimal_loci_158723_G	1945	0,662613	1,54	2617	58,92	4	7,026340292	0,558	0,449171028	7
optimal_loci_158724_G	1085	0,662613	0	1499	48,01	4	7,026340292	0,223	0,44918564	7
optimal_loci_158740_G	1134	0,876159	17,9	10651	46,29	4	9,86603085	0,347	0,450026055	7
optimal_loci_158784_G	1052	0,876159	11,69	1001	36,59	2	9,982021438	0,137	0,451438355	7
optimal_loci_158803_G	1348	0,792225	31,9	6054	43,99	2	0073816706	0,227	0,452063655	7
optimal_loci_158825_G	1193	0,807754	0	2936	46,26	2	1,243561829	0,159	0,452811349	6
optimal_loci_159036_G	1036	0,569473	38,8	2544	44,3	2	1,996722854	0,158	0,467695451	1
optimal_loci_159103_G	1069	0,841423	15,34	1001	38,63	4	87,1609349	0,263	0,471826363	2
optimal_loci_159105_G	1711	0,86576	26,01	1001	34,07	3	0,77323855	0,11	0,472188361	2
optimal_loci_159200_G	1122	2,333163	0	1001	44,29	5	2987708248	0,272	0,478017692	4
optimal_loci_159206_G	1042	1,927979	0	2001	41,93	2	42,12625663	0,269	0,478842994	4
optimal_loci_159220_G	1467	1,823043	39,47	8347	45,67	1	3,223119473	0,413	0,479786414	4
optimal_loci_159235_G	1325	1,827713	0	1001	38,64	1	4321815338	0,185	0,480362095	4
optimal_loci_159308_G	1157	3,302544	0	1001	45,28	4	3,076852788	0,408	0,484554592	3
optimal_loci_159350_G	1157	3,639672	0	2001	50,38	3	4309154299	0,436	0,486153775	3
optimal_loci_159391_G	1460	2,312772	4,32	11415	55,41	1	0,029593301	0,68	0,487701515	8
optimal_loci_159501_G	1259	2,064171	0	3064	38,84	2	0,243662702	0,102	0,490120829	8
optimal_loci_159519_G	1457	2,294056	16,82	6820	32,6	1	10,14654406	0,158	0,490597946	8
optimal_loci_159522_G	1258	2,294056	0	4543	47,37	1	10,14659406	0,301	0,490616236	8
optimal_loci_159525_G	1070	2,294056	15,61	2527	56,16	1	10,14659406	0,554	0,490632517	8
optimal_loci_159527_G	1186	2,294056	19,06	1001	39,46	1	10,14659406	0,181	0,490642933	8
optimal_loci_159603_G	1741	3,307841	4,94	6281	56,97	2	94,16707403	0,64	0,492501103	7
optimal_loci_159605_G	2972	3,307841	3,47	8789	53,29	3	62,77804936	0,478	0,492519629	7

optimal_loci_159726_G	3112	2,233782	4,37	1001	38,07	4	46,03036734	0,216	0,49659703	2
optimal_loci_159795_G	2853	2,296878	354	2053	45,84	4	3,464231912	0,453	0,500061696	5
optimal_loci_159805_G	1019	2,022229	31,6	10844	39,35	1	11,44202609	0,064	0500381677	4
optimal_loci_159834_G	1671	1,906596	0	1235	43,62	5	30,38708549	0,246	0,501636199	4
optimal_loci_159841_G	1180	1,906596	22,68	1992	36,27	5	3,26761272	0,183	0501921521	4
optimal_loci_159954_G	1359	2,534425	0	1001	55,7	2	3517643661	0,628	0507800079	9
optimal_loci_159965_G	1900	2,820214	0	1919	45,63	2	29,21915684	0,336	0,508652454	11
optimal_loci_159987_G	1577	3,426591	18,45	4514	39,69	2	27,06442492	0,174	0509881431	11
optimal_loci_159988_G	1574	3,426591	11,25	2654	58,57	2	27,06442492	0,462	0509895193	11
optimal_loci_159993_G	1501	3,426591	39,84	1520	32,11	2	27,06442492	0	0509997496	11
optimal_loci_160000_G	1317	3,517411	24,68	1001	55,73	2	1120388089	0,361	0510603294	11
optimal_loci_160006_G	1702	3,517411	0	10495	54,34	1	0,042519257	0,566	0510917195	11
optimal_loci_160010_G	1030	3,650194	19,22	3350	60,19	1	0042519257	0,594	0510974939	11
optimal_loci_160011_G	1436	3,650194	0	1001	55,29	1	0,042519257	0,601	0,510989292	11
optimal_loci_160026_G	1384	1,150371	0	2585	50,86	1	2,820544473	0,567	0511709935	10
optimal_loci_160028_G	1072	1,150371	18	1060	44,4	1	2220544473	0,29	0511723505	10
optimal_loci_160138_G	1880	0,027159	0	2737	39,94	1	1,778263358	0,205	0516244176	1
optimal_loci_160231_G	1111	0,190415	0	7181	49,14	3	45,2119066	0,44	0320112111	3
optimal_loci_160235_G	1418	0,186539	3,53	1527	37,16	1	8,46682769	0,169	0520270857	3
optimal_loci_160237_G	2393	0,186539	3,34	3899	36,1	1	8,46682769	0,178	0,520288379	3
optimal_loci_160307_G	2995	2,964264	6,58	1087	56,62	1	28,69608577	0,668	0,524157504	4
optimal_loci_160318_G	1334	3,353737	0	1001	57,42	1	1,514985022	0,734	0,5246636	5
optimal_loci_160368_G	1098	4,177704	26,78	3498	43,16	2	5,950851156	0,324	0,52600811	6
optimal_loci_160371_G	2881	4,42764	0,97	2148	53,31	4	2,975425578	0,486	0,526121109	6
optimal_loci_160411_G	1238	3,00826	4,04	7804	57,51	2	1,068586984	0,642	0,528145788	6
optimal_loci_160436_G	1783	2,752382	0	4308	53,28	5	4,881364991	0,463	0,528439842	5
optimal_loci_160492_G	2160	1,450894	4,58	18815	35,74	1	13,67604459	0,078	0,531731268	6
optimal_loci_160559_G	1233	2,345865	0	5329	44,84	1	6,457370756	0,464	0,533928146	11
optimal_loci_160563_G	1510	2,813928	0	2001	56,42	1	6,457370756	0,597	0533950684	11
optimal_loci_160576_G	1337	3,027291	19,82	2501	33,8	3	1,990332386	0,154	0,534880629	11
optimal_loci_160592_G	1239	2,68722	0	1001	35,83	5	16,02394923	0,171	0,535496658	12
optimal_loci_160593_G	1293	2,68722	15,31	1654	42,53	4	17,35064969	0,178	0,535506837	12
optimal_loci_160604_G	2509	1929963	0	1001	48,82	4	9,767080195	0,43	0,535965797	12
optimal_loci_160614_G	1944	2,991906	0	1001	50,72	4	6,817258411	0,409	0,536576463	12
optimal_loci_160623_G	1434	3,540848	3,7	4886	58,15	4	6,817258411	0,595	0,536669148	12

optimal_loci_160625_G	1069	3,540848	30,22	3664	40,78	4	6,817258411	0,018	0,536682023	12
optimal_loci_160644_G	1381	3,540848	25,34	1001	38,08	2	0,033915007	0,154	0,537200825	12
optimal_loci_160669_G	1210	3,754164	27,69	5654	40,99	1	3,182940752	0,182	0,539075039	9
optimal_loci_160672_G	1753	3,754164	10,55	1466	43,98	1	3,182940752	0,272	0,539101965	9
optimal_loci_160710_G	1692	2,183845	0	2273	62,41	4	34,27561849	0,618	0,543041916	6
optimal_loci_160711_G	1516	2,183845	0	3998	55,67	4	34,27561849	0,582	0,543054659	6
optimal_loci_160712_G	1594	2,183845	0	5527	51,5	4	34,27561849	0,341	0,543066825	6
optimal_loci_160713_G	1183	2,183845	16,4	4223	45,9	4	34,27561849	0,428	0,543079494	6
optimal_loci_160718_G	1972	1183845	12,47	1488	54,76	4	59,63397575	0,65	0,543156422	6
optimal_loci_160772_G	1391	1,650504	0	1174	50,68	4	4,904679439	0,49	0,544410012	7
optimal_loci_160808_G	2128	0,91147	23,12	3542	51,87	4	7,352758847	0,649	0,547416036	4
optimal_loci_160840_G	1593	0,811049	0	3231	38,79	1	14,99049574	0,287	0,548672442	3
optimal_loci_160842_G	1033	0,811049	0	5552	47,04	1	14,99049574	0,524	0,548689587	3
optimal_loci_160936_G	1024	0,823861	0	2001	43,75	2	0,97932431	0,141	0,552482464	2
optimal_loci_160953_G	1528	0,963097	9,1	2130	54,31	1	43,40187262	0,677	0,553739778	2
optimal_loci_161049_G	1243	3,207586	0	1350	38,05	3	3,64846942	0,101	0,559042795	8
optimal_loci_161065_G	1471	3,207763	1,9	2866	54,04	2	40,19820982	0,618	0,559754839	9
optimal_loci_161067_G	3499	3,207763	1,4	2459	49,58	3	27,633754	0,412	0,559776151	9
optimal_loci_161072_G	1145	3,207763	0	3077	47,16	2	31,4350188	0,365	0,559883594	9
optimal_loci_161085_G	2418	3,525489	3,39	8080	41,77	1	5,344784515	0,208	0,560648426	9
optimal_loci_161093_G	1050	3,631991	0	6787	44,47	1	23,06979845	0,289	0,561028907	9
optimal_loci_161094_G	1938	3,631991	4,18	1001	43,8	1	23,06979845	0,312	0,561065088	9
optimal_loci_161100_G	2235	1841941	24,38	1426	37,8	2	1,019224312	0,177	0,562048058	9
optimal_loci_161119_G	1935	174326	8,89	2219	53,95	2	2,89304656	0,47	0,56281874	9
optimal_loci_161183_G	1235	0,310824	6,4	1130	48,5	2	33,49926354	0,542	0,566151623	3
optimal_loci_161223_G	1112	0,43137	0	3219	40,1	1	16,74368512	0,09	0,56896139	2
optimal_loci_161340_G	1056	0,037195	17,14	9311	35,98	3	10,19776346	0,129	0,574936909	2
optimal_loci_161342_G	1621	0,037195	0	6563	42,81	2	15,29664518	0,309	0,574954409	2
optimal_loci_161510_G	1046	1,90431	7,84	6339	45,79	2	2,619220665	0,233	0,584289618	5
optimal_loci_161527_G	1010	2,224456	8,22	2749	44,85	2	1,264396105	0,364	0,585153059	5
optimal_loci_161541_G	1131	2,224456	19,1	2429	37,93	1	0,104734184	0,324	0,585280654	5
optimal_loci_161570_G	1177	2,792477	20,05	8194	49,87	1	40,27829374	0,434	0,586021257	5
optimal_loci_161613_G	1330	1566963	9,47	3539	49,32	2	1,649782421	0,467	0,587620979	6
optimal_loci_161722_G	1035	2,047858	0	1484	45,02	3	12,51537145	0,258	0,590602804	2
optimal_loci_161875_G	1019	0,01286	10,6	2001	48,18	4	4,399801337	0,338	0,597968913	1

optimal_loci_161989_G	1034	0,997205	33,27	1762	44,39	1	18,80170859	0,255	0,601976868	2
optimal_loci_162024_G	1608	0,818656	0	2633	40,42	2	54,82025997	0,287	0,604106443	2
optimal_loci_162129_G	1078	0,457003	0	2001	41,92	3	0,262012516	0,121	0,607861055	3
optimal_loci_162150_G	1136	0,451688	27,73	1516	39,7	1	0,046150691	0,173	0,608810045	3
optimal_loci_162197_G	1191	0,866178	38,71	2001	33,5	2	1,926875242	0,089	0,609998372	6
optimal_loci_162305_G	1756	1,29254	0	2012	43,9	1	1,102782913	0,271	0,613189129	6
optimal_loci_162326_G	2248	0,530107	0	18709	49,11	1	45,50407826	0,426	0,613341544	6
optimal_loci_162350_G	1139	0,530107	18,53	14471	41,43	2	22,77836057	0,398	0,613662183	6
optimal_loci_162354_G	2053	0,525217	16,03	5364	40,18	1	0,05264289	0,199	0,613722705	5
optimal_loci_162355_G	1392	0,525217	0	3867	3354	1	0,05264289	0,095	0,613738646	5
optimal_loci_162512_G	1590	1,084973	0	1001	40,94	1	3,602782711	0,107	0,618374509	5
optimal_loci_162531_G	2349	0,448169	1,66	4371	49,72	1	0,032388318	0,568	0,619005799	7
optimal_loci_162532_G	1849	0,448169	0	2051	57,49	1	0,032388318	0,688	0,619026586	1
optimal_loci_162534_G	1087	0,549911	0	2001	38,82	1	0,032388318	0,04	0,619087329	7
optimal_loci_162551_G	1257	0,661831	2,31	1001	40,33	1	362,2877937	0,205	0,620129239	7
optimal_loci_162628_G	1313	1,133579	18,66	1488	49,96	2	0,291461491	0,386	0,622517675	7
optimal_loci_162630_G	1047	1,133579	0	2155	41,92	2	0,291461491	0,182	0,622592594	7
optimal_loci_162689_G	1228	2,48251	35,59	3252	34,28	1	0,301715917	0,107	0,624333828	6
optimal_loci_162728_G	1247	0,376962	2182	10295	3632	1	15,15218947	0,263	0,626800921	4
optimal_loci_162732_G	1820	0,376962	5,44	4067	34,28	2	7,883141785	0,05	0,626842694	4
optimal_loci_162738_G	1019	0,376962	16,68	2089	40,13	2	7,883141785	0,238	0,62699197	4
optimal_loci_162852_G	1026	0,204277	15,01	19158	38,59	1	0,249383602	0	0,631011324	2
optimal_loci_162954_G	1089	0,829554	3,95	2544	49,49	2	9,781407343	0,31	0,634230543	2
optimal_loci_163451_G	1164	0,015973	33,08	2054	35,91	2	1,988662431	0,005	0,650932098	1
optimal_loci_163651_G	2250	0,599673	24,18	9012	38,13	3	1,843289657	0,158	0,658054895	3
optimal_loci_163696_G	1165	0,386578	0	2001	51,07	2	4,210173808	0,424	0,660710858	3
optimal_loci_163706_G	1334	0,386578	19,94	4098	35,15	2	4,210173808	0,02	0,660786848	3
optimal_loci_163976_G	1206	0,335795	1186	3614	36,65	2	19,8464633	0,161	0,671000169	2
optimal_laci_163992_G	1426	0,330819	4,77	3220	56,8	4	13,29300851	0,52	0,6717933	2
optimal_loci_164095_G	1542	0,378785	27,17	3970	58,88	4	27,73507414	0,542	0,67690249	3
optimal_loci_164114_G	1309	0,333556	0	13872	43,71	2	0,976795369	0,314	0,677396878	3
optimal_loci_164120_G	2062	0,333556	0	2001	42,24	1	1,953590737	0,171	0,677479007	3
optimal_loci_164326_G	1164	0,17222	3,44	2695	49,74	3	3,835306388	0,505	0,68464286	6
optimal_loci_164332_G	1186	0,217975	16,44	2001	36,76	3	2,474502374	0,043	0,685142907	7
optimal_loci_164340_G	1029	0,422263	0	7342	40,91	2	0,054798356	0,167	0,685728051	7

optimal_loci_164350_G	1437	0,453152	0	8907	50,59	1	0,527503277	0,455	0,686147054	7
optimal_loci_164362_G	1216	0,453152	6,99	8354	52,79	1	0,521503271	0,572	0,686308726	7
optimal_loci_164397_G	1413	0,690691	0	2022	35,52	1	9,59346209	0,18	0,687619056	7
optimal_loci_164416_G	1046	0,964242	4,49	2113	38,71	2	0,787101057	0,263	0,68835649	7
optimal_loci_164520_G	1296	1,029211	1273	14469	4621	2	1,495529476	0,43	0,691634325	2
optimal_loci_164764_G	1058	0,712241	0	1001	38,56	2	0,198094272	0,052	0,699113011	3
optimal_loci_164808_G	1096	0,473764	0	1420	5128	4	2,526621845	0,682	0,701953537	4
optimal_loci_164809_G	1482	0,473764	0	2549	50,74	4	2,526621845	0,42	0,701961877	4
optimal_loci_164837_G	1000	0,108697	0	2001	38,7	3	4,066967065	0	0,704594741	4
optimal_loci_164911_G	1298	0,124915	0	7535	50,3	1	4,005041913	0,464	0,707506219	5
optimal_loci_164981_G	1043	0,267355	0	3830	49,56	1	5,127011227	0,494	0,710027067	4
optimal_loci_164988_G	1194	0,267355	3,27	2454	48,49	1	5,127011227	0,555	0,710036116	4
optimal_loci_165002_G	1201	0,287991	0	3370	57,28	1	0,028122461	0,569	0,710439622	4
optimal_loci_165139_G	1122	0,410016	21,84	1254	46,7	1	0,572139301	0,434	0,715928584	3
optimal_loci_165190_G	1286	0,411852	3,97	5703	43,85	2	15,37339161	0,278	0,71744357	4
optimal_loci_165218_G	1725	0,406267	8,75	12381	42,14	1	9,583350479	0,288	0,719355178	4
optimal_loci_165234_G	1513	0,406267	2,18	2248	36,81	2	1647941891	0,169	0,719884631	3
optimal_loci_165424_G	1175	0,056108	0	10535	39,57	1	8,710616417	0,242	0,728201562	2
optimal_loci_165433_G	1543	0,056108	12,57	11733	40,44	1	187260785	0,226	0,728350719	2
optimal_loci_166843_G	1658	0,141179	1,75	2676	39,92	1	0,360840151	0,216	0,778473408	1
optimal_loci_166977_G	2323	0,136665	5,77	3620	45,75	2	34,72362747	0,386	0,783942602	3
optimal_loci_166984_G	1493	0,146228	0	1137	32,21	3	9,369055455	0,075	0,784562945	3
optimal_loci_166986_G	1124	0,146228	0	2496	39,94	3	9,369055455	0,082	0,784580179	3
optimal_loci_167152_G	3110	0,135131	0,9	2154	40,25	2	0,844806515	0,188	0,792385222	1
optimal_loci_167587_G	1037	0,150391	0	4246	52,84	1	0,315433617	0,683	0,811799457	2
optimal_loci_167588_G	2080	0,150391	7,55	2068	39,08	1	0,315433617	0,12	0,811807841	2
optimal_loci_167667_G	1907	0,145303	5,14	8756	43,47	1	66,60938009	0,456	0,81623384	2
optimal_loci_167691_G	1090	0,145303	12,84	15880	52,29	1	78,78707302	0,441	0,816676246	2
optimal_loci_167826_G	1619	0,060404	25,2	6872	37,12	2	5,713214945	0,051	0,82352164	2
optimal_loci_167845_G	2163	0,025018	6,52	1001	33,88	2	2,056008849	0,153	0,824195331	2
optimal_loci_168190_G	1429	0,135928	15,75	12671	33,17	1	6,515082485	0,083	0,837436593	2
optimal_loci_168236_G	1375	0,469301	0	10464	43,49	1	2,870748422	0,368	0,840111038	3
optimal_loci_168286_G	3473	0,509046	15,2	1710	44,22	2	9,240645857	0,262	0,841281489	2
optimal_loci_168380_G	1021	0,773638	9,11	1594	39,66	1	41,18401497	0,21	0,845170522	2
optimal_loci_168431_G	1639	0,777011	13,97	2862	37,58	1	0,038119272	0,222	0,848347355	2

optimal_loci_168586_G	1071	0,768576	0	2099	37,72	1	0882320723	0,121	0,854348418	1
optimal_loci_168819_G	1282	0,096599	17,32	18487	36,19	1	5,483459851	0,249	0,861056714	2
optimal_loci_168857_G	1131	0,041765	12,29	3362	40,14	2	0,311260143	0,285	0,865097368	2
optimal_loci_169233_G	1436	0,691439	3,41	8324	39,2	1	14,94355901	0,15	0,87789875	2
optimal_loci_169239_G	1665	0,690182	0	2042	36,63	1	14,94355901	0,204	0,877943464	2
optimal_loci_169812_G	1082	0,21463	0	7628	46,76	1	0,072716696	0,57	0,897174036	2
optimal_loci_169839_G	1026	0,24238	0	2001	32,45	1	5,757380565	0,121	0,89793895	2
optimal_loci_170176_G	1364	0,742024	0	4065	37,6	1	3,469902773	0,103	0,906726016	2
optimal_loci_170193_G	1112	0,772878	8,27	1718	50,44	3	6,174509951	0,426	0,907372007	3
optimal_loci_170300_G	2806	1,099277	2,39	2354	41,41	1	25,14178974	0,265	0,910834908	3
optimal_loci_170338_G	1528	1,291649	5,82	4136	42,53	1	47,46623562	0,306	0,913278465	3
optimal_loci_170410_G	1245	0,60126	10,2	15605	42,81	2	9,753958205	0,238	0,914847827	3
optimal_loci_170476_G	1688	0372666	0	13084	40,52	1	4169720418	0,223	0,917940427	3
optimal_loci_170547_G	1242	0,794721	0	1458	40,74	1	51,35023773	0,286	0,92112034	3
optimal_loci_170572_G	1120	1,10307	34,29	5851	36,25	2	0,015367738	0,1	0,922188858	2
optimal_loci_170646_G	1221	2,669682	0	12392	48,15	2	14,68999616	0,342	0,926281268	4
optimal_loci_170655_G	1309	2,675913	9,32	6899	5255	2	14,68999676	0,412	0,926321195	4
optimal_loci_170668_G	2144	2,679722	7,93	5619	50,32	1	1,957520789	0,389	0,926441211	4
optimal_loci_170759_G	1501	2,408529	7,53	3822	41,63	2	51,84654518	0,133	0,929970366	4
optimal_loci_170952_G	1009	2,161414	3,77	1001	45,19	5	11,17513711	0,557	0,939009165	2
optimal_loci_171036_G	1360	0,808171	15,22	5007	43,01	2	198,0757641	0,217	0,942093181	2
optimal_loci_171119_G	1143	3,387746	21,87	2001	39,02	2	1,761221722	0,111	0,946285693	4
optimal_loci_171120_G	1890	3,387746	0	3327	39,62	2	1,761221722	0,124	0,94631106	4
optimal_loci_171141_G	1380	3,614118	0	3285	41,44	2	10,17076553	0,291	0,947370661	5
optimal_loci_171183_G	1062	4,810016	2,92	12249	46,04	3	70,31953957	0,406	0,948593013	5
optimal_loci_171244_G	2573	5,766052	12,09	1001	39,21	3	48,28404688	0,144	0,950080896	5
optimal_loci_171326_G	1937	4,456232	11,98	6542	38,61	1	30,23497514	0,187	0,952804996	4
optimal_loci_171355_G	1136	4,222203	9,51	1232	52,2	1	71,55095467	0,434	0,953418928	4
optimal_loci_171379_G	1801	2,762931	10,88	1001	52,91	2	7,886630372	0,477	0,954601338	3
optimal_loci_171577_G	1945	3,880572	1,69	1250	43,03	2	1,03906273	0,487	0,961106946	4
optimal_loci_171599_G	1468	4,512519	9,81	2493	34,4	2	12,00679257	0,062	0,962213913	4
optimal_loci_171615_G	1596	5,331916	0	3510	54,26	4	18,18279084	0,386	0,962537063	4
optimal_loci_171635_G	1271	5,544922	0	2704	32,65	1	13,03118814	0,124	0,963119777	4
optimal_loci_171803_G	1118	8,441715	8,68	7558	34,43	3	11,95295441	0,207	0,970393896	3
optimal_loci_171814_G	1081	9,801385	29,32	7823	40,14	1	7,946838901	0,166	0,971305426	3

optimal_loci_171855_G	1080	9,138135	13,24	6099	41,2	3	9,537407006	0,238	0,973858902	6
optimal_loci_171923_G	1349	4,945275	0	5089	59,82	1	132,686346	0,628	0,975191475	4
optimal_loci_1719E4_G	1527	3,321432	39,88	2001	33,52	3	8,958205043	0,089	0,977176457	6
optimal_loci_171965_G	1329	3,321432	0	3862	51,69	3	3,613063865	0,392	0,977190204	6
optimal_loci_171996_G	1013	3,700822	27,84	1001	37,8	1	0,155921951	0,227	0,980199419	6
optimal_loci_171997_G	1422	3,624098	11A6	4861	39,87	2	0,094544326	0,33	0,980256003	6
optimal_loci_172015_G	1182	11,223488	31,73	1862	35,44	3	10,94684869	0,035	0,981877702	5
optimal_loci_172034_G	1189	10,168608	0	8651	34,06	3	2,036237267	0	0,98345892	5
optimal_loci_172074_G	1170	9,773439	19,91	2064	35,29	3	7,898757532	0,213	0,985003927	4
optimal_loci_172112_G	1386	9,32077	28,64	15084	39,75	2	8302834527	0,131	0,987261089	2
optimal_loci_172219_G	1000	3,067724	0	4936	47,1	1	24,08918624	0,516	0,99166625	1
optimal_loci_172493_G	1381	0,936547	0	12465	38,66	1	6,771211744	0,077	0,992873998	2
optimal_loci_172513_G	1224	0,843439	0	1001	38,88	9	14,0691662	0,037	0,990852903	4
optimal_loci_172554_G	1433	4,613844	2E52	3461	36,35	2	0,798344746	0,053	0,987955425	3
optimal_loci_172571_G	1165	5,09895	27,64	3157	33,9	3	25,98090145	0,071	0,987030311	4
optimal_loci_172640_G	1186	7,302241	36,76	3756	34,73	5	15,18607302	0,018	0,983019189	3
optimal_loci_172656_G	1065	9,779606	4,98	4629	35,68	4	3,322894587	0,09	0,981743021	5
optimal_loci_172761_G	1012	8,009054	0	2158	52,96	7	10,1759304	0,544	0,977934252	4
optimal_loci_172777_G	1983	6,635119	10,74	3643	58,44	4	3,211410773	0,526	0,977278495	5
optimal_loci_172794_G	1121	6,711555	0	1664	43,62	4	3,723336365	0,28	0,977105601	5
optimal_loci_172865_G	1867	4,240066	39,53	2256	51,68	3	5,618866336	0,682	0,972977322	5
optimal_loci_172937_G	1204	4,180058	0	15773	28,57	2	16,39890078	0,211	0,969066295	5
optimal_loci_112938_G	1938	4,347428	35,86	1001	43,08	1	11,47441612	0,393	0,968620098	5
optimal_loci_172953_G	1631	3,68488	25,87	2558	39,23	4	0,991771548	0,299	0,967527322	4
optimal_loci_172954_G	1452	3,68488	0	1001	36,22	4	0,991771548	0,085	0,967512102	4
optimal_loci_173048_G	1595	5,026511	0	5166	54,54	2	0,025738296	0,613	0,961069863	4
optimal_loci_173102_G	1115	6,99211	0	9440	41,25	2	0,219278982	0,427	0,95950132	5
optimal_loci_173125_G	1283	8,0016	20,97	4379	38,81	4	6,232105487	0,217	0,957975982	6
optimal_loci_173131_G	1053	8,0016	0	1227	41,88	4	8,201090107	0,395	0,957900587	6
optimal_loci_173187_G	1025	9,288736	4,59	11451	44,48	4	2,009885071	0,362	0,9547141K	8
optimal_loci_173208_G	1195	8,102383	8,54	2001	40,66	4	3,481360161	0,33	0,953494829	7
optimal_loci_173220_G	1705	7,78034	0	6845	57	1	30,06807843	0,565	0,951994624	5
optimal_loci_173223_G	1403	7,78034	10,55	3353	63,15	3	10,36760993	0,702	0,951865044	5
optimal_loci_173224_G	1659	7,642499	3,19	5004	44,9	4	8,0924746	0,245	0,951846403	5
optimal_loci_173336_G	1001	4,716414	35,06	2001	28,47	3	10,86697229	0,123	0,946836628	6

optimal_loci_173344_G	2561	4,555051	0	1001	35,92	1	8,633121241	0,113	0,946296334	6
optimal_loci_173358_G	1169	4,26961	8,98	3311	48,75	3	1,266826834	0,407	0,945525611	6
optimal_loci_173359_G	1153	4,26967	10,58	2001	45,44	3	1,266826834	0,237	0,945512747	6
optimal_loci_173389_G	1631	4,169173	0	2001	48,31	5	16,05679597	0,448	0,94233566	8
optimal_loci_173396_G	1018	4,169113	0	4978	42,94	5	22,81032319	0,486	0,942154223	8
optimal_loci_173455_G	1500	9,542767	0	1194	56,33	2	38,30289916	0,433	0,938356491	6
optimal_loci_173460_G	1096	9,281892	0	3911	38,95	5	5,187400961	0,256	0,93803738	6
optimal_loci_173533_G	2227	8,328142	0	3485	51,81	1	20,63512061	0,49	0,935393187	5
optimal_loci_173534_G	1354	8328142	0	2001	56,79	1	20,63512061	0,691	0,93537	5
optimal_loci_173599_G	1330	8,902126	0	17267	42,25	1	0,098716948	0,3	0,932130332	4
optimal_loci_173630_G	1838	4,365135	0	2862	33,13	5	7,093432544	0,216	0,929130371	4
optimal_loci_173679_G	1007	5,643601	35,35	18538	48,36	2	29,04903289	0,504	0,925474457	3
optimal_loci_173693_G	1544	4,394413	31,67	8938	52,91	3	15,35790833	0,598	0,924837752	4
optimal_loci_173764_G	1239	1,667895	11,95	15249	34,38	1	9,762941606	0,068	0,920240811	3
optimal_loci_173819_G	1269	0,785834	27,58	6160	39,95	3	0,01231343	0,204	0,916790743	2
optimal_loci_173990_G	1026	2,205733	11,79	1010	42,98	6	4,231808535	0,468	0,905952366	4
optimal_loci_174019_G	1526	2,543313	0	3679	57,86	3	8,249718743	0,54	0,903966276	7
optimal_loci_174020_G	2444	2,543313	9,29	5239	47,62	3	8,249718743	0,481	0,903942053	7
optimal_loci_174030_G	1127	2,85226	0	12742	34,25	1	6,858289605	0,125	0,903343773	7
optimal_loci_174085_G	1398	3,180409	9,16	3891	39,41	2	15,76079263	0,217	0,900205924	6
optimal_loci_174086_G	2325	3,100295	23,05	1459	52,98	3	21,18592479	0,521	0,900182151	6
optimal_loci_174088_G	1610	3,100295	4,72	1991	47,14	3	21,18592479	0,278	0,9000813	6
optimal_loci_174335_G	1802	3,249346	14,1	2507	58,37	1	12,32519884	0,563	0,884762893	10
optimal_loci_174338_G	2896	3,249346	0	12730	54,86	2	9,021054725	0,613	0,884652268	10
optimal_loci_174363_G	1579	3,354855	0	2665	44,83	1	4,337847196	0,369	0,883881046	10
optimal_loci_174367_G	1537	3,354855	0	2930	44,37	2	7,460225928	0,253	0,883793255	10
optimal_loci_174368_G	1008	3,354855	10,52	4571	52,97	2	7,460225928	0,363	0,883782385	10
optimal_loci_174369_G	1230	3,354855	26,5	5641	43,9	2	7,460225928	0,257	0,883769756	10
optimal_loci_174374_G	1667	3,530538	0	8187	51,22	2	7,460225928	0,585	0,8837135	10
optimal_loci_174389_G	2947	3,530538	0	1614	57,38	3	4,719294392	0,601	0,883446061	10
optimal_loci_174393_G	1784	3,530538	38,51	1122	29,65	4	1,165581067	0,043	0,883112825	10
optimal_loci_174450_G	1374	2,154936	11,57	2666	35,44	3	28,07562488	0,079	0,879877185	12
optimal_loci_174499_G	1230	1,257761	32,76	2544	49,34	2	7,500636276	0,36	0,877595249	3
optimal_loci_174513_G	1090	1,046931	0	12556	45,59	2	31,39283305	0,481	0,876225836	3
optimal_loci_174619_G	1086	1,59009	0	2417	44,38	3	24,82963616	0,328	0,869982864	6

optimal_loci_174632_G	1528	1,564432	10,8	2001	42,6	4	2,550924287	0,218	0,868982502	12
optimal_loci_174637_G	1194	1,564432	27,48	1384	39,85	4	2,550924287	0,161	0,868950714	12
optimal_loci_174676_G	1026	1505423	0	2001	33,23	2	19,136425	0,033	0,866620274	17
optimal_loci_174680_G	1262	1,529201	0	3096	54,35	3	1235761667	0,564	0,866528504	17
optimal_loci_174689_G	1126	1,587219	2,14	3236	52,08	5	13,90560453	0,578	0,865695347	17
optimal_loci_174696_G	1128	1,583348	6,29	1001	55,85	2	3,435104614	0,539	0,865082111	16
optimal_loci_174697_G	1185	1,583348	0	2528	52,15	2	3,435104614	0,494	0,865066628	16
optimal_loci_174698_G	1540	1,579285	16,43	1001	42,14	2	3,435104614	0,146	0,8650461	16
optimal_loci_174706_G	1191	1,570061	0	6063	56,08	2	3,435104614	0,549	0,864937849	16
optimal_loci_174709_G	1608	1,570061	18,84	8617	57,15	2	3,435104614	0,552	0,864908807	16
optimal_loci_174710_G	1348	1,570061	0	10360	41,02	2	3,435104614	0,209	0,864894311	16
optimal_loci_174735_G	3035	1,896131	22,08	1303	34	2	1,567391595	0,257	0,86288608	15
optimal_loci_174736_G	2105	1,896131	29,93	3454	37,9	2	695,3427454	0,329	0,862612522	15
optimal_loci_174747_G	1234	1,900519	0	8111	47,32	4	349,1356463	0,453	0,862235689	15
optimal_loci_174758_G	1000	1,902684	0	1586	54,5	2	8,425775413	0,611	0,862074624	15
optimal_loci_174762_G	1215	1,963324	5,93	2448	45,02	1	1,83839782	0,372	0,8618265	15
optimal_loci_174826_G	1725	1,074627	0	4693	47,65	2	2,436101851	0,439	0,858112903	8
optimal_loci_174916_G	1583	0,725959	4,86	1001	50,91	3	13,55872976	0,471	0,854932776	5
optimal_loci_174917_G	2538	0,595785	0	1001	48,34	3	13,55872976	0,334	0,85481957	5
optimal_loci_174953_G	1039	0,095117	9,82	2849	43,4	1	63,21839708	0,267	0,852549971	7
optimal_loci_174960_G	1157	0,095117	0	18922	41,05	1	63,21839708	0,293	0,852391701	7
optimal_loci_175022_G	1213	1,347953	0	5150	53,42	4	4,303597179	0,381	0,84891783	5
optimal_loci_175039_G	1157	1,336406	14,52	2001	38,37	5	32,1127383	0,279	0,84793738	5
optimal_loci_175041_G	1412	1,336406	15,65	5849	38,59	5	32,1127383	0,394	0,847897273	5
optimal_loci_175177_G	1425	0,680801	6,46	2001	46,59	2	142,5083478	0,331	0,840383744	1
optimal_loci_175265_G	1179	0,76231	36,13	2001	41,05	2	0,006219986	0,24	0,835353861	3
optimal_loci_175269_G	1092	0,76231	0	3166	37,45	2	0,006219986	0,111	0,835317634	3
optimal_loci_175271_G	1165	0,76231	0	1001	63,94	2	0,006219986	0,759	0,835296471	3
optimal_loci_175491_G	1053	1,13738	0	10137	42,26	1	0,353034289	0,147	0,822013881	5
optimal_loci_175514_G	1145	1,1237	0	1001	38,07	3	0,045623407	0,195	0,820393675	6
optimal_loci_175543_G	1518	1,011455	2,96	8573	43,93	2	13,60633797	0,253	0,818606109	6
optimal_loci_175546_G	1586	1,005172	1,89	6497	48,29	2	2,457125117	0,329	0,818446725	6
optimal_loci_175582_G	1256	1,183873	19,19	1001	46,33	2	7,571264774	0,526	0,817166989	7
optimal_loci_175599_G	1086	1,244657	0	11784	39,5	1	176,1773509	0	0,816389765	6
optimal_loci_175636_G	1298	0,956283	13,64	1131	43,52	4	24,89053453	0,294	0,813007918	3

optimal_loci_175817_G	1205	0,551024	0	2001	33,77	3	30,38418682	0,178	0,80537741	3
optimal_loci_175820_G	1277	0,555395	11,75	5138	36,57	3	30,38418682	0,303	0,80534219	3
optimal_loci_175846_G	1723	0,795453	29,77	4787	38,07	1	28,46033469	0,244	0,803469589	3
optimal_loci_175995_G	1129	0,612412	0	1423	35,34	3	3,707452088	0,235	0,796574829	3
optimal_loci_176011_G	2269	0,388766	0	1224	44,2	3	5,015633461	0,392	0,795525455	3
optimal_loci_176023_G	1272	0,389206	0	2482	30,18	4	20,52662264	0	0,794919629	3
optimal_loci_176218_G	1860	0,27253	35,22	18233	40,32	1	1,139169813	0,124	0,784762033	2
optimal_loci_176247_G	2467	0,225186	0	2001	3115	1	17,38817192	0,166	0,783988192	2
optimal_loci_176314_G	1465	0,421733	0	5147	42,45	2	17,33234536	0,438	0,718728778	3
optimal_loci_176103_G	1302	0,638094	2,46	11980	59,83	1	6,663940964	0,66	0,777358152	3
optimal_loci_176454_G	1473	0,663957	0	3225	41,81	4	7,511682107	0,336	0,775136207	4
optimal_loci_176562_G	1109	1,058175	0	6107	36,51	3	1,238357651	0,156	0,770517586	4
optimal_loci_176592_G	1218	0,729989	0	2049	40,31	1	0,156849718	0,175	0,769590782	3
optimal_loci_176656_G	1167	0,690767	2999	3987	44,47	4	21,86422654	0,212	0,766521339	3
optimal_loci_176815_G	1130	0,012134	0	18449	42,83	1	17,31552686	0,178	0,758630518	2
optimal_loci_176826_G	1361	0,012631	3152	1512	33,65	3	10,75716443	0,099	0,758258631	2
optimal_loci_177360_G	1258	0,107686	4,05	1756	42,84	1	22,11659613	0,204	0,728525797	6
optimal_loci_177364_G	2471	0,107686	18,7	6248	48,88	1	22,11659613	0,389	0,728470029	6
optimal_loci_177462_G	1171	0,111411	2,48	6732	38,85	1	7,098794566	0,119	0,725121251	6
optimal_loci_177464_G	1276	0,111411	0	11115	41,14	1	7,098794566	0,255	0,72507738	6
optimal_loci_177465_G	2482	0,111411	6,73	12424	60,95	1	7,098794566	0,715	0,725052796	6
optimal_loci_177471_G	1035	0,115991	0	3780	30,91	3	15,88263972	0,053	0,724427038	7
optimal_loci_177554_G	1125	0,115496	6,13	11543	41,51	1	13,35447792	0,045	0,720153304	7
optimal_loci_177564_G	1477	0,107595	20,92	14624	36,15	1	22,63768656	0,202	0,719479365	6
optimal_loci_177641_G	1345	0,072773	11,6	1871	39,62	1	7,379036728	0,275	0,716006305	6
optimal_loci_177647_G	1013	0,072773	0	8251	42,94	1	7,319036728	0,223	0,715882297	6
optimal_loci_177648_G	1145	0,072773	14,41	9307	40,34	1	7,379036728	0,325	0,715870684	6
optimal_loci_177649_G	1283	0,072773	0	10485	40,29	1	7,379036728	0,143	0,71585782	6
optimal_loci_178120_G	1112	0,29798	32,1	13207	31,29	1	0,733778415	0,126	0,691499492	6
optimal_loci_178129_G	1208	0,280192	5,71	12859	4617	2	42,18723981	0,239	0,690809521	6
optimal_loci_178170_G	1882	0,226911	15,3	4710	44,42	1	24,83013804	0,411	0,688810147	7
optimal_loci_178172_G	1005	0,217121	18,21	6924	38,9	1	24,83013804	0,085	0,688797077	7
optimal_loci_178199_G	1486	0,215407	0	3026	44,07	2	16,19483704	0,392	0,688387654	7
optimal_loci_178230_G	1131	0,209494	35,63	2993	34,74	1	1,141237502	0,235	0,687644858	7
optimal_loci_178298_G	1053	0,175451	0	1362	41,88	2	2,082857241	0,257	0,684745396	6

optimal_loci_178311_G	1036	0,195858	0	25590	50,28	1	4,858256996	0,575	0,682647654	3
optimal_loci_178388_G	1373	0,250388	23,16	2655	40,71	2	5,124616433	0,106	0,678675934	2
optimal_loci_178513_G	1121	0,326429	18,02	12880	43,8	1	0,380599041	0,593	0,671931896	1
optimal_loci_178978_G	1250	1,327903	9,92	4654	53,36	1	0,531750712	0,761	0,650268231	1
optimal_loci_179377_G	1056	0,012112	0	1001	40,24	2	32,7910287	0,17	0,629290841	2
optimal_loci_179383_G	1248	0,012112	0	11977	37,17	2	32,7910287	0,052	0,629030567	2
optimal_loci_179499_G	1591	0,020752	7,17	1810	38,96	1	26,48594165	0,261	0,623821153	1
optimal_loci_179635_G	1415	0,021961	0	1001	42,61	1	47,02240083	0,064	0,614327067	2
optimal_loci_179731_G	1228	0,022316	31,51	2625	29,8	2	0,947874871	0,166	0,609543822	3
optimal_loci_179775_G	1020	0,023427	0	3443	36,27	1	28,00873719	0	0,60669173	2
optimal_loci_179884_G	2028	0,022752	4,24	8015	34,02	3	0,013307576	0,209	0,599767889	1
optimal_loci_179978_G	1309	0,013432	0	2001	40,18	1	18,44632713	0,279	0,593821359	3
optimal_loci_179997_G	1021	0,023001	3,13	2749	38,58	1	2,718160805	0,142	0,591467107	5
optimal_loci_179998_G	1260	0,021238	10,16	13897	46,9	1	27,30605067	0,404	0,591277058	6
optimal_loci_180080_G	1192	0,010634	0	1755	44,29	1	0,040195564	0,33	0,587182141	5
optimal_loci_180081_G	1230	0,010634	0	3076	59,02	1	0,040195564	0,666	0,587168856	5
optimal_loci_180086_G	2780	0,012352	8,13	2081	56,33	2	26,12993987	0,627	0,586531769	4
optimal_loci_180179_G	3100	0,485886	0	18345	58,45	1	19,45980698	0,615	0,581158739	2
optimal_loci_180190_G	1639	0,485886	2,99	2001	38,49	1	19,45980698	0,141	0,580998974	2
optimal_loci_180774_G	1544	0,139227	8,55	2679	38,4	2	2,463830844	0,092	0,542831808	1
optimal_loci_180888_G	1091	0,121812	0	3249	42,89	1	214,418926	0,15	0,534940616	1
optimal_loci_181036_G	1870	0,156667	38,29	4395	35,77	1	29,66248883	0,118	0,527326696	2
optimal_loci_181114_G	1726	0,121119	0	2382	45,3	1	0,79586752	0,366	0,522642659	3
optimal_loci_181147_G	2292	0,115107	0	2001	52,83	1	0,326483438	0,486	0,519466598	2
optimal_loci_181259_G	1451	0,032512	0	3961	56,71	2	1,082034062	0,58	0,512834653	1
optimal_loci_181590_G	1189	0,163615	13,54	6926	43,98	1	195,7226469	0,22	0,493042962	2
optimal_loci_181591_G	1178	0,176009	0	5640	41,08	1	195,7226469	0,178	0,493030391	2
optimal_loci_181751_G	1006	0,234684	0	2689	45,82	2	8,262507091	0,52	0,48182696	2
optimal_loci_181810_G	2534	0,178362	7,42	2122	49,92	1	34,17474517	0,446	0,477969384	4
optimal_loci_181825_G	1752	0,121903	0	1449	34,18	2	0,176909489	0,09	0,47681913	3
optimal_loci_181873_G	1118	0,040227	0	2001	49,1	1	20,11741708	0,518	0,47307522	4
optimal_loci_181916_G	1521	0,028369	5,52	6459	60,02	2	66,30038607	0,723	0,470308074	3
optimal_loci_181950_G	1473	0,027454	30,55	3476	35,91	2	0,457529484	0,153	0,467414457	2
optimal_loci_182110_G	2762	0,025639	0	15773	3511	1	6,110706755	0,078	046041697	1
optimal_loci_182673_G	1011	0,163782	1088	19813	48,66	1	4,313974662	0,491	0,425933421	2

optimal_loci_182684_G	2022	0,163782	2,82	2189	44,75	1	40,55541666	0,255	0,425625973	2
optimal_loci_182869_G	1579	0,339379	1,96	1001	36,73	1	1,332147884	0,132	0,41213863	4
optimal_loci_182884_G	2591	0,33961	0	3900	46,46	1	5,867454045	0,32	0,411082414	4
optimal_loci_182885_G	1270	0,33961	0	2532	42,99	1	5,867454045	0,08	0,411069042	4
optimal_loci_182924_G	1457	0,184202	36,86	2760	38,84	1	21,52004084	0,184	0,408427879	
optimal_loci_182953_G	1436	0,158024	2,09	1001	42,89	1	29,1648112	0,391	0,405562424	3
optimal_loci_182959_G	1015	0,15405	0	9218	38,02	1	3,610682471	0,268	0,40431477	3
optimal_loci_183137_G	1813	0,167639	39,82	3829	36,56	2	13,78164832	0,046	0,391397273	2
optimal_loci_183198_G	1144	0,193846	37,41	2188	34,7	3	0,612665122	0	0,387135445	2
optimal_loci_183636_G	1687	0,910168	23,18	15262	39,83	1	10,16141817	0,162	0,354773812	1
optimal_loci_184065_G	2590	0,45162	22,05	1001	36,91	2	19,74693642	0,182	0,316029511	2
optimal_loci_184092_G	1472	0,532986	14,06	12588	35,66	1	0,377215939	0,205	0,313923969	2
optimal_loci_184485_G	1619	0,067131	14,89	10643	52,31	2	60,06002071	0,547	0,28957218	5
optimal_loci_184486_G	3398	0,067131	7,92	7212	40,96	3	50,26225106	0,277	0,289538641	5
optimal_loci_184489_G	1253	0,067131	0	2970	35,43	3	50,26225106	0	0,289497175	5
optimal_loci_184523_G	1713	0,062831	3,91	2001	34,73	4	28,90161842	0,104	0,286084272	5
optimal_loci_184530_G	2003	0,062831	9,49	12485	43,13	1	2,596425841	0,326	0,285323558	5
optimal_loci_184746_G	2593	2,312398	1,81	1141	46,23	4	8,226437838	0,392	0,267700332	1
optimal_loci_184929_G	1192	0,216022	0	6395	54,53	3	2,807590431	0,539	0,253233607	3
optimal_loci_184936_G	1263	0,190403	6,02	2429	46,87	3	7,938515853	0,433	0,252830098	3
optimal_loci_184969_G	1191	0,252401	1126	1245	37,53	1	1,059832639	0,092	0,249933245	3
optimal_loci_185181_G	1466	0,088905	0	2207	58,66	2	22,63873569	0,66	0,23368958	3
optimal_loci_185183_G	1999	0,088905	0	5573	36,16	2	22,63873569	0,136	0,233651466	3
optimal_loci_185230_G	1689	0,128571	0	2001	34,51	2	8,262524263	0,03	0,230009218	3
optimal_loci_185386_G	1277	0,127124	0	6369	51,05	2	33,98612781	0,535	0,219438025	2
optimal_loci_185454_G	1085	0,140354	5,25	2245	38,15	1	13,12114406	0,207	0,215334761	3
optimal_loci_185506_G	1488	0,158068	6,59	9501	47,78	1	11,09802151	0,398	0,213510821	4
optimal_loci_185582_G	1347	0,550341	0	3369	47,29	2	17,65426497	0,295	0,209920938	3
optimal_loci_185589_G	1230	0,550341	0	4888	33,49	1	22,51014442	0,22	0,209757077	3
optimal_loci_186110_G	2323	0,137029	8,27	2001	41,15	3	3,894832413	0,185	0,180278807	1
optimal_loci_186270_G	1137	0,013666	0	2131	54	1	0,048871315	0,527	0,168377292	2
optimal_loci_186304_G	1695	0,01084	1109	2204	43,3	2	13,53415751	0,242	0,166767947	2
optimalloc1_186646_G	1739	0,628406	0	1001	5532	3	8,57254153	0,53	0,148492229	1
optimal_loci_186743_G	1228	0,211116	6,03	8237	3214	2	0,291898589	0,276	0,140624223	1
optimal_loci_186956_G	1069	0,094783	10,85	1869	38,82	1	0,290291838	0,095	0,130004242	1

optimal_loci_187078_G	2361	0,012266	0	3870	57,72	3	4,056981883	0,631	0,123064154	1
optimal_loci_187450_G	1666	0,361464	1,74	2411	34,75	2	20,38733942	0,119	0,097157263	4
optimal_loci_187451_G	1093	0,361464	0	5161	34,94	2	20,38133942	0,161	0,091135982	4
optimal_loci_187455_G	1139	0,361464	0	2792	32,39	2	20,38733942	0,09	0,097104262	4
optimal_loci_187512_G	1351	0,316739	23,09	12541	44,18	2	180,2383542	0,244	0,092940489	4
optimal_loci_187687_G	1521	0,132719	25,64	2905	34,31	3	1,805149137	0,081	0,082750342	1
optimal_loci_191534_G	1629	0,05168	0	13009	38,18	3	0,209746659	0,246	0,13825083	1
optimal_loci_192637_G	2054	0,043001	2,09	7257	57,83	1	2,23689201	0,635	0,205763975	2
optimal_loci_192638_G	1092	0,043001	18,13	6053	36,81	1	2,23689201	0,209	0,205783906	2
optimal_loci_194905_G	1074	0,283729	0	3356	35,1	1	1,049104226	0,216	0,331454088	1
optimal_loci_195101_G	1153	0,41929	0	8409	41,8	2	0,204460297	0,231	0,342195427	6
optimal_loci_195112_G	3326	0,419187	8,45	14061	36,83	1	0,085293027	0,172	0,342435524	7
optimal_loci_195115_G	1300	0,415341	0	7967	36,61	1	0,085293027	0	0,342510243	7
optimal_loci_195117_G	1555	0,415341	0	5412	34,14	1	0,085293027	0,068	0,342531408	7
optimal_loci_195118_G	1121	0,415341	0	3834	33,89	1	0,085293027	0,131	0,342549922	7
optimal_loci_195119_G	1212	0,415341	15,35	2490	46,03	1	0,085293027	0,543	0,342561452	7
optimal_loci_195211_G	2197	0,193354	16,02	5405	48,74	5	20,62068273	0,475	0,34685707	6
optimal_loci_195885_G	1162	0,678756	0	15359	38,55	1	1,951820052	0,104	0,381040621	1
optimal_loci_196090_G	1451	0,912543	10,13	1040	42,1	2	1,111344212	0,286	0,38851556	3
optimal_loci_196093_G	1508	0,925224	29,31	9958	34,35	2	47,22927012	0	0,388635728	3
optimal_loci_196158_G	1000	1,163345	0	2125	52	3	3,241055057	0,442	0,391167345	4
optimal_loci_196240_G	2281	0,865371	6,18	8724	34,5	1	2,600510719	0,083	0,395686606	2
optimal_loci_196357_G	1192	0,141548	0	8830	49,91	1	0,808433092	0,345	0,401517032	2
optimal_loci_196360_G	1459	0,141548	5,35	2643	41,19	1	0,808433092	0,271	0,401571507	2
optimal_loci_196784_G	2011	0,773668	0	3760	34,51	2	0,024684805	0,099	0,42167305	6
optimal_loci_196799_G	1151	0,846075	0	4421	32,66	4	0,003821069	0,041	0,422390488	6
optimal_loci_196800_G	1627	0,846075	7,44	5140	34,72	4	0,003821069	0,073	0,422401383	6
optimal_loci_196803_G	1564	0,846075	8,44	2351	4533	4	0,003821069	0,303	0,422427627	6
optimal_loci_196864_G	1412	0,910911	0	2212	41,71	1	40,429997	0,26	0,423739473	6
optimal_loci_196884_G	1054	0,960007	0	5505	38,33	1	5,262836943	0	0,425236185	6
optimal_loci_197223_G	1277	0,105199	32,26	2276	45,96	2	0,013284428	0,47	0,447183884	1
optimal_loci_197372_G	1081	0,165991	0	3057	43,2	1	97,18032461	0,428	0,455317037	3
optimal_loci_197377_G	1060	0,165991	7,26	2569	55,09	1	97,18032461	0,679	0,455422132	3
optimal_loci_197410_G	1356	0,15413	25,52	7267	33,7	2	239,3939186	0,098	0,457121757	3
optimal_loci_197514_G	1576	0,117958	0	2526	46,38	2	4,66170485	0,349	0,468154135	2

optimal_loci_191620_G	1453	0,114295	0	11525	42,67	1	20,1257088	0,327	0,471790176	3
optimal_loci_197700_G	1188	0,121064	0	2455	39,05	1	6,777956424	0,249	0,475065907	2
optimal_loci_198016_G	1076	0,112729	0	12749	35,87	2	19,43142885	0,164	0,492757161	2
optimal_loci_198027_G	1045	0,112729	0	3439	49,09	2	19,43142885	0,348	0,492843116	2
optimal_loci_198224_G	1210	0,411467	0	12013	41,65	1	27,77410267	0,195	0,501751523	3
optimal_loci_198225_G	1280	0,427413	7,34	2757	41,71	1	27,77410267	0,445	0,501836052	3
optimal_loci_198287_G	1039	0,23925	0	18284	44,46	1	31,29691316	0,361	0,505580087	3
optimal_loci_198387_G	1190	0,278298	0	6502	44,2	2	96,9243239	0,428	0,510821028	3
optimal_loci_198422_G	4126	0,271655	13,09	2315	50,77	2	10,38257277	0,431	0,512183337	4
optimal_loci_198424_G	1368	0,271818	7,09	7681	38,23	2	10,38257277	0,217	0,512232715	4
optimal_loci_198523_G	1043	0,298684	23,97	9645	42,28	1	1,876257861	0,164	0,516514851	5
optimal_loci_198567_G	1198	0,287714	0	9763	39,48	1	1,043855559	0,169	0,519399684	5
optimal_loci_198569_G	1507	0,287714	0	2180	51,16	1	1,043855559	0,325	0,519466619	5
optimal_loci_198591_G	1201	0,25106	0	4381	47,37	2	4,558938751	0,307	0,521377759	4
optimal_loci_198620_G	1058	0,424518	0	6536	41,25	2	0,168402765	0,431	0,523084459	6
optimal_loci_198700_G	1015	0,397251	0	11745	46,3	2	37,70460123	0,337	0,526434394	3
optimal_loci_198727_G	2061	0,379954	4,22	1621	34,54	4	3,105411679	0,104	0,527237447	3
optimal_loci_199079_G	1197	0,160896	0	1109	41,01	2	0,023434942	0,337	0,545949664	5
optimal_loci_199109_G	1154	0,0874876	0	11539	46,53	2	2,352594614	0,285	0,548850195	5
optimal_loci_199110_G	1145	0,0874876	3,23	10247	41,65	2	2,352594614	0,271	0,548862167	5
optimal_loci_199111_G	1950	0,0874876	0	3659	52,46	3	2,845185658	0,404	0,548915381	5
optimal_loci_199118_G	1279	0,78865	0	2001	44,01	4	22,55093329	0,409	0,549292854	5
optimal_loci_199355_G	1216	1,585813	0	2472	43,17	1	10,80624466	0,479	0,560952123	4
optimal_loci_199360_G	1140	1,789354	0	4829	40,61	1	10,80624466	0,469	0,561043489	4
optimal_loci_199394_G	1361	1,744959	32,77	2698	50,99	1	16,5446122	0,478	0,561165693	4
optimal_loci_199396_G	2004	1,744959	0	2281	35,72	1	16,5446122	0	0,561827051	4
optimal_loci_199571_G	1172	0,150114	0	3062	45,05	2	7,973077424	0,164	0,570239226	2
optimal_loci_199583_G	3559	0,150114	0	6368	57,12	3	8,275172285	0,571	0,570371918	2
optimal_loci_199812_G	1400	0,426897	0	2439	40,64	2	5,08642522	0,24	0,583255329	2
optimal_loci_199880_G	1794	0,468627	0	1001	39,4	5	0,861589625	0,16	0,58632282	3
optimal_loci_199951_G	2460	0,532196	13,33	1657	40,08	1	8,132114844	0,211	0,588564198	2
optimal_loci_200139_G	1064	0,32318	20,49	1001	44,07	2	11,52571955	0,268	0,599533221	1
optimal_loci_200220_G	1460	0,343178	26,64	3580	45,27	1	2,989926986	0,415	0,605335066	2
optimal_loci_200253_G	3103	1,328926	22,66	2001	45,85	4	1,257887191	0,407	0,601416889	3
optimal_loci_200324_G	1386	1,126214	20,71	1001	46,82	4	7,510233022	0,401	0,612013725	3

optimal_loci_200335_G	1658	0,992052	27,93	4345	34,68	1	8,404693585	0,212	0,613362526	3
optimal_loci_200379_G	1653	0,147097	7,86	4233	47	1	21,34578674	0,505	0,616763256	2
optimal_loci_200497_G	1820	0,212214	9,12	2337	40,43	4	73,83760965	0,216	0,622782275	6
optimal_loci_200519_G	1283	0,236935	2,18	9952	48,4	1	88,18239482	0,372	0,623051984	6
optimal_loci_200531_G	1245	0,236935	0	6527	51,64	1	1,411477062	0,443	0,623744144	6
optimal_loci_200536_G	2072	0,238238	0	2001	55,83	1	1,411477062	0,608	0,623778182	6
optimal_loci_200537_G	1034	0,255878	37,81	1001	44,29	1	1,411477062	0,211	0,62384358	6
optimal_loci_200594_G	1031	0,407304	0	3737	35,79	3	0,079008988	0,219	0,62615297	7
optimal_loci_200128_G	1333	1,384854	13,5	1203	50,78	3	1,114789105	0,465	0,629964446	5
optimal_loci_200751_G	1257	1,507592	0	14006	35,24	2	0,015673868	0,049	0,630912502	4
optimal_loci_200759_G	2254	2,2351	0	9437	50,04	2	9,816223777	0,404	0,631742701	4
optimal_loci_200789_G	2931	1,177049	7,2	8825	41,89	2	3,599991705	0,378	0,633664505	5
optimal_loci_200835_G	1156	0,782404	0	5423	34,86	1	0,675021889	0,451	0,636390669	6
optimal_loci_200876_G	1161	1,404143	14,73	3682	42,46	3	3,481118403	0,307	0,638619947	5
optimal_loci_200929_G	1159	1,399572	12,68	2369	34,42	1	194,5931614	0,163	0,639911328	5
optimal_loci_200931_G	1907	1,399572	7,34	3854	35,86	1	194,5931614	0,273	0,639924992	5
optimal_loci_200944_G	1265	1,399572	0	6831	31,62	4	18,29918728	0,032	0,640601491	6
optimal_loci_201017_G	1917	0,58821	0	1982	36,98	2	1,370424275	0,054	0,644787495	4
optimal_loci_201044_G	1109	0,408574	36,25	2050	45,98	1	5,881357467	0,405	0,647335169	3
optimal_loci_201054_G	3004	0,345651	0	2181	32,62	1	9,360415398	0	0,648371242	4
optimal_loci_201123_G	1637	1,345463	29,75	17796	38,91	1	0,52531928	0,072	0,652691796	5
optimal_loci_201152_G	2106	1,293048	12,63	1955	59,35	1	9,376919617	0,584	0,654866516	4
optimal_loci_201194_G	1234	1,722705	0	10300	39,7	2	5,403762572	0,172	0,656745201	4
optimal_loci_201200_G	1478	1,722705	19,22	5107	35,92	1	8,718667709	0,143	0,656906271	4
optimal_loci_201386_G	1333	0,793124	7,43	6746	38,03	3	11,59078826	0,077	0,668791245	1
optimal_loci_201486_G	1495	1,137193	5,89	2291	45,55	4	1,421744451	0,245	0,675342477	1
optimal_loci_201553_G	1238	2,26057	0	2001	42,56	4	33,66411624	0,266	0,680404983	2
optimal_loci_201597_G	1213	1,369462	8,66	10276	55,39	3	15,7313361	0,523	0,683667141	4
optimal_loci_201690_G	1024	1,575339	13,87	3498	45,5	2	1,056963397	0,266	0,687097768	8
optimal_loci_201693_G	1294	1,456188	14,76	1334	52,24	2	1,056963397	0,291	0,687115196	8
optimal_loci_201729_G	1042	1,90295	0	2173	42,41	4	6,058433688	0,347	0,688793048	9
optimal_loci_201747_G	1315	2,242058	12,02	9077	47,98	1	6,271919391	0,581	0,689762886	9
optimal_loci_201748_G	1004	2,242058	0	8040	58,36	1	6,271919391	0,547	0,68977529	9
optimal_loci_201750_G	1196	2,242058	0	5754	50,16	1	6,271919391	0,389	0,689794559	9
optimal_loci_201784_G	2216	2,030037	0	3288	51,44	1	4,269727315	0,31	0,690898496	11

optimal_loci_201813_G	1006	2,272942	0	2001	45,32	2	4,482019124	0,379	0,692432062	9
optimal_loci_201819_G	1807	2,272942	0	1211	56,28	2	0,331176867	0,655	0,692630686	9
optimal_loci_201858_G	1646	2,739638	22,36	8389	34,69	2	464728989	0,147	0,694649276	5
optimal_loci_201863_G	1559	2,739638	25,66	5213	43,81	2	4,64728989	0,182	0,694679302	5
optimal_loci_201983_G	1361	1,149965	0	2001	57,75	1	3,686430848	0,552	0,702117646	6
optimal_loci_201994_G	1031	1,149965	25,22	2668	51,89	1	0,198013616	0,622	0,702432103	6
optimal_loci_201995_G	1118	1,149965	12,25	3839	42,75	1	0,198013616	0,233	0,702442879	6
optimal_loci_202012_G	1083	1,107999	36,2	6043	38,59	2	0,513261649	0,179	0,703278359	6
optimal_loci_202017_G	1879	1,107999	L54	1801	54,76	4	2,172817992	0,567	0,703474544	6
optimal_loci_202022_G	1052	1,107999	0	1001	41,25	3	2,897090656	0,324	0,703567769	6
optimal_loci_202126_G	1154	0,939762	2,6	4416	31,62	1	4,041338556	0,17	0,708842748	11
optimal_loci_202127_G	1059	0,939762	0	3149	31,06	1	4,041338556	0,039	0,708855281	11
optimal_loci_202131_G	1362	0,985131	0	5764	37,15	1	4,041338556	0,173	0,708962483	11
optimal_loci_202140_G	3448	0,985131	6,93	14127	47,38	1	4,041338556	0,395	0,709039439	11
optimal_loci_202145_G	1577	0,985131	L78	19350	31,95	1	0,146004044	0,112	0,709107055	11
optimal_loci_202158_G	1483	1,645007	23,2	12623	43,49	1	7,050557084	0,255	0,710386411	14
optimal_loci_202159_G	1420	1,645007	16,48	10838	39,22	1	7,050557084	0,326	0,710403423	14
optimal_loci_202164_G	2522	1,645007	6,19	3441	45,2	1	7,050557084	0,275	0,710559414	14
optimal_loci_202179_G	1523	2,334804	0	11818	39,13	1	10,29492625	0,249	0,711240016	16
optimal_loci_202180_G	2229	2,334804	13,01	9215	45,04	1	10,29492625	0,286	0,711257472	16
optimal_loci_202223_G	1591	2,503775	15,15	1608	37,52	2	37,20611384	0,261	0,713361254	17
optimal_loci_202236_G	1194	2,748502	31,57	1001	40,11	1	13,27927324	0,199	0,714061751	12
optimal_loci_202240_G	1152	2,748502	0	2001	46,26	3	10,58048318	0,406	0,714384776	12
optimal_loci_202250_G	1413	2,748502	0	1061	41,61	1	0,013158696	0,396	0,714775361	12
optimal_loci_202266_G	1636	3,144546	1,83	2001	55,07	5	16,2415291	0,56	0,715542351	9
optimal_loci_202267_G	1426	2,265017	11,08	3893	39,13	3	26,21447674	0,043	0,715687014	9
optimal_loci_202272_G	1235	2,38015	25,67	2940	3951	3	5,704571352	0,114	0,716161963	7
optimal_loci_202457_G	1618	1,230933	17,37	6465	41,53	1	43,4842053	0,327	0,725965506	5
optimal_loci_202513_G	1425	3,91051	0	2564	49,54	4	25,16663021	0,392	0,729498366	10
optimal_loci_202514_G	1436	3,91051	3,13	4098	55,71	4	25,16663021	0,643	0,729512482	10
optimal_loci_202526_G	1222	3,91051	0	1001	48,85	3	17,32364188	0,468	0,729600508	10
optimal_loci_202528_G	1170	4,282038	32,65	3515	42,73	1	11,89297008	0,382	0,72966056	10
optimal_loci_202558_G	1917	4,314463	14,76	4484	52,58	4	11,11200819	0,487	0,73130431	10
optimal_loci_202593_G	1033	4,803676	6,78	3284	41,91	1	6,576916432	0,458	0,731638901	10
optimal_loci_202600_G	2093	4,798447	35,4	3187	44,67	2	3,676402883	0,343	0,73197882	10

optimal_loci_202616_G	1914	4,229378	1,62	2036	47,49	4	22,38224408	0,38	0,732684378	13
optimal_loci_202629_G	1345	4,256245	0	2001	42,52	2	3,66137214	0,157	0,733390332	13
optimal_loci_202653_G	2442	4,302276	17,53	3603	37,26	4	6,898027199	0,048	0,734782998	9
optimal_loci_202715_G	2455	2,010984	0	9609	47,16	2	8,874777299	0,416	0,737047372	6
optimal_loci_202718_G	1030	2,010984	27,67	13696	40,38	2	8,874777299	0,193	0,737107985	6
optimal_loci_202720_G	1177	1,95719	5,86	11635	46,81	2	8,874777299	0,45	0,737125598	6
optimal_loci_202819_G	1049	0,339244	3,62	2001	37,36	2	6,472732413	0,103	0,742472628	5
optimal_loci_202830_G	1321	0,338254	0	2145	47,53	2	0,161892458	0,252	0,742702483	5
optimal_loci_202854_G	1027	0,224173	0	18017	44,49	1	4,417031987	0,288	0,743820287	5
optimal_loci_202859_G	1087	0,224173	18,86	9279	48,94	1	4,417031987	0,349	0,743900142	5
optimal_loci_202888_G	1055	0,974037	31,85	2001	26,72	3	24,67443468	0,121	0,745784798	7
optimal_loci_202979_G	1313	1,130566	0	15468	50,03	1	46,17921307	0,502	0,750115843	5
optimal_loci_202987_G	1714	1,118046	0	1712	56,53	3	102,2507939	0,472	0,750343646	5
optimal_loci_203009_G	2084	1,350932	1,39	17100	51,58	2	0,153828795	0,528	0,752101666	6
optimal_loci_203012_G	1902	1,350932	0	1001	50,26	2	23,32836401	0,349	0,752305985	6
optimal_loci_203075_G	3826	0,763609	4,08	1001	52,87	4	6,314651272	0,382	0,756129985	6
optimal_loci_203081_G	2702	0,845474	4,89	4663	50,25	3	0,637291665	0,401	0,756261113	7
optimal_loci_203147_G	1900	0,966271	2,16	3655	44,84	1	051136178	0,224	0,760602952	12
optimal_loci_203149_G	1354	0,966271	0	6262	44,16	1	0,51136178	0,329	0,760626941	12
optimal_loci_203160_G	3490	0,987765	35,04	3012	47,24	2	5,142421817	0,326	0,760859152	11
optimal_loci_203172_G	1064	0,987765	11,28	3028	54,32	3	16,80217533	0,419	0,760919163	10
optimal_loci_203173_G	1879	0,987765	0	1001	54,12	3	16,80217533	0,507	0,760990316	10
optimal_loci_203174_G	1149	0,987765	17,75	1604	47,6	2	25,203263	0,42	0,761067842	11
optimal_loci_203182_G	1045	0,886879	0	1673	36,26	3	0,485867958	0,226	0,761801282	11
optimal_loci_203198_G	1060	0,724375	9,06	2516	45,84	4	8,882766102	0,389	0,763349709	11
optimal_loci_203199_G	1415	0,724375	12,23	2138	39,92	3	11,84368814	0,205	0,763369319	11
optimal_loci_203200_G	1990	0,724375	0	1001	57,13	3	11,84368814	0,489	0,763430098	11
optimal_loci_203239_G	1925	0,123734	15,84	2001	47,74	2	0,962696125	0,34	0,765669498	14
optimal_loci_203328_G	1417	0,142642	0	1467	54,19	2	0,141233349	0,628	0,769846281	9
optimal_loci_203330_G	1069	0,142642	16,65	7523	39	1	0,282466697	0,2	0,769980068	9
optimal_loci_203331_G	2760	0,142642	12,32	8625	37,17	1	0,282466697	0,239	0,769990209	9
optimal_loci_203332_G	1418	0,142642	0	11456	41,81	1	0,282466697	0,42	0,770016259	9
optimal_loci_203333_G	1023	0,142642	11,34	12962	37,82	1	0,282466697	0,244	0,770030118	9
optimal_loci_203335_G	1315	0,142642	0	15030	36,12	1	0,282466697	0	0,770049147	9
optimal_loci_203337_G	1512	0,142642	9,19	17065	36,11	1	0,282466697	0,037	0,770067873	9

optimal_loci_203339_G	1549	0,142642	3,1	18952	40,6	1	0,282466697	0,11	0,770085237	9
optimal_loci_203476_G	1471	1,775677	0	3594	39,42	2	4,623712889	0,182	0,777072787	8
optimal_loci_203488_G	1505	1,791077	10,63	2001	43,58	3	4,874015548	0,428	0,777872177	8
optimal_loci_203517_G	1211	1,90707	11,73	8193	57,88	1	2,166501508	0,631	0,779636831	8
optimal_loci_203521_G	2561	1,90707	0	12377	47,63	1	2,166501508	0,384	0,779675332	8
optimal_loci_203542_G	1293	1,957392	5,18	1226	36,96	3	27,71720621	0,09	0,781236302	10
optimal_loci_203545_G	3043	1,957392	0	2001	45,87	2	6,443581111	0,33	0,781372104	10
optimal_loci_203547_G	1230	1,957392	7,4	6201	53,49	1	3,969136079	0,413	0,781410752	10
optimal_loci_203550_G	1935	1,957392	0	9570	46,09	1	3,969136079	0,51	0,781441753	10
optimal_loci_203661_G	1929	1,698317	37,79	2665	45,72	1	3,251593275	0,401	0,785508464	11
optimal_loci_203668_G	1156	1,698317	6,83	8770	41,17	1	3,251593275	0,226	0,785564641	11
optimal_loci_203676_G	1833	1,698317	39,77	14593	47,19	1	0,526063791	0,304	0,786257372	8
optimal_loci_203686_G	3968	1,246423	7,43	11635	51,48	1	10,0579225	0,521	0,786669066	8
optimal_loci_203702_G	1792	0,704049	13,84	6308	38,5	2	17,25868013	0,182	0,787884209	8
optimal_loci_203704_G	3948	0,704049	1,7	2001	54,88	1	13,96843145	0,622	0,78801898	8
optimal_loci_203706_G	1189	0,706073	0	8565	37,17	2	6,984215723	0,241	0,788079382	8
optimal_loci_203772_G	1483	0,41744	8,83	3103	48,81	1	1,185166525	0,53	0,790740755	10
optimal_loci_203803_G	1770	0,47785	4,01	2368	40,28	2	22,11803098	0,444	0,793566032	9
optimal_loci_203810_G	2790	0,47785	0	7541	45,19	2	21,6906323	0,405	0,793861921	9
optimal_loci_203813_G	1172	0,47785	15,44	3382	40,1	1	1,414699578	0,094	0,794016347	9
optimal_loci_203827_G	2695	0,47785	20,37	4365	33,46	2	0,085751625	0,041	0,794601774	9
optimal_loci_203850_G	1949	0,47785	3838	15089	46,63	1	37,57153767	0,336	0,795603966	8
optimal_loci_203853_G	1494	0,47785	0	11916	40,69	1	37,57153767	0,063	0,79563735	8
optimal_loci_203859_G	1343	0,47785	11,17	2561	33,87	1	37,57153767	0,037	0,795724824	8
optimal_loci_203867_G	1612	0,298052	0	7420	55,52	1	37,57153767	0,595	0,795838357	9
optimal_loci_203938_G	1165	0,451625	0	1001	53,56	1	9,157393558	0,386	0,80077108	5
optimal_loci_203953_G	1018	0,489219	7,47	2909	42,23	2	0,327162262	0,348	0,801074062	6
optimal_loci_204027_G	1517	0,924317	13,45	3691	34,8	1	0,87011381	0,092	0,804911644	8
optimal_loci_204028_G	2332	0,924317	20,63	1001	37,34	1	0,87011381	0,116	0,804928898	8
optimal_loci_204029_G	1575	0,972153	6,1	2001	38,98	1	0,87011381	0,038	0,804996587	7
optimal_loci_204053_G	1398	0,972153	0	8680	54,22	1	3,782119797	0,53	0,805641983	7
optimal_loci_204061_G	2621	0,972153	0	2259	47,53	1	3,782119797	0,416	0,805689815	6
optimal_loci_204093_G	1162	0,823062	0	11476	3623	1	0,038517625	0,229	0,807207277	6
optimal_loci_244231_G	2163	1,329988	18,77	1358	40,96	5	8,009643437	0,264	0,814458803	7
optimal_loci_204244_G	1563	1,810688	5,82	2001	39,47	2	7,9592497	0,329	0,81511733	7

optimal_loci_204246_G	1906	1,810688	1,47	2202	52,57	2	7,9592497	0,488	0,815188066	7
optimal_loci_204260_G	3164	1,810688	0	6886	39,22	1	4,509288676	0,189	0,81600608	9
optimal_loci_204267_G	1160	1,810688	2,41	2031	53,96	4	1,594730189	0,422	0,816769758	9
optimal_loci_204292_G	1137	2,008872	13,9	3420	50,48	4	1,690378979	0,395	0,818987984	9
optimal_loci_204293_G	2119	2,008872	0	1688	49,36	4	1,690378979	0,424	0,819000315	9
optimal_loci_204304_G	2057	1,698251	5,79	3158	42,1	4	0,786788352	0,17	0,819906153	7
optimal_loci_201305_G	1385	1,698251	0	2925	39,63	4	0,786788352	0,325	0,819928486	7
optimal_loci_204363_G	1119	0,770134	0	1513	37,8	2	4,46019173	0,184	0,824365123	11
optimal_loci_204380_G	1110	0,848398	12,7	3271	52,34	1	11,15737429	0,358	0,824629126	9
optimal_loci_204400_G	1623	0,930211	1,91	2864	40,11	3	9,137081974	0,34	0,825181491	10
optimal_loci_204431_G	1560	0,948966	32,63	18669	35,76	1	1,306222297	0,198	0,82661597	11
optimal_loci_204442_G	1462	0,881452	2,94	2872	40,15	3	0,602020334	0,187	0,827457763	11
optimal_loci_204448_G	1079	0,858476	32,9	2001	40,12	4	2,779952182	0,31	0,827809166	11
optimal_loci_204453_G	1297	0,858476	2,54	4170	43,09	1	47,81292201	0,272	0,82817624	11
optimal_loci_204455_G	1031	0,858476	0	2001	58,97	2	31,14351895	0,607	0,828198647	11
optimal_loci_204461_G	1335	1,05233	3,45	1948	51,53	1	14,4741159	0,452	0,828465503	13
optimal_loci_204480_G	1864	1,090718	23,93	4114	57,99	2	6,129614113	0,62	0,829690427	11
optimal_loci_204491_G	1839	1,126698	25,12	2613	38,66	3	4,875293924	0,307	0,829956759	11
optimal_loci_204550_G	1143	1,200724	34,27	16398	36,92	1	3,835220607	0,09	0,832815568	7
optimal_loci_204555_G	1845	1,20243	0	11558	44,39	1	3,835220607	0,37	0,832853646	7
optimal_loci_204578_G	1948	0,924314	25,82	3303	3542	2	6,727541419	0,208	0,834454211	6
optimal_loci_204612_G	4044	1,425558	1,93	2112	56,2	2	5,554639585	0,553	0,836613435	5
optimal_loci_204637_G	3213	1,323857	0	2874	52,38	1	0,598434408	0,515	0,838279297	6
optimal_loci_204726_G	4938	1,459479	31,75	11370	49,89	4	31,36805452	0,473	0,841661264	6
optimal_loci_204727_G	1220	1,459479	0	10093	42,04	4	31,36805452	0,252	0,841707228	6
optimal_loci_204729_G	1374	1,459479	0	7643	48,1	3	2,660155201	0,272	0,841728355	6
optimal_loci_204767_G	1363	1,277011	2,2	8197	42,62	3	5,960639714	0,152	0,843790315	6
optimal_loci_204800_G	1388	1,188513	0	8416	50,93	1	122,4374275	0,438	0,845757191	8
optimal_loci_204854_G	2373	2,472563	1,47	6179	51,62	2	5,03695566	0,645	0,84834228	6
optimal_loci_204855_G	1122	2,472563	0	1515	36,27	1	7,658571816	0,181	0,848472929	5
optimal_loci_204904_G	1295	2,090612	3,17	1035	40,54	2	1,876760159	0,293	0,850345245	7
optimal_loci_204917_G	1466	2,078275	26,81	2001	39,69	1	0,056133324	0,226	0,851118134	7
optimal_loci_204969_G	1205	2,463743	0	4458	38,25	1	10,80876262	0,085	0,853746656	10
optimal_loci_204991_G	1806	1,107412	6,64	14876	33,88	1	26,07699669	0,215	0,855717921	9
optimal_loci_205028_G	1116	1,107412	32,89	2001	35,66	4	11,91484622	0,194	0,856618348	8

optimal_loci_205043_G	1050	1,257825	5,9	2352	33,8	1	4,665454171	0,118	0,857538219	8
optimal_loci_205044_G	1039	1,257825	0	1193	45,9	1	4,665454171	0,256	0,857548986	8
optimal_loci_205047_G	1883	1,257825	15,14	4120	42,85	2	2,482012998	0,282	0,857624487	8
optimal_loci_205050_G	1825	1,257825	14,19	1759	54,3	2	2,482012998	0,382	0,857735674	8
optimal_loci_205132_G	1126	0,901441	0	4648	37,03	1	223,7403057	0,054	0,863420213	5
optimal_loci_205133_G	1323	0,901441	7,94	2391	39,98	1	223,7403057	0,123	0,863439169	5
optimal_loci_205136_G	1292	0,901441	0	2116	48,29	1	223,7403057	0,363	0,863537887	5
optimal_loci_205142_G	1827	0,901441	0	1393	44,71	2	0,046265242	0,33	0,864117057	5
optimal_loci_205145_G	1631	0,887633	0	3731	38,74	1	0,092530484	0,205	0,864193249	5
optimal_loci_205239_G	1565	2,736545	17,64	12512	42,74	1	5,36045474	0,308	0,870342512	4
optimal_loci_205268_G	1081	4,007577	0	3066	42,92	2	7,397621315	0,308	0,871827888	4
optimal_loci_205276_G	1254	4,007577	37,64	9786	35,24	1	52,94366576	0,04	0,872297204	4
optimal_loci_205293_G	1037	4,365962	7,23	2001	55,15	4	33,83836196	0,754	0,873086399	5
optimal_loci_205343_G	1212	6,171158	0	7281	45,29	5	0,864069217	0,287	0,877302447	4
optimal_loci_205423_G	1326	6,703742	11,39	3268	40,19	2	17,35396886	0,25	0,879980733	5
optimal_loci_205453_G	2246	5,927539	3,25	2001	53,02	2	12,95569707	0,493	0,88187946	8
optimal_loci_205474_G	1895	6,400222	16,09	2503	50,39	3	35,14553124	0,408	0,882859861	9
optimal_loci_205496_G	1571	6,655608	0	7589	57,54	3	5,48386164	0,73	0,884225087	13
optimal_loci_205563_G	1282	7,049948	15,68	2534	36,42	2	0,116424673	0,064	0,886232414	14
optimal_loci_205574_G	1247	6,762664	28,47	2193	33,68	2	7,407838359	0,086	0,886431829	14
optimal_loci_205576_G	1110	6,736451	15,05	2001	51,26	2	7,407838359	0,488	0,886500034	14
optimal_loci_205518_G	1437	6,736451	0	2345	40,77	2	7,407838359	0,333	0,886517499	13
optimal_loci_205579_G	2511	6,763297	0	1001	43,92	4	10,35620596	0,295	0,88651113	15
optimal_loci_205629_G	1166	5,449158	3	2132	40,65	4	60,22253411	0,15	0,888280976	16
optimal_loci_205637_G	1080	5,695731	4,35	1001	52,68	2	120,4450682	0,397	0,888396175	16
optimal_loci_205642_G	1170	5,445189	2,48	3348	40,51	3	18,37968788	0,124	0,888653543	17
optimal_loci_205643_G	1706	5,445189	1,88	1567	58,32	3	18,37968788	0,465	0,888665	17
optimal_loci_205657_G	1016	5,493787	0	6374	56,39	2	0,898820066	0,509	0,889129651	16
optimal_loci_205661_G	2362	5,493787	19,05	1598	47,03	2	0,898820066	0,432	0,889161214	16
optimal_loci_205683_G	1170	4,739728	0	1001	50,08	5	1,67187047	0,377	0,891178507	14
optimal_loci_205684_G	1515	4,739728	7,12	2223	41,12	4	2,089838088	0,24	0,891189752	14
optimal_loci_205692_G	1618	3,861749	0	6068	45,85	1	7,462795998	0,305	0,892211608	16
optimal_loci_205693_G	1975	3,861749	17,11	7719	43,44	1	7,462795998	0,407	0,8922268	16
optimal_loci_205706_G	1948	3,604223	2,93	3806	39,16	1	2,645777844	0,207	0,893191521	15
optimal_loci_205744_G	1907	3,558513	0	1001	61,24	2	1,249140088	0,7	0,895173267	14

optimal_loci_205145_G	1360	3,558513	0	2001	44,55	2	1,249140088	0,344	0,895225985	14
optimal_loci_205761_G	1007	3,462435	4,97	2001	43,89	4	14,03620547	0,344	0,895944601	12
optimal_loci_205166_G	1006	3,525275	6,46	1576	38,56	4	14,03620547	0	0,895995469	12
optimal_loci_205775_G	3729	3,525275	9,81	8997	58,86	4	13,66318173	0,584	0,896280683	12
optimal_loci_205795_G	1874	3,462648	0	3207	52,13	3	231,1515294	0,447	0,897391273	13
optimal_loci_205826_G	1330	4,054678	27,74	1001	30,67	4	64,52104508	0,159	0,899107212	12
optimal_loci_205827_G	1939	4,054678	16,04	2001	45,84	2	42,6972966	0,416	0,899186956	12
optimal_loci_205831_G	1537	4,054678	0	1394	53,8	2	42,6972966	0,465	0,899284745	12
optimal_loci_205867_G	2237	4,285543	10,68	9773	41,17	2	7,824223977	0,254	0,901082977	8
optimal_loci_205869_G	1731	4,285543	0	7263	60,25	2	7,824223977	0,614	0,90111073	8
optimal_loci_205813_G	1744	4,293883	0	2734	37,09	2	7,824223977	0,123	0,901152286	8
optimal_loci_205987_G	2932	3,411791	0	1847	57,7	3	9,664670144	0,53	0,904551626	6
optimal_loci_205998_G	1653	6,134124	0	6011	43,19	2	4,917973405	0,261	0,906126951	6
optimal_loci_206017_G	1221	6,287112	31,12	1013	36,11	4	2,690070125	0,096	0,908121681	10
optimal_loci_206062_G	2087	5,513891	1,12	2529	48,49	3	5,364206168	0,349	0,910045041	12
optimal_loci_206072_G	1128	5,184591	0	2164	51,5	3	30,7568263	0,399	0,910618192	12
optimal_loci_206075_G	2036	4,620298	0	2001	46,95	4	23,01092851	0,247	0,91009841	12
optimal_loci_206111_G	2233	6,94875	0	1001	36,67	3	10,76691185	0,139	0,912335705	11
optimal_loci_206112_G	1081	6,94875	0	2099	46,8	3	10,76691185	0,261	0,912399676	11
optimal_loci_206113_G	1788	6,94875	10,07	4743	37,13	3	10,76691185	0,098	0,912424006	11
optimal_loci_206117_G	1113	6,94875	11,68	3611	42,58	4	13,75201614	0,284	0,912490527	11
optimal_loci_206130_G	1761	7,537268	0	1782	49,68	1	3,884076875	0,598	0,913121614	11
optimal_loci_206146_G	1161	6,78703	4,31	4018	45,04	2	8,383856579	0,425	0,91422556	14
optimal_loci_206150_G	1192	6,342049	3,02	2562	53,43	2	8,383856579	0,61	0,914379527	14
optimal_loci_206222_G	1830	4,103012	24,04	3114	47,15	3	2,314429755	0,457	0,917617898	8
optimal_loci_206231_G	1904	4,014605	0	1531	46,95	1	6,085419372	0,286	0,918259493	8
optimal_loci_206243_G	1480	4,014605	25,41	10486	50,33	1	6,085419372	0,487	0,918341896	8
optimal_loci_206245_G	1915	4,014605	35,3	12629	38,17	1	6,085419372	0,126	0,918361616	8
optimal_loci_206277_G	1112	3,952644	20,32	8195	38,84	2	20,52669003	0,365	0,919815089	6
optimal_loci_206337_G	1337	2,625117	5,68	1001	58,71	1	5,194680637	0,767	0,922653893	9
optimal_loci_206366_G	1667	3,453412	5,22	2871	43,79	5	22,2235948	0,287	0,92495249	5
optimal_loci_206371_G	1122	3,453412	5,07	2063	55,25	5	14,60265071	0,475	0,92502928	5
optimal_loci_206376_G	1290	3,453412	0	3260	47,51	3	21,28393624	0,325	0,925131209	5
optimal_loci_206383_G	1444	3,474885	11,29	2278	36,63	1	0,64912643	0,277	0,925317911	5
optimal_loci_206477_G	1779	4,468436	0	3605	47,55	6	8,70728771	0,489	0,930192197	9

optimal_loci_206488_G	1541	5,265215	0	4671	52,17	2	23,8962544	0,49	0,931388273	9
optimal_loci_206511_G	1531	5,265215	19,79	5684	41,34	2	11,83338132	0,356	0,932108858	9
optimal_loci_206512_G	1337	5,265215	0	4203	38,51	1	5,921318351	0,222	0,932124271	9
optimal_loci_206522_G	1447	5,166015	0	2412	41,18	3	31,61388228	0,302	0,933084622	12
optimal_loci_206564_G	1062	4,816518	25,99	1457	44,35	5	9,296374676	0,38	0,934346151	17
optimal_loci_206567_G	1133	4,816518	6	2680	52,16	5	17,85295235	0,466	0,934530604	17
optimal_loci_206570_G	2134	4,816518	0	3314	48,59	5	17,85295235	0,367	0,934630914	17
optimal_loci_206572_G	1297	4,816518	0	3416	51,34	4	21,27488003	0,336	0,934656606	17
optimal_loci_206608_G	1712	5,452764	2,16	6194	43,04	1	14,62278127	0,254	0,93717718	17
optimal_loci_206616_G	1862	5,624144	535	2001	46,24	1	1,147670134	0,274	0,937400971	19
optimal_loci_206621_G	2930	5,624144	11,98	5688	43,34	1	1,147670134	0,288	0,937524351	19
optimal_loci_206636_G	2033	6,995374	18,1	14141	45,49	4	0,019756421	0,324	0,938227341	18
optimal_loci_206640_G	1297	7,132876	7,09	7439	46,26	3	0,026341895	0,264	0,938295785	18
optimal_loci_206641_G	2530	7,132876	37,35	4797	38,77	3	0,026341895	0,082	0,938308751	18
optimal_loci_206653_G	1167	7368363	0	2134	45,67	4	13,64476912	0,25	0,938606829	18
optimal_loci_206654_G	2374	7,323095	21,27	2001	34,83	3	18,1666836	0,06	0,938702308	18
optimal_loci_206673_G	2091	6510909	5,83	2148	33,33	4	0,158454659	0,128	0,939478049	16
optimal_loci_206682_G	1055	6510909	0	1001	32,98	1	6,529605762	0,083	0,940007979	16
optimal_loci_206705_G	1413	8,713109	0	16692	36,58	2	14,60505443	0,188	0,941076627	16
optimal_loci_206713_G	1072	8,586637	0	2232	56,43	3	12,20210996	0,353	0,941667234	17
optimal_loci_236718_G	1837	8349983	4,08	2001	54,76	2	3,929952964	0,518	0,941843507	16
optimal_loci_206719_G	1747	8,349983	0	3871	54,49	2	3,929952964	0,525	0,941860714	16
optimal_loci_236771_G	1602	8,088671	0	4990	57,17	4	1,171050277	0,735	0,943481745	13
optimal_loci_206774_G	1410	8,016082	3,55	3949	36,87	2	2,354100555	0,387	0,943629141	13
optimal_loci_206852_G	1436	6,950288	0	4253	36,83	2	12,36513864	0,239	0,946274052	13
optimal_loci_206867_G	1236	5,064047	14,64	17847	44,41	1	5,106629622	0,22	0,947297205	10
optimal_loci_206875_G	1595	5,372976	13,29	5455	45,14	2	28,11815731	0,359	0,947407932	10
optimal_loci_206876_G	1256	5,372976	10,59	3701	50	3	19,27733664	0,425	0,947427192	10
optimal_loci_206891_G	1193	5,523011	4,95	8878	61,44	5	7,658588491	0,524	0,947982988	10
optimal_loci_206931_G	1130	5,47426	18,14	2034	37,87	4	14,75137598	0,115	0,949223372	10
optimal_loci_206934_G	1571	5,538371	8,85	4263	40,29	4	14,75137598	0,235	0,949316495	12
optimal_loci_206994_G	1130	3,5065	0	1001	57,61	1	5,252675917	0,531	0,950766029	13
optimal_loci_207048_G	1010	5,92464	0	2014	50,39	2	7,500590404	0,679	0,95321147	13
optimal_loci_207949_G	1127	5,982208	0	3057	47,29	1	15,00118081	0,395	0,953221068	13
optimal_loci_207052_G	1310	7,420276	0	2532	53,2	2	17,52092248	0,702	0,953906639	12

optimal_loci_207053_G	1438	7,420276	1,95	1001	49,09	2	17,52092248	0,287	0,953919549	12
optimal_loci_207074_G	1316	7,659254	25,68	6110	46,35	3	9,351224941	0,445	0,955354756	11
optimal_loci_207078_G	3935	7,332317	3,51	2001	53,11	3	60,0210457	0,412	0,955612355	10
optimal_loci_207084_G	1160	7,296204	9,83	3527	39,65	2	84,20122369	0,221	0,955735697	11
optimal_loci_207085_G	2020	7,296204	0	4720	48,36	2	84,20122369	0,361	0,955746675	11
optimal_loci_207123_G	1153	5,899516	0	1001	43,45	6	45,19522634	0,252	0,957639126	16
optimal_loci_207127_G	1115	5,899516	3,23	4428	58,47	7	44,12583174	0,573	0,957679375	16
optimal_loci_207201_G	4298	5,318964	30,57	1001	44,27	4	43,60356957	0,355	0,960277844	10
optimal_loci_207208_G	1218	4,665826	0	7698	35,38	3	1,79996244	0,073	0,960512217	9
optimal_loci_207234_G	1933	5,28357	38,59	2359	39,83	2	18,64613657	0,187	0,961798923	12
optimal_loci_207244_G	1016	5,28357	0	4291	4566	4	12,20192703	0,363	0,961987894	12
optimal_loci_207249_G	1219	5,28357	22,31	1001	43,72	4	12,20192703	0,311	0,9620163	12
optimal_loci_207251_G	1350	5,28357	20,81	1001	49,33	3	7,911238049	0,542	0,962104767	12
optimal_loci_207280_G	1421	3923801	14,14	2001	33,99	6	3,387717199	0,107	0,964955967	15
optimal_loci_207281_G	1668	3,923801	3,18	2001	43,4	7	2,188285493	0,271	0,965133684	14
optimal_loci_207289_G	1777	3,959995	10,75	3335	35	6	9,441252323	0,138	0,965334314	14
optimal_loci_207293_G	1692	4,418718	0	1001	52,36	7	8,89220457	0,517	0,965446163	14
optimal_loci_207324_G	1397	4,045853	0	4250	52,18	2	15,1841454	0,429	0,966884186	10
optimal_loci_207333_G	2066	3,894344	5,32	2001	43,07	2	35,1955547	0,305	0,967489571	10
optimal_loci_207335_G	1765	3,894344	2,78	4788	45,66	2	35,1955547	0,464	0,967515217	10
optimal_loci_207338_G	1611	3,546894	1,74	12652	42,08	2	35,1955547	0,175	0,967587581	11
optimal_loci_207364_G	1642	4,585713	25,03	3369	46,77	7	6,03702924	0,293	0,969132686	13
optimal_loci_207365_G	2368	5,918711	2,87	3183	56,75	6	7,04320078	0,693	0,969153253	13
optimal_loci_207414_G	1311	4,773658	12,74	2360	50,87	1	38,19217464	0,279	0,972170363	9
optimal_loci_207448_G	1587	5,236097	0	2512	34,71	2	0,619326454	0,117	0,972724522	8
optimal_loci_207455_G	1268	5,236097	21,21	12398	52,91	2	0,619326454	0,443	0,972859164	8
optimal_loci_207499_G	1238	4,557163	3,8	4462	49,83	5	10,88352323	0,288	0,974222384	7
optimal_loci_207501_G	1093	4,557163	12,63	2910	47,48	5	10,88352323	0,505	0,974238	7
optimal_loci_207532_G	1628	4,874136	20,76	5249	41,76	1	6,630113628	0,248	0,975643365	9
optimal_loci_207595_G	2167	2,485756	0	3384	50,39	4	4,229528534	0,345	0,978333954	6
optimal_loci_207613_G	1602	2,520048	0	1001	62,92	2	5,678992584	0,618	0,979341133	4
optimal_loci_207615_G	1049	4,633571	0	2012	41,65	3	72,76778525	0,277	0,979672798	4
optimal_loci_207772_G	1414	14,808028	0	1772	43,21	5	20,37849283	0,271	0,988382085	2
optimal_loci_207807_G	2374	62,423938	22,37	5993	35,97	1	18,46352135	0,142	0,990539321	2
optimal_loci_208014_G	2421	1,246241	21,93	16310	33,66	2	2,725665049	0,189	0,993128488	4

optimal_loci_208070_G	1222	1,246241	2,62	16298	38,95	1	14,14031958	0,157	0,986285464	4
optimal_loci_208171_G	1921	1,246241	10,15	17614	41,48	1	14,14031958	0,217	0,986244839	4
optimal_loci_208074_G	1107	1,246241	0	18069	43,08	1	0,077914133	0,246	0,986203528	4
optimal_loci_208210_G	1421	0,504941	0	1552	47,85	4	6,249223552	0,657	0,969082379	1
optimal_loci_208312_G	1100	3,725884	0	6757	42,54	3	2,825117102	0,348	0,958351472	2
optimal_loci_208314_G	1013	3,725884	0	19049	38,3	1	0,011877076	0,351	0,958105403	2
optimal_loci_208398_G	1037	2,129966	0	5054	42,91	1	16,5882398	0,131	0,945235766	1
optimal_loci_208514_G	2104	2,343371	9,41	15029	34,88	1	1,484414573	0,121	0,922287661	5
optimal_loci_208518_G	1786	2343371	22,68	1283	40,2	1	1,484414573	0,252	0,921856573	5
optimal_loci_208578_G	1683	3,040093	29,28	10651	34,46	1	0,874183818	0,089	0,913403609	5
optimal_loci_208582_G	1623	3,044395	0	1855	47,87	1	0,874183818	0,203	0,913066331	5
optimal_loci_208583_G	1082	3,044395	0	3511	50,73	1	0,874183818	0,626	0,913043851	5
optimal_loci_208855_G	2878	3,393745	5,39	16017	48,78	1	0,374992495	0,426	0,867993448	2
optimal_loci_208867_G	2042	3,393745	0	3659	34,32	1	3,068347935	0,183	0,866644194	2
optimal_loci_208978_G	1497	3,13603	2,34	12549	36,47	3	27,72616774	0,156	0,855356794	1
optimal_loci_209238_G	1038	0040301	20,71	3590	39,59	1	0,339869373	0,39	0,815636613	3
optimal_loci_209241_G	1279	0,279427	0	2001	37,13	1	0,339869373	0	0,815406875	3
optimal_loci_209266_G	1478	0,396573	35,05	2001	42,21	2	13,94913604	0,146	0,808353206	3
optimal_loci_209699_G	1108	0,396698	31,86	2001	40,43	2	3,777450835	0,112	0,735856835	3
optimal_loci_209704_G	1599	0,396698	13,57	17754	43,9	2	3,777450835	0,23	0,735529335	3
optimal_loci_209732_G	1175	0,396698	0	17201	48,08	2	0,999594445	0,323	0,734046976	3
optimal_loci_209926_G	1017	0,40779	0	14767	38,24	1	3,029378108	0,227	0,721462218	4
optimal_loci_209963_G	1489	0,404914	24,18	5345	37,27	6	0,481164768	0,027	0,717987923	5
optimal_loci_209973_G	1103	0,404914	0	2555	38,25	3	0,151233854	0,112	0,717193407	5
optimal_loci_209993_G	1848	0,407242	5,9	11336	35,49	1	0,287539009	0,273	0,715674093	5
optimal_loci_210085_G	1840	0,398554	0	15873	36,41	1	0,753066471	0,105	0,71099125	6
optimal_loci_210189_G	1077	0,410267	0	8929	35,74	1	2,021437371	0,245	0,703826673	3
optimal_loci_210220_G	1250	0,397906	34,72	2763	37,68	4	3,954756317	0,329	0,702342702	3
optimal_loci_210421_G	1139	0,412384	19,4	1164	37,48	3	0,019226093	0,182	0,687698609	1
optimal_loci_210577_G	1274	0,392655	19,86	11050	31,55	1	0,083644958	0,134	0,671771935	1
optimal_loci_210852_G	1108	0,408346	0	18012	37,81	1	21,87342803	0,268	0,637542097	1
optimal_loci_211377_G	1680	0,189008	22,2	13233	35,47	1	14,28249772	0,254	0,553805645	1
optimal_loci_211704_G	1620	1,161246	25,31	2001	35,55	3	8,721140317	0,1	0,509782903	1
optimal_loci_211853_G	1108	0,339481	3,7	6363	37,18	1	0,677061103	0,197	0,490269315	1
optimal_loci_212402_G	1158	0,033994	5,87	2122	37,56	1	52,81214516	0	0,41499621	1

optimal_loci_212590_G	1719	0,337883	19,02	13790	34,32	1	0,104340552	0,152	0,393286935	2
optimal_loci_212593_G	1137	0,337883	12,05	9668	37,29	1	0,104340552	0,073	0,393203831	2
optimal_loci_212844_G	1138	0,091092	0	7059	43,58	3	48,05068035	0,237	0,366308	2
optimal_loci_212845_G	1145	0,091092	0	8281	52,31	3	48,05068035	0,73	0,36628311	2
optimal_loci_213435_G	1181	0,896227	31,24	2001	40,89	1	2,359933929	0,199	0,302259778	1
optimal_loci_213788_G	1202	0,010948	8,4	17969	46,83	1	2,940756569	0,435	0,262009758	2
optimal_loci_213849_G	1370	0,023637	0	1001	47,88	1	3,922831122	0,354	0,255020867	2
optimal_loci_214039_G	1044	0,464584	23,56	1001	42,24	2	18,67324611	0,228	0,22847252	2
optimal_loci_214065_G	1945	0,342918	37,79	15291	38,97	1	47,14990045	0,124	0,225985827	2
optimal_loci_214256_G	1005	0,582877	6,57	12701	42,98	2	6,691961392	0,136	0,200640282	1
optimal_loci_217402_G	1240	0,165641	24,03	1001	41,53	1	6534667875	0,196	0,115480812	2
optimal_loci_217438_G	1001	0,230197	0	11240	35,46	1	23,31437264	0,21	0,117156122	2
optimal_loci_217622_G	1421	0,243024	8,8	1516	46,16	1	4,613967965	0,363	0,128117289	2
optimal_loci_217658_G	2037	0,245255	23,66	5043	38,14	2	19,49993507	0,05	0,130040203	4
optimal_loci_217718_G	1077	0,499971	0	4432	52,64	1	10,46210256	0,581	0,133640021	4
optimal_loci_217719_G	1349	0,499971	0	5542	54,18	1	10,46210256	0,41	0,133649335	4
optimal_laci_217732_G	1638	0,57077	30,46	3771	34,18	1	1,194959827	0,134	0,134534626	4
optimal_loci_217787_G	1798	0,563638	22,58	15629	35,76	1	19,04097008	0,052	0,138076974	2
optimal_loci_217939_G	1031	0,341231	7,57	7564	40,05	1	0,035114173	0,112	0,144558603	1
optimal_loci_219497_G	2380	0,06231	14,33	2007	36,47	1	11,26349084	0,206	0,222203698	1
optimal_loci_219916_G	1090	0,163653	0	3922	38,07	2	0,111810599	0,115	0,245166483	1
optimal_loci_220195_G	1212	0,247533	0	2582	47,52	3	9,315895334	0,262	0,260031435	1
optimal_loci_220274_G	1641	0,025395	10,12	1172	38,39	3	38,09412791	0,143	0,265953044	1
optimal_loci_220411_G	1303	0,585211	21,26	3982	44,51	2	1,142359979	0,405	0,27488328	2
optimal_loci_220414_G	2008	0,585211	3,78	1349	46,86	3	0,852538802	0,517	0,274951147	2
optimal_loci_220737_G	1193	1,039195	0	1269	41,24	1	8,919995903	0,216	0,288438411	2
optimal_loci_220783_G	1083	0,612956	5,63	5757	42,47	2	2,62129855	0,263	0,290869404	2
optimal_loci_220850_G	1117	0,060649	0	10713	51,02	1	0,732662645	0,262	0,295309638	3
optimal_loci_220931_G	1120	0,564696	22,77	2379	38,48	3	3,483902892	0,348	0,298761379	3
optimal_loci_220933_G	1080	0,564696	25,93	1855	38,42	2	5,225854339	0,133	0,298808377	3
optimal_loci_221034_G	1743	1,863065	1,66	5876	43,02	2	1,00222894	0,22	0,306831479	2
optimal_loci_221040_G	1135	1,266289	8,11	9398	41,93	3	12,6863103	0,228	0,307237817	2
optimal_loci_221139_G	1014	0,17171	32,25	1001	32,44	2	16,3959169	0,126	0,316175318	2
optimal_loci_221239_G	1226	0,55195	0	2001	32,78	2	1,53724278	0,221	0,319551045	2
optimal_loci_221602_G	1623	0,189132	37,89	2461	42,02	3	7,268081753	0,533	0,340129843	1

optimal_loci_221720_G	1398	0,623812	0	3300	49,07	3	3,362565074	0,481	0,3466154	4
optimal_loci_221721_G	2626	0,623812	7,39	4731	54,11	3	3,362565074	0,579	0,346627407	4
optimal_loci_221773_G	1167	0,40367	31,45	13073	58,86	2	3,788454293	0,556	0,349207551	4
optimal_loci_221776_G	1146	0,40367	37,96	9183	40,4	3	3,291305855	0,105	0,349240369	4
optimal_loci_222089_G	1326	1359128	0	1001	48,03	1	38,1923557	0,4	0,365717328	1
optimal_loci_222396_G	2317	0,793049	7,68	2204	52,09	4	1,708898911	0,533	0,380232843	5
optimal_loci_222397_G	1018	0,793049	3,05	1001	59,03	4	1,708898911	0,411	0,380253837	5
optimal_loci_222415_G	1230	0,199064	0	3860	44,06	1	4,142484042	0,215	0,380736172	5
optimal_loci_222471_G	1217	0,199069	0	9875	4433	1	0,170784409	0,566	0,38348235	6
optimal_loci_222483_G	1009	0,199069	0	18028	3185	1	0,170784409	0	0,383741206	6
optimal_loci_222501_G	1060	2,22655	0	1001	38,86	2	3,213980605	0,332	0,3854722	4
optimal_loci_222591_G	1170	2,437794	3,59	2015	40	1	0,052121769	0,132	0,38925037	3
optimal_loci_222629_G	2413	3,015037	0	2041	48,52	2	24,8860771	0,295	0,390725872	2
optimal_loci_222830_G	1560	2,447469	2,88	3852	44,1	1	0,478935295	0,284	0401760755	4
optimal_loci_222843_G	1107	2,539517	32,79	5933	38,39	2	8,977031659	0,326	0,402112391	4
optimal_loci_222870_G	1062	2,331461	0	7076	30,13	3	1,793372641	0,068	0403624965	4
optimal_loci_222883_G	1297	2,241648	0	11208	35,85	1	0,042099993	0,192	0403892321	4
optimal_loci_223677_G	1011	1,026516	0	10047	36,39	2	7,992431294	0,064	0,438366424	6
optimal_loci_223692_G	1237	0,998958	0	2001	50,92	5	31,82278556	0,363	0,438902546	6
optimal_loci_223707_G	1971	0,932079	14,16	15802	34,44	1	0,278095495	0,055	0439470647	6
optimal_loci_223716_G	2041	0,932079	4,95	1001	40,96	3	15,13791224	0,206	0,439834853	6
optimal_loci_223728_G	1040	1,144191	0	1864	48,26	1	1,530100277	0,244	0,440222864	6
optimal_loci_223784_G	1103	1,626206	241	5403	38,89	2	0,042870839	0,07	0,442099006	6
optimal_loci_223945_G	1270	1,394901	19,06	2001	36,37	2	15,5846507	0,142	0,447682598	2
optimal_loci_223994_G	1731	0,871632	25,36	9152	38,82	1	0,065226309	0,271	0,45015902	3
optimal_loci_224042_G	1023	1,326048	0	1311	42,03	2	21,38644426	0,096	0,4519764	2
optimal_loci_224166_G	1031	0,927513	13,77	5485	36,17	2	1,677001344	0,106	0456878746	5
optimal_loci_224169_G	1350	0,932465	2,59	3457	45,55	2	1,677001344	0,38	0456893087	5
optimal_loci_224176_G	1021	1,15421	31,54	9269	38,88	1	3,354002688	0,168	0457027763	5
optimal_loci_224181_G	1560	1,168496	33,01	14904	34,48	1	3,354002688	0,139	0,457075047	6
optimal_loci_224216_G	1173	4,473598	5,37	17515	34,27	1	60,73644691	0,15	0459647069	11
optimal_loci_224238_G	1238	4,732286	0	3344	44,91	4	9,377925119	0,278	0,461264019	10
optimal_loci_224253_G	1211	4,21703	3,14	3741	39,8	3	13,01876193	0,087	0,4621369	10
optimal_loci_224259_G	1309	4,21703	29,72	2869	37,05	2	19,5281429	0,3	0,46226201	10
optimal_loci_224263_G	1191	3,965408	34,68	2640	34,84	2	19,5281429	0,124	0462360211	10

optimal_loci_224264_G	1331	3,965408	0	4209	36,58	2	19,5281429	0,14	0462373377	10
optimal_loci_224270_G	1193	3,847372	0	3081	38,8	3	0,400305143	0,145	0,462595723	10
optimal_loci_224334_G	1974	3,637827	5,83	2983	40,47	1	1,114692374	0,221	0,464331424	9
optimal_loci_224336_G	1358	3,637827	24,96	1519	56,03	2	1,089249405	0,62	0,464397965	9
optimal_loci_224379_G	1274	3,272518	29,83	4231	40,18	2	0,81635061	0,189	0,465568225	8
optimal_loci_224473_G	1115	0,72318	14,44	2001	49,41	3	13,68049469	0,585	0,470407706	1
optimal_loci_224611_G	1630	0,777106	19,57	1015	47,36	2	1,184706545	0,342	0,47610154	2
optimal_loci_224681_G	1419	1,31141	35,73	2645	40,81	2	2,960152555	0,19	0,479196401	4
optimal_loci_224717_G	1045	1,318395	6,03	3015	37,79	1	6,926553831	0,135	0,480837349	3
optimal_loci_224749_G	1154	1,308149	0	2001	36,65	3	26,80211644	0,21	0,481545815	4
optimal_loci_224816_G	2238	2,379335	15,91	14801	44,81	1	38,75062279	0,529	0,485548791	9
optimal_loci_224846_G	1539	3,039266	0	1001	47,3	3	25,95383146	0,369	0,487205271	8
optimal_loci_224850_G	1237	3,039266	4,37	1132	34,03	3	25,95383146	0,182	0,487280086	8
optimal_loci_224853_G	1022	3,039266	0	4354	41,58	3	25,95383146	0,1	0,487360422	8
optimal_loci_224876_G	1426	2,223714	0	2001	36,53	1	0,408994506	0,159	0,487668022	8
optimal_loci_224881_G	1304	2,381483	29,75	19213	46,7	1	0,408994506	0,245	0,487889462	8
optimal_loci_224895_G	1214	2,54482	6,59	1828	37,8	2	0,549581439	0,389	0,489276153	8
optimal_loci_224918_G	1495	3,091131	0	6439	38,92	2	1,281886243	0,053	0,489490696	8
optimal_loci_225058_G	1511	2,102993	0	2382	55,32	1	0,313186665	0,559	0,4947938	5
optimal_loci_225066_G	1127	2,102993	0	3254	57,94	2	0,156593333	0,869	0,494950906	5
optimal_loci_225100_G	1849	2,758545	0	3078	38,34	4	0,84799914	0,149	0,495628921	6
optimal_loci_225104_G	3860	2,758545	0	2113	32,22	5	0,678399312	0,128	0,495721265	6
optimal_loci_225125_G	1518	2,631829	2,9	19014	54,01	1	0,86977578	0,491	0,497163362	6
optimal_loci_225224_G	1499	2,77795	3,87	2001	42,09	1	16,78556829	0,255	0,499542683	6
optimal_loci_225290_G	1149	0,463586	0	4431	48,38	2	43,10249518	0,556	0,502508161	5
optimal_loci_225308_G	1685	0,418	336	7183	41,06	1	21,66047869	0,243	0,503449555	6
optimal_loci_225345_G	1276	0,065843	0	12319	30,32	2	9,341599656	0,117	0,505734669	5
optimal_loci_225348_G	1465	0,065843	36,18	9059	35,35	2	9,341599656	0,099	0,505760438	5
optimal_loci_225369_G	2319	0,065843	0	1419	42,6	2	55,80844435	0,329	0,506742932	6
optimal_loci_225454_G	1232	0,065843	0	5716	50,32	4	5,02915573	0,426	0,510180064	5
optimal_loci_225457_G	1050	0,065843	0	1048	41,04	2	9,961242481	0,234	0,510319775	5
optimal_loci_225516_G	1208	0,065843	25,66	3870	36,83	1	33,20247008	0,074	0,513341801	4
optimal_loci_225529_G	2022	0,065843	12,56	15612	43,71	1	33,20247008	0,351	0,513525859	4
optimal_loci_225804_G	2290	2,884721	9	9128	56,06	1	2,10365983	0,655	0,525286712	5
optimal_loci_225889_G	1088	1,643552	3,12	11368	51,28	1	40,86840993	0,408	0,528162515	5

optimal_loci_225892_G	1725	1,643552	20,81	1001	48,17	2	20,43420496	0,514	052824416	5
optimal_loci_225895_G	1001	1643552	0	1684	54,54	2	20,43420496	0,738	0,52833334	5
optimal_loci_225909_G	1591	1469469	3,02	2837	40,85	2	10,87661727	0,223	0,52900382	5
optimal_loci_226024_G	1427	0,481531	9,53	1001	37,28	2	48,07012207	0,08	0,535170608	2
optimal_loci_226052_G	1191	0,487305	35,18	1001	31,65	2	1,135094886	0,203	0,537731621	2
optimal_loci_226144_G	1062	1,629687	0	3288	55,27	4	5,381872599	0,736	0,544886868	2
optimal_loci_226145_G	1207	1,625596	0	2001	43,91	4	5,381872599	0,24	0,544896451	2
optimal_loci_226257_G	1237	1,509473	21,42	2001	27,32	3	5,459149182	0	0,550115594	2
optimal_loci_226319_G	1033	0,892405	24,2	16742	44,53	1	15,96118505	0,319	0,553147362	2
optimal_loci_226475_G	1071	1,836965	0	17786	58,54	1	0,597565137	0,714	0,560291777	3
optimal_loci_226509_G	1005	1,733428	0	2901	41,29	3	67,36271486	0,123	0,562903857	8
optimal_loci_226520_G	1304	1,806919	11,04	3909	42,02	1	199,9246891	0,383	0,563119189	11
optimal_loci_226563_G	2238	2,719079	13,76	1924	38,78	1	1,792421626	0,172	0,565343778	10
optimal_loci_226569_G	1487	3,101578	1,88	18923	37,72	1	15,70056926	0,063	0,565826038	10
optimal_loci_226575_G	1155	3,101578	1181	11081	37,57	1	15,70056926	0,269	0,565894627	10
optimal_loci_226579_G	1271	3,101578	0	3167	40,83	1	15,70056926	0,102	0,56596_G	10
optimal_loci_226602_G	2620	3,529489	7,67	17665	41,94	1	4,269577181	0,097	0,567028705	11
optimal_loci_226609_G	1041	3,651855	0	8622	56,19	1	4,269577181	0,731	0,567117834	10
optimal_loci_226613_G	1948	1572234	19,1	3156	36,24	1	4,269577181	0,075	0,567258569	11
optimal_loci_226614_G	1883	4,490662	29,26	5736	37,01	1	4,269577181	0,155	0,567280218	11
optimal_loci_226704_G	1062	3,392396	0	2634	51,31	1	5,95051182	0,349	0,570550184	6
optimal_loci_226711_G	1158	3,048752	0	4279	35,23	3	1,858679538	0,192	0,571435651	5
optimal_loci_226783_G	2643	1,765624	13,55	1001	37,3	1	19,78335344	0,168	0,57481001	3
optimal_loci_226313_G	2208	0,694809	10,6	9171	35,41	2	1,050887824	0,035	0,576319965	3
optimal_loci_226942_G	1163	0,822236	0	3119	40,24	1	8,044248866	0,232	0,58031116	2
optimal_loci_227153_G	1012	2,226716	27,47	6339	37,15	2	12,24805498	0,018	0,593030742	2
optimal_loci_227223_G	1496	2,740766	29,55	1337	33,02	2	77,11792106	0	0,596334523	3
optimal_loci_227301_G	1111	2,158002	18,9	4028	38,34	4	0,011280381	0,136	0,598498328	3
optimal_loci_227419_G	1054	0,398056	4,36	19973	36,05	1	9,514291578	0,115	0,60245741	3
optimal_loci_227473_G	1053	0,181115	8,64	6357	39,6	2	1,074489447	0,321	0,604824077	2
optimal_loci_227571_G	1043	0,602245	0	12351	36,33	2	4,699313171	0,131	0,609169256	4
optimal_loci_227588_G	1290	0,712866	33,41	15762	35,96	1	8,752694782	0,155	0,609586276	4
optimal_loci_227594_G	1051	0,712866	0	7580	45,09	1	8,752694782	0,146	0,609804662	4
optimal_loci_227627_G	1134	0,882624	0	5799	48,67	3	6,994373518	0,511	0,612316905	6
optimal_loci_227691_G	1137	0,776751	28,76	1001	34,3	2	0,05494062	0,179	0,616161717	4

optimal_loci_227700_G	1996	0,779498	2	18483	37,47	1	0,109881241	0,079	0,616360384	4
optimal_loci_227752_G	1010	0,593751	0	15726	31,68	1	432,8125754	0,225	0,619211107	3
optimal_loci_227900_G	1080	0,527461	8,15	15819	33,79	1	0,404449755	0,133	0,624903732	2
optimal_loci_227958_G	1025	0,554315	0	14939	49,26	1	12,61842458	0,511	0,626726474	3
optimal_loci_228034_G	1138	0,760966	20,04	5461	40,15	1	52,43145173	0,221	0,629484265	3
optimal_loci_228076_G	1065	0,728978	31,83	2001	33,8	2	34,28643058	0,127	0,631378355	2
optimal_loci_228254_G	1195	0,039055	4,6	3600	42,59	1	2,650962291	0,227	0,638439623	2
optimal_loci_228255_G	1070	0,039055	0	2486	41,21	1	2,650962291	0,302	0,63845002	2
optimal_loci_228199_G	1513	2,950468	9,25	1158	38,99	3	1,423393575	0	0,652523291	3
optimal_loci_228586_G	1080	2,582728	0	2568	47,96	2	45,65914798	0,342	0,654988385	4
optimal_loci_228587_G	1547	2,582728	12,73	1001	40,33	2	45,65914798	0,092	0,655002264	4
optimal_loci_228690_G	1186	1,24223	10,54	7738	38,95	1	75,33181312	0,085	0,65913254	6
optimal_loci_228716_G	1299	0,84199	37,88	4409	31,48	1	9,854864108	0,078	0,659811612	5
optimal_loci_228729_G	1167	1,07079	28,36	1108	35,64	2	1,278854241	0,06	0,66065019	5
optimal_loci_228739_G	1378	1,07079	0	1001	37,73	3	3,749661167	0,045	0,66115034	5
optimal_loci_228793_G	1082	1,645138	6,38	13827	37,98	1	16,74057427	0,197	0,663742206	9
optimal_loci_228883_G	1367	2,027838	3,73	2551	42,86	2	4,217154942	0,366	0,666799525	16
optimal_loci_228889_G	1000	2,020849	0	2568	45,4	3	2,914541775	0,337	0,666901057	16
optimal_loci_228893_G	1952	2,023413	0	6644	46,46	3	2,914541715	0,233	0,666935259	17
optimal_loci_228897_G	1137	2,023413	0	7306	36,49	2	3,345449019	0,087	0,666969847	17
optimal_loci_228913_G	2437	2,023413	2,5	7470	38,28	2	1,790991969	0,158	0,66736687	17
optimal_loci_228961_G	1121	2,425929	0	19475	33,8	1	39,40919219	0	0,669332344	20
optimal_loci_228962_G	1062	2,425929	16,85	18268	43,69	1	39,40919279	0,104	0,669342967	20
optimal_loci_228981_G	1505	2,425929	26,38	18161	33,08	1	2,702967553	0,178	0,669788314	20
optimal_loci_228992_G	2761	2,185987	0	8704	45,63	1	155,1021409	0,048	0,670180295	22
optimal_loci_228993_G	1031	2,185987	0	3719	37,92	1	155,1021409	0,122	0,670236641	22
optimal_loci_229002_G	1409	2,160047	0	5086	40,95	2	81,01536318	0,244	0,670327969	22
optimal_loci_229012_G	1068	2,160047	15,26	2552	35,11	1	6,928585514	0,113	0,670488977	22
optimal_loci_229013_G	2205	2,160047	20	4479	48,16	1	6,928585514	0,489	0,670505146	22
optimal_loci_229019_G	1381	2,10108	25,49	14388	33,59	1	6,928585514	0,088	0,670588293	22
optimal_loci_229023_G	3047	2,150331	2,26	4170	43,09	3	58,35385212	0,364	0,670916745	22
optimal_loci_229038_G	1358	1762754	27,76	1246	30,26	3	58,35385212	0,184	0,671144948	20
optimal_loci_229111_G	1375	1,273318	0	7884	45,96	2	1,545623946	0,573	0,672540039	18
optimal_loci_229113_G	1406	1,273318	36,13	5798	46,15	2	1,545623946	0,352	0,672557283	18
optimal_loci_229145_G	1039	1,051195	17,23	11420	39,17	1	9,691507796	0,363	0,673448775	18

optimal_loci_229151_G	1224	1,051195	0	14311	40,44	1	9,691507796	0,117	0,673473033	18
optimal_loci_229168_G	1359	0,994723	21,19	13296	41,35	1	115,6975645	0,265	0,674048686	15
optimal_loci_229171_G	1234	0,905689	24,96	2766	35,08	3	38,73036295	0	0,67424789	15
optimal_loci_229242_G	1059	0,652724	10,95	2308	46,74	2	10,49882704	0,202	0,676221737	9
optimal_loci_229285_G	1523	1,245046	9	8189	39,92	2	1,145179604	0,301	0,678713213	4
optimal_loci_229296_G	1727	1,218557	16,85	1524	34,45	2	67,72734738	0,143	0,679065537	5
optimal_loci_229339_G	1121	1,259452	26,85	2759	37,46	1	17,860981	0,157	0,681418635	7
optimal_loci_229363_G	1258	1,047668	0	7715	38,71	2	10,78928119	0,161	0,683117357	8
optimal_loci_229369_G	1906	0,943044	0	2021	40,13	4	11,50941021	0,15	0,683602385	7
optimal_loci_229373_G	1363	0,929689	0	6311	35,95	4	11,50341021	0,077	0,683638383	7
optimal_loci_229391_G	1916	0,710116	7,15	3624	42,17	1	2,081962305	0,246	0,68380357	9
optimal_loci_229440_G	1047	1,095806	26,74	1845	41,16	2	1,442502956	0,264	0,686026456	13
optimal_loci_229450_G	1096	1,023215	0	2154	55,56	1	0,373698774	0,585	0,686681941	14
optimal_loci_229482_G	1331	1,370142	2,1	8970	45,37	1	3,008291468	0,195	0,687902077	11
optimal_loci_229483_G	1172	1,370142	34,39	7687	39,41	1	3,008291468	0	0,687914177	11
optimal_loci_229491_G	1013	1,370142	21,72	8237	44,42	1	3,008291468	0,542	0,688068774	10
optimal_loci_229512_G	1200	1,734029	8	7779	39,41	2	11,85831026	0,285	0,688676716	10
optimal_loci_229515_G	1017	1,734029	0	7631	63,02	2	11,85831026	0,62	0,688695679	10
optimal_loci_229553_G	1094	1,559027	24,5	1487	40,67	1	0,508118326	0,342	0,689620711	10
optimal_loci_229557_G	2505	1,559027	0	4266	40,43	1	0,508118326	0,133	0,68969785	10
optimal_loci_229575_G	1503	1,674622	0	2363	49,5	2	58,58343226	0,459	0,69029917	9
optimal_loci_229771_G	1099	0,812511	5,28	6402	38,85	1	2,859923358	0,27	0,695972916	3
optimal_loci_229777_G	1062	0,860129	10,36	1001	50	1	2,859923358	0,474	0,69629468	3
optimal_loci_229827_G	1194	0,681072	0	1377	56,44	2	125,6788602	0,555	0,698153276	3
optimal_loci_230092_G	1162	0,421472	21,51	1751	40,96	3	0,513350889	0,266	0,709563903	1
optimal_loci_230331_G	1039	0,68653	18,38	1123	34,45	1	18,29491493	0,017	0,717171387	3
optimal_loci_230335_G	1107	0,68653	0	19766	38,75	1	18,29491493	0,138	0,717327821	3
optimal_loci_230344_G	1070	0,720396	36,26	6342	36,44	3	12,03301577	0,12	0,717672308	4
optimal_loci_230421_G	3109	1,023387	13,28	2928	33,19	2	3,140970811	0,146	0,721565503	3
optimal_loci_230461_G	1407	0,113708	0	5489	38,09	1	15,97610304	0,261	0,725261231	2
optimal_loci_230703_G	1991	0,246444	0	6518	39,52	3	7,777846902	0,125	0,735616857	4
optimal_loci_230743_G	1988	0,418145	30,68	2841	35,81	1	13,21566398	0,231	0,737432885	5
optimal_loci_230771_G	1028	0,907603	0	2171	38,22	3	48,3803729	0,053	0,738963131	8
optimal_loci_230776_G	1208	0,907603	4,06	9120	50,49	3	48,3803729	0,649	0,73902144	8
optimal_loci_230824_G	1082	0,91202	0	19879	47,5	1	2,605877465	0,376	0,740984992	9

optimal_loci_230850_G	1501	0,918692	15,79	8828	40,9	1	12,93132919	0,249	0,741970548	9
optimal_loci_230857_G	1250	0,89118	0	13337	40,16	2	6,511591859	0,316	0,742209509	9
optimal_loci_230858_G	1533	0,874726	0	2001	35,81	2	0,124279328	0,097	0,742302255	9
optimal_loci_230874_G	1220	0,860197	0	6757	52,21	2	3,275931427	0,496	0,743255011	7
optimal_loci_230893_G	3074	0,860197	4,42	13040	30,25	1	0,281511493	0,079	0,743778966	7
optimal_loci_230971_G	1158	0,692081	11,31	17053	33,93	1	36,16922851	0	0,745566011	6
optimal_loci_231101_G	1033	1,012658	0	1197	41,14	3	11,55387866	0,167	0,751697943	1
optimal_loci_231274_G	1467	0,677667	26,58	5013	34,83	1	140,8965533	0,056	0,757577698	3
optimal_loci_231344_G	1327	0,35688	9,04	4951	41,59	1	0,167258405	0,277	0,759732482	3
optimal_loci_231404_G	1016	0,617115	19,09	2886	41,92	2	31,32155154	0,317	0361103205	10
optimal_loci_231458_G	1685	0,988191	0	2001	34,59	1	0,416289397	0,216	0,763955924	9
optimal_loci_231460_G	1315	0,988191	0	4772	39,31	1	0,416289397	0	0,763979176	9
optimal_loci_231461_G	1605	1,234587	11,96	6205	34,14	1	0,416289397	0,208	0,7639912	9
optimal_loci_231467_G	1130	1,234587	4,6	15421	40,88	2	0,208144699	0,328	0,764068532	9
optimal_loci_231468_G	1074	1,234587	0	16584	37,43	3	0,138763132	0,299	0,764078291	9
optimal_loci_231479_G	3673	1,11069	20,56	3250	42,25	1	1,616759449	0,279	0,764741664	9
optimal_loci_231493_G	1106	1,086453	0	19607	41,41	1	1,616759449	0,062	0,764974944	9
optimal_loci_231516_G	1052	1,110087	18,63	6305	29,56	1	1,602142575	0,123	0,765481009	8
optimal_loci_231810_G	2544	0,488714	0	2001	47,2	1	14,74467041	0,268	0,774640874	8
optimal_loci_231814_G	2241	0,486225	0	6134	48,81	1	14,74467041	0,439	0,774675555	8
optimal_loci_231838_G	1145	0,429327	0	14971	44,89	1	9,111969425	0,164	0375505582	8
optimal_loci_231867_G	3470	0,41475	0,92	3153	51,52	2	9,445461191	0,502	0,7766334	10
optimal_loci_231899_G	1170	0,325857	0	2001	44,27	2	6,3151011:	0,538	0,778318226	10
optimal_loci_231904_G	1016	0,311866	27,46	4294	43,3	2	63751011:	0,144	0,778405317	10
optimal_loci_231905_G	1327	0,311866	9,57	5343	37,75	3	14,96918666	0,17	0,778414119	10
optimal_loci_231906_G	1410	0,311866	0	6857	37,73	3	14,96918666	0,173	0,778426823	10
optimal_loci_231928_G	1018	0,243574	0	15847	34,18	2	0,47555532	0,231	0,779756556	7
optimal_loci_231942_G	1365	0,228922	28,57	6483	33,77	2	0,47555532	0,104	0,780011434	7
optimal_loci_232108_G	2124	0,896254	0	4086	56,21	2	3,21734985	0,653	0,788560195	3
optimal_loci_232110_G	1118	0,896254	6,53	2492	45,61	2	3,21734985	0,149	0,788582011	3
optimal_loci_232111_G	1338	0,896254	2,69	1009	46,93	2	3,21734985	0,404	0,188592609	3
optimal_loci_232205_G	1064	0,945317	21,33	5155	32,51	2	8,287255535	0,075	0,794315284	5
optimal_loci_232213_G	1156	1,001518	0	3333	47,66	2	8,287255535	0,37	0,794397004	5
optimal_loci_232219_G	1273	1,038575	30,01	5317	55,69	2	18,63705674	0,528	0,794620374	5
optimal_loci_232222_G	1552	1,038575	6,19	2832	42,07	2	18,63705674	0,191	0,794638885	5

optimal_loci_232228_G	3903	1,038575	0	2038	47,19	2	10,3498012	0,428	0,794798248	5
optimal_loci_232295_G	1269	1,64904	4,26	15992	41,6	1	24,30386711	0,411	0,79927057	6
optimal_loci_232305_G	1104	1,673739	0	5383	49,81	1	24,30386711	0,457	0,79952278	6
optimal_loci_232309_G	1533	1,689151	13,18	16993	60,66	1	24,30386711	0,634	0,7996202	6
optimal_loci_232310_G	1940	1,686067	0	3881	53,04	3	24,51393127	0,44	0,799757201	6
optimal_loci_232311_G	1194	1,687071	2,93	2544	45,05	3	24,51393127	0,342	0,79977468	6
optimal_loci_232349_G	1294	1,697732	21,1	3983	48,68	1	7,65210147	0,364	0,801631757	6
optimal_loci_232479_G	1313	0,653235	19,57	4155	41,05	1	103,771479	0,195	0,806491737	9
optimal_loci_232484_G	3417	0,712642	0	1001	57,71	1	103,771479	0,601	0,806567534	9
optimal_loci_232487_G	1653	0,712642	4,96	5993	30,67	1	103,771479	0,056	0,806609422	9
optimal_loci_232496_G	2020	0,033676	2,52	5654	43,51	3	43,40600436	0,253	0,807331918	9
optimal_loci_232497_G	2215	0,033676	0	3055	57,38	3	43,40600436	0,562	0,80735209	9
optimal_loci_232501_G	2618	1,798423	7,14	2947	45,53	3	43,40600436	0,432	0,807527539	9
optimal_loci_232524_G	1089	1,849275	9,83	2262	60,23	1	9,782199535	0,737	0,808986024	10
optimal_loci_232533_G	1307	1,849275	36,34	11888	40,78	1	38,86005017	0,262	0,809312319	10
optimal_loci_232553_G	1254	1,679326	0	1960	32,45	2	0,644938728	0,162	0,810330995	16
optimal_loci_232648_G	1652	1,886485	0	5009	38,19	1	13,28750756	0,043	0,812643548	13
optimal_loci_232692_G	1356	1,460138	16,22	5173	59,29	1	7,828503886	0,687	0,814081575	11
optimal_loci_232698_G	1266	1,460138	0	1001	53,94	2	3,914251943	0,484	0,814117338	11
optimal_loci_232704_G	1574	1,460138	39,58	5469	46,63	2	3,914251943	0,264	0,814199352	12
optimal_loci_232705_G	1210	1,460138	20,66	7113	46,94	2	3,914251943	0,375	0,814213147	12
optimal_loci_232707_G	1083	1,460138	0	6531	51,33	2	3,914251943	0,45	0,814226766	12
optimal_loci_232717_G	1000	1,460138	0	6779	56,5	2	5,103640951	0,561	0,814366376	12
optimal_loci_232729_G	1183	1,196185	4,48	2080	37,27	5	22,1823947	0,184	0,815734003	13
optimal_loci_232742_G	1044	1,448353	4,6	16143	40,42	1	0,112829814	0,062	0,816068353	13
optimal_loci_232755_G	2316	1,310768	34,24	1001	46,67	1	6,512280237	0,36	0,816513491	13
optimal_loci_232797_G	1129	207316	0	10022	41,89	1	0,602826613	0,326	0,81833958	14
optimal_loci_232831_G	1003	1,988382	0	8851	58,22	3	12,63394502	0,65	0,8196178	11
optimal_loci_232833_G	1671	1,988382	0	5508	37,34	3	12,63394502	0,224	0,819640246	11
optimal_loci_232874_G	1260	2,247733	8,25	2711	49,68	3	6,717555758	0,557	0,821258807	10
optimal_loci_232881_G	1205	2,247733	25,06	3918	46,55	4	24,92175329	0,362	0,821415225	10
optimal_loci_232885_G	1423	2,247733	0	4089	50,8	5	21,56526941	0,483	0,821447338	10
optimal_loci_232894_G	1050	2,247733	12,95	2431	47,8	1	35,29572647	0,294	0,822051948	10
optimal_loci_232941_G	1452	2,787325	7,99	2815	48,2	2	1,547534017	0,577	0,823151026	9
optimal_loci_233008_G	1007	1,717089	0	3171	42,2	2	29,8939863	0,276	0,824344949	8

optimal_loci_233009_G	1504	1,717089	17,82	1500	33,51	2	29,8939863	0,187	0,824354801	8
optimal_loci_233102_G	1937	0,864426	3593	15901	40,68	1	101,7037193	0,31	0,827439961	12
optimal_loci_233119_G	1320	1,055431	4,92	1001	42,34	1	1,287526593	0,418	0,82882348	14
optimal_loci_233121_G	3784	1,008978	0	3016	53,46	1	1287526593	0,534	0,828889132	14
optimal_loci_233124_G	1210	1,005312	9,5	8590	40,16	1	1,287526593	0,164	0,828935904	14
optimal_loci_233131_G	1345	1,005312	10,26	14809	36,8	1	11,68945318	0,162	0,829130694	14
optimal_loci_233136_G	1180	1,005312	14,41	11411	41,27	2	6,222539747	0,228	0,829160591	14
optimal_loci_233177_G	1406	0,981014	36,27	5883	36,41	3	7,529719901	0,135	0,830296171	21
optimal_loci_233178_G	1930	0,981014	17,62	4523	43,41	3	7,529719901	0,228	0,830324088	21
optimal_loci_233180_G	1240	0,981014	4,44	2592	35,88	3	7,529719901	0,115	0,830346081	21
optimal_loci_233209_G	1392	0,897982	0	7363	38,36	2	9,5145538	0,01	0,83137001	21
optimal_loci_233217_G	1600	0,831696	0	2719	49,18	1	0,262948E65	0,471	0,831722879	22
optimal_loci_233219_G	1305	0,831696	0	1001	47,73	1	0,262948665	0,357	0,831779544	22
optimal_loci_233220_G	2035	0,831696	0	2391	47,22	1	0,262948665	0,439	0,831791208	22
optimal_loci_233222_G	1077	0,831696	5,48	5793	39,27	1	0,262948665	0,231	0,831819754	22
optimal_loci_233278_G	1311	0,471979	10,22	7659	3613	1	11,65054391	0,148	0,833398449	20
optimal_loci_233283_G	1398	0,471979	36,98	3013	32,18	1	11,65064391	0,154	0,833436704	20
optimal_loci_233284_G	1423	0,486864	9,77	1001	48,98	1	11,65064391	0,516	0,833492614	20
optimal_loci_233286_G	1734	0,483016	10,84	3174	36,96	2	19,92061403	0,115	0,833510848	20
optimal_loci_233287_G	1245	0,483016	0	4941	40,48	2	19,92061403	0,209	0,833525675	20
optimal_loci_233300_G	1061	0,478229	13,38	14394	38,92	1	28,19058416	0,138	0,833810819	20
optimal_loci_233306_G	2339	0,478229	16,59	19485	37,58	1	28,19058416	0,119	0,833853598	20
optimal_loci_233355_G	2687	0,411751	7,44	4009	40,04	2	2,607652332	0,145	0,835614245	17
optimal_loci_233357_G	1247	0,396617	0	3411	52,68	1	0,212135613	0,411	0,835732542	17
optimal_loci_233379_G	2391	0,36625	10,08	3280	53,24	2	6,431751019	0,505	0,836403307	13
optimal_loci_233381_G	1626	0,36625	0	2721	39,6	2	6,431751019	0,214	0,836444549	13
optimal_loci_233395_G	1312	0,36625	14,41	12715	37,57	2	1,198330521	0,086	0,836593617	13
optimal_loci_233460_G	1341	0,37417	39,15	1001	41,01	2	4,001725411	0,288	0,838600408	8
optimal_loci_233530_G	1704	1,344638	1,7	2001	55,63	2	6,911478239	0,498	0,841599333	5
optimal_loci_233536_G	1076	1,344638	0	1001	51,3	2	6,911478239	0,436	0,841642127	5
optimal_loci_233584_G	1343	2,227047	26,21	4916	50,7	3	11,8787113	0,386	0,844954501	8
optimal_loci_233593_G	2198	2,214344	19,15	1386	43,08	5	5,575389923	0,191	0,84537966	8
optimal_loci_233629_G	1526	2,358001	0	4365	53,73	1	9,209169364	0,533	0,846121682	6
optimal_loci_233633_G	1430	2,358001	0	1001	56,08	1	9,209169364	0,556	0,846150715	6
optimal_loci_233639_G	1328	2,525553	0	2001	3E67	3	17,03228385	0,195	0,846523731	6

optimal_loci_233659_G	1671	2,078198	9,16	1001	48,83	1	5,367075729	0,516	0,847824389	6
optimal_loci_233740_G	1081	1,802393	0	2001	37,28	4	4,298133362	0,165	0,852171499	4
optimal_loci_233741_G	1607	1,802393	20,6	1001	51,58	4	2,172738473	0,472	0,852250224	4
optimal_loci_233766_G	1281	3,174946	10,93	1218	39,42	6	1,379977511	0,199	0,8540406093	4
optimal_loci_233813_G	2306	3,145526	11,06	12792	45,7	1	0,161054632	0,311	0,856368333	7
optimal_loci_233864_G	1085	2,742415	0	2134	40,36	3	1,684737873	0	0,858338723	4
optimal_loci_233867_G	1860	2,759589	4,09	2001	48,7	5	1,010842724	0,391	0,858463196	4
optimal_loci_233896_G	1919	2,793442	1,56	4272	41,47	4	1,606439695	0,11	0,86009223	5
optimal_loci_233982_G	1145	1,236147	0	7214	40,52	3	0,241477259	0,018	0,863626212	9
optimal_loci_234041_G	1805	2,521089	6,98	4019	36,45	3	0,543590947	0,12	0,865886429	12
optimal_loci_234042_G	1091	2,521089	0	3406	50,87	3	0,543590947	0,636	0,865904873	12
optimal_loci_234047_G	1095	2,521089	0	3108	51,14	4	0,40769321	0,637	0,86597759	12
optimal_loci_234050_G	1168	2,521089	0	4447	53,85	5	0,326154568	0,434	0,866011809	12
optimal_loci_234051_G	1290	2,521089	15,5	3099	40,93	4	0,40769321	0,085	0,866022096	12
optimal_loci_234055_G	1126	2,521089	15,54	1422	41,91	6	0,271795473	0,192	0,866095073	12
optimal_loci_234070_G	1955	2,618862	0	4718	48,84	4	4,077873869	0,418	0,866565611	13
optimal_loci_234175_G	1750	2,915371	36	5676	37,14	1	1,143284298	0,082	0,869448412	20
optimal_loci_234187_G	1952	2,809952	6,97	9238	50,71	1	0,156630814	0,422	0,869773969	21
optimal_loci_234188_G	1918	2,809952	2,87	7243	48,33	1	0,156630814	0,517	0,869790994	21
optimal_loci_234196_G	1385	2,809952	7,8	1254	34,44	1	0,156630814	0,164	0,869845721	22
optimal_loci_234240_G	1242	2,315237	0	10488	48,95	2	16,45440651	0,485	0,870761128	16
optimal_loci_234254_G	2197	1315237	10,15	1586	42,83	2	16,02072062	0,174	0,870950883	15
optimal_loci_234257_G	1903	2,315237	0	2001	36,88	2	16,02072062	0,335	0,871035281	15
optimal_loci_234265_G	1215	2,315237	0	5893	44,27	1	0,698189479	0,3	0,871297183	17
optimal_loci_234266_G	3404	2,315237	20,18	2276	34,45	1	0,698189479	0,087	0,871309165	17
optimal_loci_234269_G	1067	2,315237	34,49	1319	43,95	1	0,698189479	0,347	0,871381597	17
optimal_loci_234322_G	1538	2,315237	0	2177	34	2	0,190380394	0,093	0,813361041	17
optimal_loci_234323_G	2499	2,315237	0	3789	39,89	2	0,190380394	0,108	0,873374567	17
optimal_loci_234327_G	1026	2,315237	0	8214	35,28	2	0,190380394	0,074	0,873411698	17
optimal_loci_234340_G	1122	1,152369	6,95	2422	52,04	2	8,95580787	0,443	0,873805491	16
optimal_loci_234358_G	2230	1,15166	10,45	2464	45,2	3	2,018706625	0,327	0,874010812	14
optimal_loci_234379_G	1147	0,86336	6,89	2680	50,91	5	15,73350992	0,482	0,87540033	11
optimal_loci_234382_G	1039	0,86336	33,01	2691	47,64	5	15,73350992	0,514	0,875416064	11
optimal_loci_234483_G	2057	6,017833	0	2498	48,27	3	0,258847374	0451	0,879107496	8
optimal_loci_234495_G	2537	6,017833	15,06	2001	42,84	1	0,4081012	0,165	0,87968486	6

optimal_loci_234535_G	1339	3,141935	0	2149	36,22	3	0,036674632	0,071	0,880962995	9
optimal_loci_234536_G	1080	3,315269	0	1196	54,81	2	3,146257007	0,473	0,881588298	9
optimal_loci_234555_G	1444	3,874232	7,27	3620	43,28	2	9,9227671	0,261	0,882251687	9
optimal_loci_234568_G	1522	3,892196	5,52	8689	45,46	3	18,49741958	0,229	0,882735122	9
optimal_loci_234611_G	1110	3,575748	0	15273	32,34	2	7,009157887	0	0,884708558	7
optimal_loci_234615_G	3144	3,575748	10,11	9542	41,44	3	6,807010869	0,3	0,88473958	7
optimal_loci_234616_G	1297	1,829649	0	2280	44,94	4	8,848617147	0,198	0,884816014	7
optimal_loci_234749_G	1021	1,425687	29,58	9910	38	1	3,071564224	0,083	0,889894565	6
optimal_loci_234817_G	1194	3,324183	4,02	3681	55,19	4	6,092819488	0,603	0,892747595	10
optimal_loci_234819_G	2006	3,324183	1,94	1296	42,27	5	4,874255591	0,305	0,892760794	10
optimal_loci_234828_G	1076	3,324183	15,15	3983	43,68	3	6,023422377	0,29	0,892895731	10
optimal_loci_234857_G	1541	2,893711	10,19	2001	49,31	4	35,50989733	0,3	0,893875656	10
optimal_loci_234858_G	1419	2,893711	5,99	2624	36,78	4	35,50989733	0,01	0,893891482	10
optimal_loci_234881_G	1532	3,689452	12,14	4414	42,42	2	2,304003097	0,18	0,895216893	10
optimal_loci_234892_G	1156	4,466723	0	2298	39,1	8	6,11217481	0,167	0,89580686	10
optimal_loci_234906_G	2395	4,466723	9,14	6913	53,06	2	35,82548005	0,544	0,896490732	10
optimal_loci_234908_G	1120	4,466723	17,68	10005	53,66	2	35,82548005	0,577	0,896516678	10
optimal_loci_234981_G	1031	2,622481	2,91	5610	42,87	3	0,087587551	0,184	0,899110205	5
optimal_loci_235141_G	1206	2,756633	16,92	14229	30,51	2	49,19475712	0,185	0,904550268	4
optimal_loci_235172_G	1069	4,137844	0	1001	38,16	1	5,89244858	0,09	0,906078215	6
optimal_loci_235216_G	3596	5,621854	2,31	6791	48,05	2	29,60531011	0,497	0,908673051	9
optimal_loci_235220_G	1565	5,621854	0	12215	61,27	2	29,60531011	0,781	0,908718565	9
optimal_loci_235232_G	1494	5,835868	17,6	7157	50,06	2	43,98984169	0,315	0,909544439	8
optimal_loci_235233_G	1313	5,835868	10,89	5811	42,19	2	43,98984169	0,165	0,909557252	8
optimal_loci_235251_G	1150	3,083865	12,7	7879	54,6	4	10,12834419	0,464	0,910338787	7
optimal_loci_235293_G	1343	3,428667	0	3717	52,79	3	24,7504777	0,422	0,911626002	7
optimal_loci_235294_G	1174	1428667	0	2150	37,22	2	37,12571655	0,122	0,911640569	7
optimal_loci_235393_G	1466	3,230614	6,62	7445	58,59	3	3,839368533	0,651	0,916463159	8
optimal_loci_235394_G	1572	3,230614	0	9055	37,34	3	3,839368533	0,192	0,916476668	8
optimal_loci_235397_G	1344	3,230614	0	12114	46,94	2	0,11815611	0,353	0,916502337	8
optimal_loci_235409_G	1273	3,227189	0	13728	56,24	2	3,693697385	0,659	0,916573745	8
optimal_loci_235416_G	2339	3,227189	0	3583	40,53	4	2,766565678	0,505	0,916649927	8
optimal_loci_235467_G	1434	3,475659	18,9	1344	30,54	2	18,58522069	0,154	0,918219225	10
optimal_loci_235522_G	1030	3,451978	5,24	5037	47,28	2	21,98076889	0,319	0,920431773	11
optimal_loci_235525_G	1044	3,451978	0	7528	44,82	3	14,65384593	0,296	0,920452675	11

optimal_loci_235544_G	1018	4,712294	3/61	1292	38,7	2	39,02081559	0,127	0,92156387	6
optimal_loci_235546_G	1685	4,718129	1,72	2875	56,26	2	39,02081559	0,495	0,921577153	6
optimal_loci_235589_G	1302	5,175714	2,76	6533	46,08	2	2,667798716	0,179	0,924500433	5
optimal_loci_235792_G	1645	4,244915	14,35	1001	43,16	1	14,37370625	0,445	0,934377508	5
optimal_loci_235800_G	1556	4,835822	15,23	15532	39,65	1	14,37370625	0,37	0,934499439	5
optimal_loci_235815_G	1273	4,337274	0	1001	45,95	6	8,338401395	0,183	0,935326303	5
optimal_loci_235821_G	1205	4337274	0	4529	57,26	5	10,00608167	0,614	0,935366924	5
optimal_loci_235855_G	1106	4,629696	0	8683	37,07	2	14,54115726	0	0,935881582	5
optimal_loci_235932_G	3137	8032571	0	4432	50,33	3	33,30088751	0,517	0,940652138	11
optimal_loci_235933_G	2251	8,03694	2	2001	52,15	4	25,66610937	0,413	0,940679972	11
optimal_loci_235934_G	1367	8,127006	0	1001	54,57	5	19,56698701	0,609	0,940968775	12
optimal_loci_235935_G	1756	8,208402	3/46	3260	33,37	4	5,106768777	0,174	0,941028562	12
optimal_loci_235941_G	1198	8,208402	2,42	1730	55,75	3	5,88843338	0,731	0,941080251	12
optimal_loci_235948_G	3027	9,377189	0	4460	57,28	2	7,50084563	0,541	0,941155888	12
optimal_loci_235971_G	1895	9,534027	9,76	2717	40,89	2	43,25789239	0,287	0,942332164	14
optimal_loci_236016_G	1055	11,269247	27,2	1835	42,36	3	9,012274496	0,211	0,943793897	14
optimal_loci_236036_G	1098	9,793157	0	3450	44,89	5	32,72634858	0,26	0,94455458	16
optimal_loci_236038_G	1154	9,793157	0	2001	61,09	5	32,72634858	0,59	0,944566269	16
optimal_loci_236039_G	1307	9,793157	0	1001	44,37	3	50,70468857	0,483	0,944615088	16
optimal_loci_236049_G	1691	6825543	1166	6993	40,56	3	49,1918572	0,211	0,945127011	15
optimal_loci_236051_G	1731	6,775047	0	1308	42,05	6	9,816936084	0,407	0,945491678	11
optimal_loci_236070_G	1086	6,234291	38,4	2237	51,47	3	0,370955017	0,386	0,946005899	11
optimal_loci_236098_G	1894	6,838091	18,8	5866	47,72	4	41,78507046	0,502	0,948174562	9
optimal_loci_236100_G	1751	6,838091	0	2478	52,02	5	35,14605379	0,488	0,948204191	9
optimal_loci_236118_G	2082	5,779896	2,98	1001	54,13	2	4,273612617	0,575	0,949034487	6
optimal_loci_236220_G	1096	5,154946	0	2001	58,02	2	0,027827405	0,695	0,953784444	3
optimal_loci_236255_G	1167	6,483136	0	3332	38,38	2	1,758656551	0,082	0,955877268	5
optimal_loci_236258_G	1472	6,516435	0	4047	60,59	2	1,758656551	0,597	0,95596514	5
optimal_loci_236349_G	1459	8,504187	0	19669	46,26	1	51,24283922	0,287	0,958957277	9
optimal_loci_236364_G	1129	8,328181	0	4723	52,87	2	2,236316736	0,652	0,959231161	12
optimal_loci_236378_G	2372	8,9058	1,64	2001	3638	3	10,0368677	0,205	0,960718117	11
optimal_loci_236380_G	1562	8,9058	3,27	2465	53,58	3	11,48054888	0,58	0,960851946	12
optimal_loci_236381_G	1298	8,9058	0	4060	55,39	3	11,48054888	0,45	0,96086533	12
optimal_loci_236382_G	1626	83058	0	4614	56,39	4	9,997335015	0,498	0,960890713	12
optimal_loci_236404_G	1295	7,627151	0	1475	47,1	6	23,60960396	0,355	0,961228529	12

optimal_loci_236448_G	2732	6,824329	1,13	8667	53,66	3	1,946068277	0,487	0,963197761	15
optimal_loci_236451_G	1505	6,824329	0	6161	52,89	3	1,946068277	0,43	0,963229085	15
optimal_loci_236455_G	1037	6,824329	0	2841	52,36	4	1,459551208	0,418	0,96326087	15
optimal_loci_236472_G	3474	6,374364	2,62	12938	56,73	3	3,876670344	0,501	0,963857039	14
optimal_loci_236486_G	1091	6,197435	17,23	1001	32,53	3	23,2954489	0,056	0,964935492	13
optimal_loci_236506_G	1228	5,832465	0	1001	35,34	3	9,923443437	0,286	0,966134568	11
optimal_loci_236509_G	1131	5,832465	27,59	6642	41,37	4	11,34235243	0,304	0,966181902	11
optimal_loci_236517_G	1100	5,794235	0	1001	39,72	2	14,54559463	0,378	0,966315781	11
optimal_loci_236523_G	1441	6,216131	5,9	2001	56,69	2	0,474660884	0,271	0,966673467	11
optimal_loci_236586_G	1084	6,114044	0	1598	51,01	4	0,129348208	0,466	0,969385082	7
optimal_loci_236597_G	1061	6,043179	0	3935	60,6	6	0,007265265	0,733	0,969627207	7
optimal_loci_236662_G	1295	6,280983	0	1001	49,57	3	33,14505773	0,51	0,973160022	8
optimal_loci_236675_G	1868	5,501157	9,85	3402	55,08	3	9,005356596	0,618	0,973923903	6
optimal_loci_236680_G	1041	5,160877	0	1001	39,86	3	9,005356596	0,355	0,973993238	6
optimal_loci_236682_G	1048	5,160877	16,22	2308	42,55	2	0,366060029	0,268	0,974041042	6
optimal_loci_236698_G	1526	4,983118	10,29	2354	36,1	6	29,93221135	0,055	0,974913428	8
optimal_loci_236715_G	1295	4,983118	5,95	3120	38,45	3	14,07626181	0,071	0,975417521	8
optimal_loci_236774_G	1364	2,756259	8,65	1822	46,26	2	1,968824735	0,391	0,978639456	7
optimal_loci_236777_G	2203	2,756259	2,02	2766	52,7	2	1,968824735	0,307	0,978658185	7
optimal_loci_236817_G	1811	11,690497	6,24	1766	43,4	5	28,96934848	0,271	0,980826353	5
optimal_loci_236820_G	1684	11,690497	0	2028	37,41	5	28,96934848	0,198	0,980859632	5
optimal_loci_236832_G	3692	11,690497	0	1355	43,82	3	1,848282677	0,302	0,981455616	7
optimal_loci_236900_G	2222	0,712458	34,02	2567	47,56	2	20,90668025	0,407	0,985196127	5
optimal_loci_236917_G	1079	0,684125	10,29	2089	35,68	2	20,90668025	0,195	0,985333195	5
optimal_loci_236953_G	1840	0,388682	10,49	4167	46,57	2	0,945815294	0,391	0,98710903	6
optimal_loci_236965_G	1714	0,349876	28,76	1629	38,09	4	11,01467271	0,222	0,987619207	6
optimal_loci_237011_G	1286	0,286774	39,04	8774	34,75	3	13,03805185	0	0,989719147	4
optimal_loci_237012_G	1884	0,286774	34,55	6745	32,59	3	13,03805185	0,121	0,989731155	4
optimal_loci_237323_G	1091	1,867798	0	5864	48,76	1	0,265629199	0,481	0,986821392	3
optimal_loci_237329_G	1252	1,76457	4,71	1001	27,47	1	0,265629199	0,213	0,986732326	3
optimal_loci_237332_G	2332	1,753805	0	5484	38,89	1	0,265629199	0,208	0,986550714	3
optimal_loci_237414_G	1271	1,56487	0	1510	37,68	2	0,676662174	0,179	0,971200824	2
optimal_loci_237480_G	1432	0,86848	28,7	2044	41,96	2	7,602518905	0,133	0,963541337	2
optimal_loci_237627_G	1633	1,447731	11,08	4151	38,33	3	6,309054669	0,219	0,951704359	3
optimal_loci_237682_G	1056	2,272642	0	2001	39,96	2	0,307841229	0,13	0,946657839	9

optimal_loci_237697_G	1480	2,503832	0	2001	42,43	3	6,20772626	0,189	0,945589963	9
optimal_loci_237727_G	1226	2,58698	0	1001	42,25	2	18,42423693	0,299	0,941947784	11
optimal_loci_237728_G	1987	2,581097	7,25	2477	44,18	3	16,14521133	0,419	0,941906813	11
optimal_loci_237729_G	1439	2,581097	7,86	4646	51,42	3	16,14521133	0,616	0,941877125	12
optimal_loci_237734_G	1393	2,581097	36,83	5991	45,51	3	16,14521133	0,368	0,941802308	12
optimal_loci_237735_G	1361	2,581097	0	4546	46,21	3	16,14521133	0,244	0,941775842	12
optimal_loci_237768_G	1330	2,720456	0	11057	33,53	1	1,185631488	0	0,938133388	13
optimal_loci_237793_G	1368	2,653943	0	6562	41,95	1	22,29840546	0,258	0,936315568	11
optimal_loci_237199_G	1582	2,653943	10,56	1001	36,59	1	22,29840546	0,071	0,936128645	11
optimal_loci_237867_G	1154	3,921311	0	3891	37,17	1	38,37641797	0,115	0,932952253	13
optimal_loci_237871_G	1593	3,069063	9,92	1001	48,02	1	38,37641797	0,429	0,932720073	11
optimal_loci_237912_G	1148	4,99331	37,89	2017	47,64	3	1,029288094	0,446	0,929095586	9
optimal_loci_237950_G	2468	1,995311	1,18	2530	44,08	1	10,78613988	0,309	0,926086245	6
optimal_loci_237959_G	1017	1,995311	4,03	9780	51,03	2	5,338302969	0,619	0,925505238	6
optimal_loci_237975_G	1564	2,029543	13,62	2621	33,63	2	20,20641309	0,126	0,922022289	6
optimal_loci_238023_G	1055	0,182944	0	10018	40,66	1	0,29222959	0,204	0,916246337	5
optimal_loci_238024_G	1477	0,182944	0	1192	48,88	1	0,29222959	0,656	0,915992601	5
optimal_loci_238071_G	1836	7,151505	12,25	2484	40,68	2	15,19423851	0,231	0,9114787	8
optimal_loci_238100_G	1482	8,198409	0	1001	52,76	2	3,90964965	0,468	0,910243443	8
optimal_loci_238128_G	1055	7,352549	10,52	3499	39,33	3	38,0251897	0,329	0,90559641	8
optimal_loci_238164_G	1042	7,352549	12,28	10828	38,86	1	50,96586211	0,117	0,903633187	8
optimal_loci_238171_G	2169	7,352549	14,52	1487	40,94	1	50,96586211	0,295	0,903462106	8
optimal_loci_238186_G	1061	6,872562	0	3015	52,4	3	3,555449872	0,562	0,90246511	8
optimal_loci_238232_G	8267	7,796719	15,19	18180	31,3	1	56,96225817	0,162	0,899308223	8
optimal_loci_238241_G	1356	7,796719	0	4826	38,42	4	30,0717534	0,038	0,898654267	8
optimal_loci_238349_G	1111	5,363033	0	6428	45	1	7,540472236	0,357	0,890663571	5
optimal_loci_238350_G	1163	5,363033	0	5181	52,79	1	7,540472236	0,598	0,890640733	5
optimal_loci_238375_G	1107	4161429	0	1001	57,54	2	15,5194822	0,801	0,884510476	3
optimal_loci_238472_G	1299	1,032715	3,16	1001	42,18	2	3,461394478	0,361	0,873234505	2
optimal_loci_238496_G	1246	1,808467	14,77	2887	38,2	1	2,342062349	0,107	0,871564542	2
optimal_loci_238665_G	1307	1,56546	0	1158	37,41	2	3,664403858	0,305	0,84684467	1
optimal_loci_238754_G	1195	4,737437	12,38	2748	37,65	1	12,03486097	0,02	0,836530073	5
optimal_loci_238755_G	1099	4,953374	0	1437	4012	1	12,03486097	0,373	0,836506062	5
optimal_loci_238758_G	1904	4,953374	17,96	2490	38,39	1	12,03486097	0,3	0,836356062	5
optimal_loci_238819_G	1056	4,586489	32,01	1714	49,9	1	8,347436938	0,321	0,830521245	6

optimal_loci_238821_G	1674	4,586489	26,7	8230	46,77	1	8,347436938	0,434	0,830205092	6
optimal_loci_238863_G	1584	5,015371	33,96	3101	38,44	1	8,622610041	0,164	0,82418315	3
optimal_loci_238948_G	3408	1,723582	28,29	2375	32,86	1	13,16141202	0,131	0,813862234	4
optimal_loci_238965_G	1317	1,723582	0	13823	40,24	1	13,16741202	0,134	0,813519744	4
optimal_loci_239023_G	1354	0,830904	18,83	5715	39,51	2	1,182472579	0,14	0,80689989	6
optimal_loci_239030_G	1474	0,851701	0	2181	4029	3	2,279848906	0,129	0,806687253	6
optimal_loci_239044_G	1039	L064792	5,2	2608	44,56	1	18,68971353	0,319	0,804184963	4
optimal_loci_239096_G	1479	1,452708	0	16142	58,14	1	210,3457443	0,606	0,798729799	4
optimal_loci_239188_G	1027	0,214013	0	2137	40,89	1	22,10912462	0,258	0,186183242	2
optimal_loci_239193_G	1335	0,214013	0	5089	36,25	1	22,10912462	0,287	0,786123535	2
optimal_loci_239347_G	1341	0,966047	36,99	15862	34,37	1	1,192940787	0,186	0,771854762	1
optimal_loci_239613_G	2785	1,311004	21,9	2495	35,47	2	16,21180011	0,153	0,744217363	3
optimal_loci_239618_G	1074	1,311004	0	1168	35,75	1	27,32460569	0,216	0,743899377	3
optimal_loci_239625_G	1265	1,311004	0	7449	40,79	2	13,66230285	0,111	0,743780842	3
optimal_loci_239863_G	1744	0,696661	3,61	5139	42,94	1	27,76303224	0,365	0,725287619	3
optimal_loci_239881_G	1350	0,642382	0	19248	39,48	1	4,819363941	0,18	0,724265147	3
optimal_loci_239968_G	2125	0,951654	24,52	1001	44,42	3	10,66907216	0,28	0,716686264	5
optimal_loci_240012_G	1247	0,865346	19,41	15739	34,48	1	0,028576965	0,145	0,712851667	3
optimal_loci_240014_G	1704	0,865346	37,32	17583	35,03	1	0,028576965	0,252	0,712809524	3
optimal_loci_240136_G	1072	0,333696	0	2183	43,09	2	0,213663782	0,091	0,703487271	1
optimal_loci_240290_G	1571	0,581251	8,34	12073	36,09	1	22,62691296	0,073	0,684206319	9
optimal_loci_240293_G	1095	0,581251	0	8189	36,71	1	22,62691296	0,297	0,684135183	9
optimal_loci_240298_G	1070	0,544182	12,9	1001	38,41	1	22,62691296	0,246	0,683926777	9
optimal_loci_240299_G	1114	0,544182	0	16408	40,12	2	37,42998125	0	0,683643791	9
optimal_loci_240342_G	1051	0,425238	12,56	10922	4862	2	40,72428502	0,448	0,679612454	9
optimal_loci_240394_G	1023	0,275766	9,48	4512	40,17	1	17,32849652	0,21	0,675959835	9
optimal_loci_240396_G	1940	0,275766	7,99	1810	41,23	2	8,664248258	0,326	0,675910348	9
optimal_loci_240399_G	1478	0,275766	28,69	1001	35,31	2	8,664248258	0,192	0,67552663	9
optimal_loci_240402_G	1245	0,275766	30,12	3131	36,94	2	8,664248258	0,028	0,675491886	9
optimal_loci_240602_G	1335	0,269813	12,96	5607	45,61	2	1,811099366	0,277	0,662339231	2
optimal_loci_240632_G	1707	0,631504	3,57	2439	46,92	2	10,90183562	0,373	0,658911136	2
optimal_loci_240729_G	1497	0,465549	12,36	1417	35,87	2	0,273189636	0,257	0,645458553	2
optimal_loci_240735_G	1182	0,465549	12,77	6942	36,71	2	0,273189636	0,144	0,645363132	2
optimal_loci_240876_G	1288	0,271511	26,55	1791	31,36	1	12,63473843	0,263	0,629126941	3
optimal_loci_241003_G	1512	0,240366	8,07	9440	34,19	1	1,349989385	0,102	0,620447326	4

optimal_loci_241008_G	1057	0,240366	27,44	13417	37,93	1	1,349989385	0,246	0,620382821	4
optimal_loci_241104_G	1671	0,570313	0	3136	36,5	4	5,084757628	0,158	0,612975311	4
optimal_loci_241171_G	1001	0,482155	0	2001	45,35	2	1,195896152	0,449	0,605913535	4
optimal_loci_241231_G	1214	0,366645	15,57	1001	37,97	1	9,259766043	0,189	0,600769945	3
optimal_loci_241284_G	1970	0,013371	5,18	2001	36,59	1	4,265386025	0,18	0,597026172	3
optimal_loci_242236_G	1067	0,633814	23,9	16083	37,58	1	18,37321293	0,074	0,492696355	1
optimal_loci_242556_G	2612	0,042361	0	2628	39,2	4	0,035363185	0,122	0,458798626	1
optimal_loci_242675_G	1105	0,254837	9,5	1215	51,13	2	0,406100779	0,438	0,447445165	2
optimal_loci_242736_G	1085	0,471442	0	2564	36,31	1	1,466478705	0,176	0,441348187	2
optimal_loci_243300_G	1658	0,259696	12,73	16089	43,96	1	0,119669684	0,284	0,368976245	4
optimal_loci_243301_G	1700	0,259696	18,53	11133	30,7	1	0,119669684	0,073	0,368885476	4
optimal_loci_243311_G	1419	0,259696	15,08	11646	37,27	1	0,119669684	0,247	0,368427875	4
optimal_loci_243330_G	1176	0,262935	1241	2993	43,28	1	0,433766583	0,36	0,365722033	5
optimal_loci_243398_G	2619	0,393519	3058	1001	32,98	2	2,956948361	0,14	0,357150623	2
optimal_loci_244009_G	1981	0,307829	1454	4785	38,06	3	0,815890807	0,197	0,292860769	1
optimal_loci_244110_G	1945	0,195305	27,4	14442	37,99	1	7,201711661	0,147	0,282684267	2
optimal_loci_244203_G	1262	0,293409	13,15	2001	41,91	1	0,032357511	0,403	0,273903223	2
optimal_loci_244324_G	1173	0,181465	0	13488	39,3	1	0,261277516	0,137	0,261894066	1
optimal_loci_244428_G	1555	0,071478	0	5392	40,19	1	36,5873831	0,196	0,248207033	4
optimal_loci_244439_G	1458	0,071604	0	13880	42,24	1	36,5873831	0,196	0,247797656	4
optimal_loci_244502_G	2505	0,276457	0	2001	62,07	1	1090,895878	0,775	0,241236484	4
optimal_loci_244521_G	2889	0,350988	7,44	6236	41,12	1	94,60190765	0,295	0,239015586	4
optimal_loci_248922_G	1073	0,176505	0	2001	38,95	1	12,31339092	0,126	0,117301614	1
optimal_loci_249178_G	1248	0,104462	17,07	2266	38,22	1	0,094938333	0,209	0,135284358	1
optimal_loci_250162_G	1594	0,056531	0	3492	4191	1	0,843850412	0,254	0,194250429	2
optimal_loci_250167_G	1656	0,056531	1,75	8155	51,69	1	0,843850412	0,619	0,19437843	2
optimal_loci_250331_G	1399	0,332307	0	1001	46,03	1	9,248119705	0,345	0,203075328	1
optimal_loci_251259_G	1390	0,291191	0	14625	46,97	2	2,826669347	0,461	0,255582644	2
optimal_loci_251281_G	1401	0,211503	20,06	9326	38,54	1	0,090746257	0,117	0,257012936	2
optimal_loci_251383_G	1008	0,414332	0	1780	37,79	1	13,73609138	0,048	0,26163451	1
optimal_loci_251605_G	1321	0,011814	4,84	8987	32,7	1	0,071918559	0,069	0,273369422	3
optimal_loci_251640_G	1513	0,102824	3,44	2001	51,09	2	46,03009779	0,362	0,275842748	3
optimal_loci_251643_G	1385	0,102824	39,78	1855	39,56	2	46,03009779	0,314	0,27592798	3
optimal_loci_251856_G	1020	0,01893	0	15309	41,66	2	12,14830752	0,302	0,288956704	1
optimal_loci_252525_G	1329	0,053973	0	1481	41,3	1	3,258974981	0,159	0,322079951	2

optimal_loci_252544_G	1459	0,167915	15,35	7073	44,48	1	25,68150488	0,416	0322874265	3
optimal_loci_252609_G	1715	0,44717	0	13904	38,07	1	33,70648043	0,175	0,326724148	4
optimal_loci_252636_G	1290	0,499771	0	2327	34,18	1	0,987923138	0,194	0,32776712	3
optimal_loci_252700_G	1121	0,649517	0	3727	46,65	2	21,48091522	0,435	0,330334482	4
optimal_loci_252745_G	1017	0,510956	10,42	1623	52,5	1	4,997590966	0,645	0332793981	2
optimal_loci_253330_G	1185	0,263832	39,41	6607	33,83	1	3,559629209	0,03	0362041151	4
optimal_loci_253362_G	1834	0,223269	0	10103	47,05	1	5,748642192	0,408	0,36282021	4
optimal_loci_253408_G	1852	0,228629	0	14805	34,5	1	9,167418616	0,152	0,365621389	4
optimal_loci_253410_G	1633	0,228629	10,78	18856	45,62	1	9,167418616	0,413	0,365656842	4
optimal_loci_253521_G	1109	0,061873	0	13598	40,93	1	35,36578115	0,12	0,370798646	6
optimal_loci_253522_G	1366	0,061873	0	2863	40,19	1	35,36578115	0,184	0,370890345	6
optimal_loci_253556_G	1308	0,135543	0	2631	46,86	2	4,712705811	0,339	0,372451325	6
optimal_loci_253600_G	2069	0,194147	3,82	13048	36,92	1	2,183733993	0,068	0,313996386	1
optimal_loci_253626_G	1377	0,260906	19,39	10287	44,8	1	7,485189881	0,325	0,375032444	8
optimal_loci_253634_G	2373	0,260906	8,85	1001	51,41	2	21,16734203	0,422	0,375104995	8
optimal_loci_253669_G	1111	0,422093	7,92	3014	55,26	2	1,109797779	0,651	0,377608996	7
optimal_loci_253701_G	1570	0,428551	22,04	18737	34,77	1	7,464667464	0,008	0,378456571	6
optimal_loci_253717_G	1400	0,431506	0	1922	38,92	1	7,423529894	0,207	0,379941368	4
optimal_loci_253720_G	1471	0,431506	9,99	16717	33,58	1	7,423529894	0,103	0,380070848	4
optimal_loci_253932_G	1203	0,41254	34,16	1001	45,71	1	2,273566413	0,219	0,391467109	3
optimal_loci_253933_G	1594	0,41254	0	2001	30,74	1	2,273566413	0,093	0,391561897	3
optimal_loci_253939_G	1751	0,416753	0	18344	37,63	1	2,273566413	0,003	0,391704925	3
optimal_loci_254110_G	1738	1,664432	25,49	17383	37,74	1	12,1222427	0,113	0,396769312	1
optimal_loci_254232_G	1153	1,221316	0	13032	38,07	1	2,312574739	0,326	0,402534309	4
optimal_loci_254305_G	1185	1,268555	0	16869	51,98	1	185,5291197	0,429	0,405419739	4
optimal_loci_254308_G	1037	1,252857	0	2890	33,75	1	185,5291197	0,118	0,40562934	6
optimal_loci_254318_G	1344	1,252857	24,48	12847	38,09	1	185,5291197	0,257	0,40571648	6
optimal_loci_254375_G	1390	0,786588	24,03	12656	44,74	2	2,487167865	0,318	0,409943268	8
optimal_loci_254377_G	1142	0,775669	0	14801	42,99	2	2,487167865	0,335	0,409962041	8
optimal_loci_254413_G	1032	0,45098	19,09	5857	38,85	1	0,218237523	0,112	0,411563217	6
optimal_loci_254416_G	1217	0,45098	26,05	2651	41,74	1	0,218237523	0,201	0,411589655	6
optimal_loci_254418_G	1316	0,45098	2,2	2001	44,75	1	0,218237523	0,267	0,411663431	6
optimal_loci_254422_G	1358	0,45098	0	6663	53,09	1	0,218237523	0,525	0,411704231	6
optimal_loci_254673_G	1013	0,592459	19,25	1592	41,95	1	15,14804298	0,098	0,427345256	4
optimal_loci_254676_G	1779	0,592459	30,69	5658	34,23	1	15,14804298	0,233	0,427460165	4

optimal_loci_254692_G	1092	0,534116	0	3247	43,22	2	26,29676889	0,261	0,428067876	4
optimal_loci_254694_G	1064	0,534116	0	4992	39,47	2	26,29676889	0,101	0,428087104	4
optimal_loci_254925_G	1145	1,945442	0	2394	37,72	1	2,02168132	0,03	0,438691554	1
optimal_loci_255412_G	1322	1210496	0	9306	53,63	1	21,43449471	0,602	0,460703913	2
optimal_loci_255452_G	1445	1269899	2,28	1779	40,69	2	1,050345179	0,284	0,461955384	4
optimal_loci_255556_G	1254	0,874345	0	6233	38,99	1	21,1750647	0,263	0,465586232	3
optimal_loci_255563_G	1163	0874345	22,75	9365	48,38	2	16,22487922	0,414	0,465613642	3
optimal_loci_255654_G	1067	0,030672	38,99	2558	66,35	2	15,9209879	0,635	0,470676288	3
optimal_loci_255675_G	1630	0,030672	3,25	8408	59,63	3	14,96959866	0,634	0,471667862	3
optimal_loci_255679_G	1138	0,030672	0	19419	34,97	1	21,9745335	0,224	0,471764226	3
optimal_loci_255770_G	1280	1,374214	31,95	1359	41,32	3	0,451301915	0,251	0,479213522	5
optimal_loci_255775_G	1083	1,374214	23,82	3711	33,33	2	0,258278883	0,233	0,479284357	5
optimal_loci_255779_G	1430	1,147514	10,84	9625	41,74	1	2,111712888	0,355	0,479612901	6
optimal_loci_255824_G	1016	0,856567	0	3173	61,71	3	5,126806066	0,471	0,481583622	7
optimal_loci_255827_G	1139	0,856567	0	4990	50,04	3	5,126806066	0,354	0,481599524	7
optimal_loci_255888_G	1027	0,772546	2,73	2579	35,05	1	5,432103828	0	0,483808954	5
optimal_loci_255924_G	1095	0,820266	13,87	9310	53,51	1	10,32213959	0,635	0,485409343	4
optimal_loci_256133_G	1030	0,294235	6,7	16790	32,71	1	2,992741361	0,068	0,493836499	1
optimal_loci_256401_G	1087	0,723175	0	1923	38,08	2	0,02196994	0,202	0304079272	2
optimal_loci_256427_G	1042	1,291442	7,2	4715	39,92	1	54,24198674	0,033	0,506244384	2
optimal_loci_256564_G	2090	2166557	14,4	13923	40,57	1	4,463879735	0,284	0,511923308	10
optimal_loci_256591_G	1321	3,464695	0	2090	41,86	3	3,003830273	0,279	0,51354155	11
optimal_loci_256599_G	1201	3,003233	0	1001	57,03	2	149,5423779	0,753	0,513910334	11
optimal_loci_256611_G	1195	3,003233	38,83	2001	42,84	2	21,74874489	0,423	0314148526	11
optimal_loci_256616_G	1219	3,546912	8,12	9338	43,06	2	1,240698793	0,396	0,51440571	11
optimal_loci_256631_G	1070	3,546912	10,09	2001	57,66	1	9,385623896	0,476	0,515079478	11
optimal_loci_256641_G	1101	3,546912	0	2702	53,58	2	4,692811948	0,698	0,515235511	11
optimal_loci_256643_G	1026	3,839311	12,71	1393	50,38	3	15,85998052	0,511	0,515456112	11
optimal_loci_256644_G	1921	3,839311	0	2501	33,68	3	15,85998052	0,049	0315467236	11
optimal_loci_256646_G	1250	3,839311	12,72	1001	29,04	3	15,85998052	0,147	0315571642	11
optimal_loci_256671_G	1174	1,524971	0	2074	42,33	2	8,231807791	0,166	0317042332	10
optimal_loci_257043_G	3297	1,954656	0	4444	46,83	3	1,185633609	0,357	0333708117	5
optimal_loci_257063_G	1762	4,164617	22,02	10420	46,19	1	0,943299162	0,279	0,534620498	5
optimal_loci_257067_G	3259	4,164617	11,78	4201	55,78	1	0,943299162	0,535	0,534661823	5
optimal_loci_257069_G	1186	4,164617	0	2356	41,73	1	0,943299162	0,267	0,534696112	5

optimal_loci_257098_G	1919	2,701125	0	13078	51,38	1	0,776100801	0,447	0,535568288	5
optimal_loci_257181_G	1162	0,51691	18,59	2001	52,06	2	2,177765896	0,699	0,540163318	2
optimal_loci_257190_G	1568	0,532815	0	11340	51,02	1	15,63992217	0,617	0340549597	3
optimal_loci_257263_G	1139	0,848381	17,91	1001	42,4	2	47,34418506	0,264	0,544804032	3
optimal_loci_257267_G	1557	0,867852	6,49	1001	53,24	1	176,4343507	0,634	0,545835259	2
optimal_loci_257371_G	1488	21,212109	0	2213	43,68	3	25,94823509	0,401	0,550479403	3
optimal_loci_257500_G	1285	0,513894	8,33	4100	48,94	2	8,39126897	0,392	0,554466345	4
optimal_loci_257502_G	1248	0,513894	0	2297	45,75	2	8,39126897	0,345	0,554482448	4
optimal_loci_257541_G	2500	0,513894	4,08	2001	43,2	1	14,1375841	0,263	0,555538461	3
optimal_loci_25947_G	1631	0,459307	21,03	2001	34,88	1	21,27594365	0,064	0,674723796	1
optimal_loci_260062_G	1160	0,438312	12,07	9156	44,05	3	0,616455974	0,414	0,680422736	3
optimal_loci_260134_G	1111	0,938652	39,69	1001	42,3	1	61,18117599	0,299	0,68330302	3
optimal_loci_260141_G	1080	0,774389	0	2507	35	5	8,305668568	0,082	0,684227295	4
optimal_loci_260207_G	1858	0,9862	6,94	1273	44,99	5	24,93180294	0,306	0,688143647	12
optimal_loci_260238_G	1331	1,119254	15,7	7021	36,06	1	1,710791349	0,18	0,690934717	13
optimal_loci_260241_G	1116	1,119254	2,6	4774	59,85	1	1,710191349	0,603	0,690956263	13
optimal_loci_260260_G	2318	1,283521	1,21	5429	48,27	2	0,833453712	0,414	0,69154831	13
optimal_loci_260261_G	3203	1,283521	2,15	2001	52,66	3	1,386190364	0,515	0,691574914	13
optimal_loci_260269_G	1224	1,283521	0	1001	39,86	3	1,302246127	0,103	0,691756606	13
optimal_loci_260274_G	1415	1,283521	0	1001	45,08	4	23,79072504	0,521	0,692023198	13
optimal_loci_260276_G	1648	1,283521	1,88	4698	47,08	4	23,79072504	0,395	0,692108403	13
optimal_loci_260278_G	1124	1,283521	0	6759	45,9	4	23,79072504	0,387	0,692126441	13
optimal_loci_260288_G	1044	1,283521	0	7704	34,38	2	16,68429527	0,221	0,692297062	13
optimal_loci_260289_G	1674	1,176545	0	8813	47,78	2	16,68429527	0,377	0,692306767	13
optimal_loci_260319_G	1793	1,956403	0	12018	51,47	1	13,73393641	0,548	0,693076646	12
optimal_loci_260336_G	1263	1,956403	9,9	1766	39,27	2	5,633547591	0,191	0,693911917	12
optimal_loci_260418_G	1304	1,317766	26,3	5079	43,4	4	10,79162991	0,258	0,699327672	7
optimal_loci_295477_G	1318	1,968136	26,56	5011	37,63	2	21,09425035	0,426	0,702787636	9
optimal_loci_260479_G	1160	1,968136	3,02	1468	48,18	2	21,09425035	0,525	0,702888665	9
optimal_loci_260484_G	2705	2,065234	1,52	19495	44,21	1	1,218343917	0379	0,703455174	9
optimal_loci_260489_G	1250	2,065234	13,2	15143	49,6	1	1,218343917	0,442	0,703505994	9
optimal_loci_260495_G	1082	2,069264	9,89	2526	51,2	1	1,218343917	0,558	0,703617884	9
optimal_loci_260499_G	2675	2,341785	6,8	2001	57,45	1	1,218343917	0,503	0,703683372	10
optimal_loci_260564_G	2429	2,766827	0	1402	41,21	4	12,66464838	0,384	0,706223096	9
optimal_loci_260570_G	1847	2,922754	3,57	13874	37,79	3	8,394445862	0,135	0,706552428	9

optimal_loci_260602_G	1398	1,389535	7,94	1001	47,35	5	32,84207413	0,463	0,70806495	4
optimal_loci_260765_G	1221	1,42487	10,97	2001	31,85	3	6,156118367	0,084	0,715094002	4
optimal_loci_260782_G	1145	1405874	19,21	3750	43,14	2	5,928576719	0,248	0,715927864	4
optimal_loci_260799_G	2732	0,470454	6,77	1530	41,87	2	6,40730521	0,238	0,717955865	5
optimal_loci_260802_G	1255	0,470454	10,36	7375	47,01	2	6,40730521	0,353	0,718007018	5
optimal_loci_260880_G	1238	0,589502	0	1001	39,57	1	48,83970593	0,188	0,720804774	6
optimal_loci_260963_G	2144	0,514488	33,3	8894	38,05	1	4,963980972	0,194	0,724144947	8
optimal_loci_260978_G	1242	0,7122	0	10317	35,1	2	9,384461973	0,081	0,724526666	9
optimal_loci_260985_G	1426	0,7122	0	14403	47,26	1	5,500718281	0,491	0,724834459	9
optimal_loci_260988_G	1228	0,733963	0	2104	38,84	1	5,896354053	0,143	0,725323814	8
optimal_loci_261014_G	1104	0,474898	9,87	2001	33,87	2	12,82032801	0,069	0,727509239	8
optimal_loci_261023_G	1153	0,455439	8,15	4995	53,42	3	9,815964812	0,421	0,728232769	8
optimal_loci_261029_G	1007	0,449549	0	2034	49,75	4	18,07092446	0,389	0,728313529	8
optimal_loci_261037_G	1502	0,349736	1,93	2598	53,12	4	23,13951047	0,649	0,728663619	7
optimal_loci_261272_G	2183	1,4394	0	5139	48,28	1	5,946381381	0,429	0,741218811	1
optimalloci_261498_G	2562	0,012998	0	2001	59,99	2	15,79648235	0,642	0,752272035	1
optimal_loci_261708_G	1046	1,940837	3,25	5118	38,62	1	17,08608298	0,168	0,762499168	9
optimal_loci_261732_G	1008	1,940837	15,38	3912	50,89	2	37,27638099	0,479	0,763607962	9
optimal_loci_261781_G	2164	1,661377	2,82	2809	49,35	3	3,008722972	0,427	0,765894765	9
optimal_loci_261784_G	1909	1,661377	0	2001	55	5	9,459740153	0,475	0,766014417	9
optimal_loci_261785_G	2029	1,661377	0	3996	46,77	5	9,459740153	0,402	0,766031876	9
optimal_loci_261786_G	1441	1,661377	0	4855	60,86	4	11,00552326	0,829	0,766050648	9
optimal_loci_261787_G	1343	1,661377	0	3203	39,31	4	11,00552326	0,233	0,766065964	9
optimal_loci_261793_G	1983	1,277627	9,93	5473	37,51	2	19,13626592	0,128	0,76623157	9
optimal_loci_261799_G	1166	1,33692	7,2	7801	42,36	1	3,019754098	0,399	0,766448339	9
optimal_loci_261928_G	1268	1,087301	12,62	5303	38,64	3	15,52355135	0,143	0,773429599	2
optimal_loci_261982_G	2124	0,84203	0	1001	52,77	3	25,34599191	0,551	0,776599263	2
optimal_loci_262113_G	2139	0,608678	13,09	1001	54,88	1	10,01601331	0,464	0,784790791	2
optimal_loci_262148_G	1973	0,577243	2,33	17207	47,84	2	9,703880981	0,335	0,786525543	3
optimal_loci_262218_G	2074	0,318453	6,12	2291	40,59	4	0,016978501	0,297	0,790355158	4
optimal_loci_262250_G	1199	0,12187	1/43	2441	36,53	3	22,50317014	0,2	0,79153518	3
optimal_loci_262299_G	1140	0,188103	0	4181	41,45	2	19,84677049	0,33	0,193660122	4
optimal_loci_262354_G	1153	2,058939	7,63	4067	37,81	3	12,38163997	0,285	0,797126755	9
optimal_loci_262370_G	1753	1,593231	16,03	2312	39,3	2	3,615953405	0,218	0,798114348	8
optimal_loci_262375_G	1366	1,593231	0	1342	34,26	2	7,012867173	0,214	0,798332096	8

optimal_loci_262398_G	1235	2,31158	0	2001	47,28	3	75,17734328	0,326	0,799247313	8
optimal_loci_262401_G	1130	2,31158	0	5338	59,82	3	75,17734328	0,783	0,799276517	8
optimal_loci_262405_G	1381	131158	15,93	4182	38,45	4	57,42214069	0,09	0,799338697	8
optimal_loci_262406_G	1026	131158	0	2607	41,81	4	57,42214069	0,231	0,799355588	8
optimal_loci_262409_G	2640	2,31158	0	2617	43,37	2	20,80192154	0,213	0,799453781	8
optimal_loci_262547_G	1515	1,630735	0	2984	44,68	2	18,67842085	0,289	0,804568315	3
optimal_loci_262575_G	1688	1,568143	17,54	2282	37,38	2	2,176419134	0,194	0,806053812	4
optimal_loci_262627_G	1094	1,225179	5,03	1164	38,11	1	9,767994694	0,223	0,808668126	5
optimal_loci_262649_G	1809	0,689645	0	5275	43,78	3	1,822804351	0,413	0,809993854	4
optimal_loci_262690_G	1205	9,763447	0	1001	31,28	1	1,444760995	0,168	0,811460606	6
optimal_loci_262733_G	1627	0,567219	39,7	1023	44,92	2	255,330569	0,329	0,814458827	8
optimal_loci_262734_G	1319	0,567219	10,16	8961	41,62	4	147,8145977	0,093	0,814528297	8
optimal_loci_262740_G	1131	0,506258	3,36	3447	31,38	5	35,36261336	0	0,814758849	9
optimal_loci_262771_G	1256	0,51299	0	2001	58,12	1	1,51964352	0,657	0,815981457	10
optimal_loci_262781_G	1507	0,738321	0	11111	41,6	1	1,51964352	0,327	0,816144605	10
optimal_loci_262782_G	1018	0,738321	0	13622	49,31	2	1,818350263	0,554	0,81616658	10
optimal_loci_262784_G	2004	0,738321	16,07	10123	45,85	1	2,117057006	0,333	0,816236295	10
optimal_loci_262866_G	1104	2,238463	0	3082	35,86	1	0,067075558	0,022	0,818980046	10
optimal_loci_262896_G	1008	2,466471	12,6	3042	43,94	3	10,68388336	0,248	0,820025005	13
optimal_loci_262900_G	2209	2,490084	0	1001	48,43	3	10,91276996	0,402	0,820192379	14
optimal_loci_262911_G	1h	2,243606	0	2001	37,73	3	7,06899142	0	0,820745979	12
optimal_loci_262950_G	1308	1581895	0	7775	41,36	3	26,24655052	0,324	0,822520577	14
optimal_loci_262979_G	1777	2,539151	0	7711	55,48	2	4,538937262	0,632	0,824030168	14
optimal_loci_262980_G	1005	2,50632	15,12	6458	36,91	2	4,538937262	0,123	0,82404789	14
optimal_loci_262987_G	2232	2,485342	0	2343	55,73	1	3,452236418	0,831	0,824155132	15
optimal_loci_262990_G	2262	2,485342	35,23	7337	50,39	1	3,452236418	0,379	0,824198837	15
optimal_loci_262994_G	1643	2,50299	2,07	2429	49,66	1	1,463914811	0,534	0,824504015	17
optimal_loci_262997_G	1001	2,497022	9,99	8401	41,85	3	8,203615912	0,357	0,824627447	16
optimal_loci_263003_G	2293	2,321769	8,33	3072	43,43	3	8,203615912	0,256	0,824690354	16
optimal_loci_263018_G	1030	2,101367	0	1001	38,83	2	53,4440515	0,064	0,825335911	15
optimal_loci_263024_G	1015	2,101367	0	6105	37,24	1	91,85519633	0,162	0,825380645	15
optimal_loci_263130_G	1786	2,363758	25,03	6093	53,41	1	0,895922464	0,466	0,828420506	16
optimal_loci_263135_G	1657	2,363758	7,6	2447	48,82	1	0,895922464	0,429	0,828524335	14
optimal_loci_263137_G	1353	1238603	24,69	8425	38,28	1	10,73075602	0,08	0,828712416	12
optimal_loci_263138_G	1363	1238603	10,34	6942	44,38	1	10,73075602	0,231	0,828725307	12

optimal_loci_263139_G	1153	2,238603	0	5114	43,88	1	10,73075602	0,253	0,828743143	12
optimal_loci_263206_G	1449	3,158777	20,63	1882	32,09	1	12,1836852	0,089	0,831465295	7
optimal_loci_263252_G	1013	3,305048	0	4724	51,03	1	0,038874013	0,532	0,832559438	8
optimal_loci_263359_G	1101	1,538044	0	6343	50,86	1	1,83716604	0,584	0,836681391	4
optimal_loci_263398_G	1346	0,470182	4,23	6585	38,78	1	12,98071052	0,172	0,839735246	4
optimal_loci_263401_G	1369	0,470182	0	3212	55,51	1	12,98071052	0,558	0,839764564	4
optimal_loci_263438_G	2048	0,914274	0	3806	54,15	2	36,84985619	0,544	0,842375972	7
optimal_loci_263486_G	1296	0,026111	12,96	1001	41,74	3	1,739733131	0,264	0,844345232	7
optimal_loci_263489_G	1031	0,026111	0	2690	41,16	3	15,71784109	0,241	0,8444630	7
optimal_loci_263490_G	1594	0,026111	0	1063	36,88	3	15,71784109	0,125	0,844473356	7
optimal_loci_263516_G	1030	1,82438	0	10976	35,43	2	44,08593165	0,274	0,845859172	7
optimal_loci_263579_G	2200	3,514043	0	1001	35,9	3	6,844627732	0,147	0,84813725	9
optimal_loci_263584_G	1778	3,514043	15,75	2369	39,93	3	6,844627732	0,202	0,848182933	9
optimal_loci_263619_G	2041	3,100373	9,31	3860	48,6	4	4,88493513	0,318	0,851056453	6
optimal_loci_263621_G	1532	3,100373	0	2001	53,32	4	4,88493513	0,436	0,851077176	6
optimal_loci_2636446	1047	3,369276	0	1001	52,05	2	15,58318426	0,398	0,852059544	6
optimal_loci_263669_G	1074	3,077861	18,25	3947	39,19	3	0,176114253	0,069	0,854084867	4
optimal_loci_263795_G	1578	3,123691	4,12	1001	56,78	2	3,961501092	0,535	0,858476107	8
optimal_loci_263796_G	1043	3,123691	0	2001	44,39	2	3,961501092	0,528	0,858490555	8
optimal_loci_263801_G	2058	2,994572	15,84	11155	42,22	1	7,923002184	0,391	0,858646842	8
optimal_loci_263804_G	1091	2,994572	0	14891	50,22	1	7,923002184	0,588	0,858679538	8
optimal_loci_263827_G	1737	3,463803	0	14236	61,48	1	4,610980475	0,744	0,859732452	8
optimal_loci_263831_G	4158	3,463803	2,72	3850	51,44	1	4,610980475	0,348	0,859802158	8
optimal_loci_263832_G	1246	3,463803	0	2503	44,38	1	4,610980475	0,518	0,859839432	8
optimal_loci_263846_G	1440	2,903163	0	18956	46,59	1	4,610980475	0,526	0,860049181	9
optimal_loci_263955_G	1198	2,57635	17,86	12161	33,97	4	16,54294354	0,055	0,864419724	2
optimal_loci_264061_G	1293	6,371429	0	2546	40,68	4	5,746734164	0,24	0,8691057	8
optimal_loci_261075_G	1809	7,245828	1,71	1711	52,73	2	6,236610899	0,371	0,869964513	10
optimal_loci_264079_G	1926	7,245828	0	5699	52,64	2	6,236610899	0,443	0,869999414	10
optimal_loci_264087_G	1144	7,94452	0	1443	39,59	3	10,24997567	0,298	0,870396763	10
optimal_loci_264096_G	2901	7,94452	0	8670	58,18	3	6,56367335	0,608	0,87099904	10
optimal_loci_264103_G	1614	7,94452	0	3394	57,24	2	5,687151283	0,539	0,871056477	10
optimal_loci_264147_G	1359	5,849795	24,36	9509	47,53	2	0,74573517	0,277	0,872508709	12
optimal_loci_264164_G	1125	6,151357	10,31	2001	60,71	2	60,3311558	0,543	0,873075769	12
optimal_loci_264190_G	1449	5,830491	0	3714	47,06	3	2,792067067	0,49	0,873732481	11

optimal_loci_264208_G	1226	5,819307	21,13	1001	41,02	3	0,89074764	0,312	0,874289241	11
optimal_loci_264245_G	2112	2,981373	14,54	1001	54,21	1	1,906623409	0,554	0,876618069	11
optimal_loci_261246_G	1595	2,981373	0	2001	42,82	1	1,906623409	0,182	0,876684555	11
optimal_loci_264298_G	2072	2,266942	0	2001	48,4	4	5,586342105	0,426	0,87919981	7
optimal_loci_264299_G	1157	2,266942	2,42	2330	56,69	4	7,503797887	0,524	0,879352096	7
optimal_loci_264301_G	1162	2,266942	2,75	1001	48,88	4	166,0459588	0,359	0,879376452	7
optimal_loci_264302_G	2122	2,266942	0	5324	51,36	3	221,3946118	0,468	0,879490757	7
optimal_loci_264305_G	1168	2,266942	0	2106	53,33	2	328,6700537	0,516	0,879527268	7
optimal_loci_264359_G	1247	1,179196	15,8	6855	39,05	1	21,6760173	0,093	0,883949165	5
optimal_loci_264423_G	1634	2,158553	0	2001	51,95	4	0,801956317	0,502	0,88648174	6
optimal_loci_264447_G	1647	2,654628	10,99	3507	48,14	2	13,44540222	0,408	0,887699875	6
optimal_loci_264449_G	1066	2,654628	13,7	6285	53,93	2	13,44540222	0,599	0,887724187	6
optimal_loci_264454_G	1686	2,327533	0	2946	50,47	1	2,626717171	0,558	0,887933972	6
optimal_loci_264497_G	1851	2,2635	4,81	6256	43,38	2	16,40960843	0,272	0,890467903	6
optimal_loci_264575_G	1423	1,052086	4,36	2001	37,59	1	2,635697938	0,26	0,894391737	6
optimal_loci_264584_G	1075	0,835847	3,81	6805	51,44	3	0,113572803	0,559	0,894871238	6
optimal_loci_264594_G	1791	0,841196	8,38	2001	51,31	4	29,98241156	0,557	0,895195546	7
optimal_loci_264597_G	1140	0,841196	16,67	6268	34,47	3	39,86297595	0,098	0,895232889	7
optimal_loci_264619_G	1144	3,078728	23,69	13922	32,43	1	17,96697781	0,055	0,897472853	11
optimal_loci_264641_G	1560	3,163901	25,58	1929	35,12	2	118,1692065	0,072	0,899140393	12
optimal_loci_264643_G	1932	3,650724	3,05	1120	40,57	2	118,1692065	0,202	0,899266512	11
optimal_loci_264654_G	1084	3,953259	0	1001	42,25	3	2,28781883	0,212	0,899811422	13
optimal_loci_264693_G	1523	4,001453	0	1001	39,65	3	159,0485327	0,307	0,901076843	13
optimal_loci_264694_G	1035	4,001453	2,8	1001	58,45	3	159,0485327	0,542	0,901169129	13
optimal_loci_264700_G	1097	4,001453	0	11456	41,84	3	2,313359257	0,393	0,901260627	13
optimal_loci_264137_G	1067	4,305873	35,61	4642	40,39	2	9,46289201	0,497	0,903111153	12
optimal_loci_264752_G	1675	4,522855	14,27	8550	50,8	3	26,58315531	0,56	0,903467816	12
optimal_loci_264766_G	1475	4,662529	1,9	4216	53,22	4	3,969860104	0,378	0,904025626	10
optimal_loci_264767_G	1741	4,669733	2,13	5724	51,92	4	3,969860104	0,388	0,904038823	10
optimal_loci_264770_G	1038	4,677509	16,96	6136	41,23	4	3,969860104	0,039	0,904063844	10
optimal_loci_264775_G	1920	4,666921	3,28	1036	47,23	4	3,969860104	0,324	0,904100759	10
optimal_loci_264842_G	1349	3,637391	0	2071	42,55	2	111,0105346	0,198	0,909007381	8
optimal_loci_264909_G	2466	3,835009	7,79	8564	37,18	1	0,648009224	0,119	0,912219368	10
optimal_loci_264911_G	1068	3,835009	3,18	6779	54,96	1	0,648009224	0,566	0,912247225	10
optimal_loci_264921_G	1189	1835009	9,34	4953	41,37	1	0,648009224	0,193	0,912365599	10

optimal_loci_264922_G	2096	3,835009	2,81	6175	44,22	1	0,648009224	0,514	0,912376293	10
optimal_loci_264925_G	2534	3,835009	0	9914	44,83	1	0,648009224	0,212	0,912409015	10
optimal_loci_264443_G	1152	1835009	20,92	3060	50,86	2	0,205345835	0,539	0,913243087	10
optimal_loci_264444_G	2446	1835009	1,19	1146	49,3	2	0,205345835	0,36	0,913254718	10
optimal_loci_264962_G	1596	3,468197	29,14	6351	37,59	1	1,986233282	0,245	0,914112016	9
optimal_loci_264994_G	1152	2,700604	0	1186	51,99	2	3,030385497	0,431	0,915785437	15
optimal_loci_265072_G	1465	1251914	5,26	17377	58,02	1	2,888951314	0,526	0,919698559	13
optimal_loci_265074_G	2343	3,251377	6,15	4371	46,64	1	2,888951314	0,405	0,919804699	13
optimal_loci_265081_G	1243	5,647435	0	9936	46,17	3	13,54661381	0,389	0,919967811	13
optimal_loci_265082_G	1547	5,647435	17	11578	43,89	3	13,54661381	0,304	0,919982181	13
optimal_loci_265088_G	3896	5,647435	2,72	4515	52,82	3	13,54661381	0,528	0,920025449	13
optimal_loci_265089_G	1761	5,647435	8,92	2640	44,86	2	18,87544505	0,359	0,920060543	13
optimal_loci_265104_G	1592	4,751124	3,52	2743	37,75	2	16,74602623	0,12	0,920726112	12
optimal_loci_265119_G	1174	4,054249	0	2001	59,28	5	54,48324687	0,498	0,921670086	17
optimal_loci_265120_G	1137	4,054249	24,8	1001	30,95	6	53,81427361	0,093	0,921771184	17
optimal_loci_265141_G	1040	3,514376	0	2001	50,57	2	11,1792192	0,473	0,922827354	17
optimal_loci_265142_G	1205	3,514376	0	3174	44,48	2	11,1792192	0,1	0,92283762	17
optimal_loci_265149_G	1655	3,27518	0	3306	49,66	2	5,619619577	0,334	0,923080372	17
optimal_loci_265207_G	1238	2,590308	9,13	2965	41,92	1	66,64812137	0,154	0,925555772	12
optimal_loci_265208_G	1058	2,590308	0	4345	40,26	1	66,64812137	0,132	0,925567849	12
optimal_loci_265209_G	1652	2,590308	33,78	14925	38,19	2	40,42752748	0,307	0,925660441	12
optimal_loci_265213_G	2056	2,590308	1,36	13449	51,75	2	40,42752748	0,558	0,925691133	12
optimal_loci_265222_G	2277	2,45454	7,6	3305	47,73	2	9,865621571	0,268	0,925874085	12
optimal_loci_265262_G	2265	0,967631	15,94	1001	41,1	3	18,88980502	0,323	0,928446821	9
optimal_loci_265274_G	1327	1,151059	0	2274	39,03	1	50,74281391	0,071	0,929014336	9
optimal_loci_265321_G	1137	2,689425	38,96	2880	31,66	3	13,31798612	0,164	0,931171537	6
optimal_loci_265326_G	1483	2,714183	0	2646	37,69	3	13,31798612	0,184	0,931241943	6
optimal_loci_265384_G	1973	2,294104	1,88	2509	42,16	4	0,989240097	0,244	0,933478862	5
optimal_loci_265388_G	3366	2,294104	1,31	2001	47,89	4	0,989240097	0,454	0,933518726	5
optimal_loci_265429_G	1256	2,372136	29,62	2011	37,89	1	4122679499	0,279	0,935633183	4
optimal_loci_265520_G	1108	0,416778	23,83	12825	32,03	1	5,034416614	0,13	0,940009799	8
optimal_loci_265541_G	1076	0,820905	0	2001	40,33	3	21,38089218	0,126	0,94181473	7
optimal_loci_265542_G	2235	0,820905	0	3354	40,22	3	21,38089218	0,16	0,941826571	7
optimal_loci_265547_G	2381	0,922292	0	8306	40,1	4	16,03566913	0,193	0,941869909	7
optimal_loci_265549_G	1270	0,922292	0	11367	36,77	3	21,38089218	0,115	0,941896698	7

optimal_loci_265551_G	3547	0,922292	30,79	9252	43,67	3	21,38089218	0,328	0,941910578	7
optimal_loci_265589_G	1243	1,249141	24,22	1001	34,91	2	0,344541071	0,026	0,94347764	9
optimal_loci_265628_G	1790	6,434471	0	4879	46,08	5	14,07635451	0,397	0,946603792	8
optimal_loci_265630_G	1375	6,434471	15,2	2925	50,9	4	13,05511082	0,5	0,946626362	8
optimal_loci_265643_G	1234	6,627606	3,4	1746	49,35	3	8,266798619	0,4	0,947981951	7
optimal_loci_265658_G	1263	6,627606	0	2281	36,57	3	8,266798619	0,117	0,948062019	7
optimal_loci_265679_G	2484	6,523378	16,18	3717	38,44	2	57,81222199	0,21	0,949041866	7
optimal_loci_265698_G	2454	5,890966	8,27	11498	47,14	2	1,830246015	0,39	0,949654225	9
optimal_loci_265700_G	1589	5,890966	16,61	11500	51,29	3	23,48310845	0,408	0,949683333	9
optimal_loci_265765_G	1121	5,367164	0	3934	41,57	2	2,019315249	0,411	0,953726285	6
optimal_loci_265771_G	1007	3,97901	32,77	6558	38,23	2	2,019315249	0,172	0,953940096	6
optimal_loci_265834_G	1300	3,236379	2,15	9560	41,61	4	48,30727254	0,265	0,955811285	5
optimal_loci_265861_G	2192	3,629085	11,5	19921	44,34	1	6,326089554	0,324	0,957443319	7
optimal_loci_265902_G	1055	3,760717	25,02	4010	42,74	2	12,52405007	0,311	0,959771981	6
optimal_loci_265963_G	1226	4,352868	0	4400	46	3	1,914628548	0,341	0,961554963	11
optimal_loci_265967_G	1062	4,352868	9,13	18342	38,88	2	0,234740896	0,349	0,961676978	11
optimal_loci_265989_G	1494	4,911706	4,95	6333	43,9	1	4,693740998	0,304	0,962161327	12
optimal_loci_266046_G	1215	5,326514	12,1	1989	34,56	5	74,2002709	0,075	0,964596688	17
optimal_loci_266047_G	1800	5,326514	0	3695	38,66	6	61,84795667	0,116	0,964612389	17
optimal_loci_266057_G	1170	5,326514	0	2729	41,7	5	18,40182427	0,302	0,964834688	17
optimal_loci_266066_G	1349	4,796694	2,15	14924	45,21	2	28,98807271	0,319	0,965265101	17
optimal_loci_266070_G	1193	4,796694	0	7957	37,88	2	20,20635757	0,185	0,965370304	17
optimal_loci_266088_G	1679	4,95969	7,27	13229	47,88	1	86,06076932	0,297	0,965867141	17
optimal_loci_266104_G	1006	5,247984	21,47	7765	44,53	1	86,06076932	0,287	0,966086745	15
optimal_loci_266113_G	1487	5,247984	13,18	7332	37,05	2	71,5752131	0,234	0,966322251	15
optimal_loci_266128_G	1185	5,51557	30,04	1326	43,79	3	47,71680873	0,338	0,966573019	14
optimal_loci_266130_G	1400	5,51557	0	7704	57,85	3	9,257498067	0,716	0,966751123	14
optimal_loci_266135_G	2443	5,131372	5,94	3072	34,83	1	0,136418184	0,011	0,967351614	18
optimal_loci_266136_G	1106	5,131372	0	1717	31,64	1	0,136418184	0,079	0,967375174	18
optimal_loci_266142_G	1791	5,131372	0	11070	33,94	2	0068209092	0,042	0,967554827	18
optimal_loci_266169_G	1287	5,011301	0	1784	39,93	3	5,26633022	0,277	0,968966461	18
optimal_loci_266215_G	1419	3,376544	10,29	14097	44,32	1	11,17313565	0,314	0,971173449	10
optimal_loci_266226_G	1071	3,376544	2,8	3030	46,49	1	11,17313565	0,266	0,971273348	10
optimal_loci_266233_G	1398	3,376544	0	6203	51,64	1	20,55354298	0,66	0,971633766	10
optimal_loci_265241_G	1278	3,62747	0	11978	40,53	1	20,55354298	0,251	0,971684306	10

optimal_loci_266330_G	1650	4,625347	0	1001	54,78	2	26,84529503	0,561	0,973543278	6
optimal_loci_266332_G	2105	4,625347	0	1785	54,63	2	26,84529503	0,652	0,97360755	7
optimal_loci_266442_G	1950	4,626778	1,88	17431	49,28	1	37,3776486	0,419	0,977970155	7
optimal_loci_266454_G	1242	4,712182	0	1381	27,45	3	17,98974153	0	0,978215226	6
optimal_loci_266456_G	1234	4,827894	0	2449	50	3	20,21043614	0,691	0,978703452	6
optimal_loci_266475_G	1091	4,7418	17,14	10867	41,7	1	32,53922849	0,08	0,979442262	7
optimal_loci_266481_G	1875	4,7418	18,61	1672	39,68	1	40,94407602	0,155	0,979646306	7
optimal_loci_266506_G	1218	3,406342	24,63	10215	48,35	4	56,40949982	0,561	0,980610698	7
optimal_loci_266553_G	1958	3,610737	14,2	11421	41,98	1	17,79476093	0,281	0,983513736	5
optimal_loci_266608_G	1442	2,759269	0	5027	39,66	2	4,615603076	0,316	0,98602416	3
optimal_loci_266674_G	1065	4,681642	0	1001	34,64	2	14,62954822	0,131	0,98924819	2
optimal_loci_266867_G	1853	0,362238	0	6643	32,54	2	0,008166354	0,131	0,998372347	2
optimal_loci_266908_G	1072	0,88141	0	2617	44,12	2	23,01877478	0,341	0,991880531	5
optimal_loci_266996_G	1857	1,662198	10,99	17075	42	1	7,21081894	0,282	0,985957408	5
optimal_loci_267002_G	1184	1,662198	0	8285	37,5	1	7,21081894	0,195	0,98577802	5
optimal_loci_267028_G	1050	1,919515	21,71	1001	32,28	3	101,2828489	0,19	0,982789776	6
optimal_loci_2670816	1500	3,974415	9,87	16870	48	1	38,8062349	0,512	0,977322408	5
optimal_loci_267113_G	1954	3,622448	2	11530	42,42	1	17,98687008	0,263	0,972831429	3
optimal_loci_267153_G	1338	2,385767	29,37	1433	34,6	3	40,86000265	0,141	0,962546796	1
optimal_loci_267263_G	2950	1,543136	20,78	6478	41,62	1	20,23797573	0,26	0,950683306	1
optimal_loci_267433_G	1094	3,604062	0	8907	39,12	2	8,159173327	0,475	0,932986898	2
optimal_loci_267464_G	1198	3,457393	0	2156	38,23	2	0,212118514	0,318	0,928738102	4
optimal_loci_267530_G	1010	4,84612	15,45	7907	28,81	1	2,439006962	0,086	0,920900816	6
optimal_loci_267534_G	1163	4,84612	12,9	4797	38	1	2,439006962	0,094	0,920837347	6
optimal_loci_267571_G	1190	5,03074	0	15042	41	1	11,76088677	0,263	0,915765694	9
optimal_loci_267584_G	1236	5,156983	2,59	2001	51,77	2	35,21073747	0,581	0,913142531	9
optimal_loci_267599_G	2098	5,408323	0	2300	40,46	3	16,45848332	0,113	0,911120551	10
optimal_loci_267618_G	2478	5,525243	3,75	18204	37,89	1	32,63216243	0,186	0,909920408	8
optimal_loci_267634_G	1210	5,912941	29,75	3122	40,74	2	1,944132251	0,223	0,908621061	8
optimal_loci_267652_G	1281	6,539787	0	2208	36,22	2	5,379617523	0,188	0,90613202	8
optimal_loci_261661_G	1301	6184767	39,44	3656	49,19	2	5,379617523	0,424	0,905620122	8
optimal_loci_267690_G	1801	5,414962	11,44	2455	50,63	3	6,299829196	0,397	0,902192163	6
optimal_loci_268075_G	1623	4,293766	8,87	7617	50,46	1	0,683590267	0,292	0,856563918	5
optimal_loci_268082_G	1156	4,293766	36,42	2665	38,14	1	0,683590267	0,213	0,856462857	5
optimal_loci_268143_G	1662	4,645985	11,01	4159	37,54	1	0,186657782	0,075	0,851110612	7

optimal_loci_268153_G	1050	4,55827	2,67	7304	38,47	1	0,186657782	0,05	0,850814449	7
optimal_loci_268200_G	1098	2,928632	1184	2097	34,15	1	15,14485043	0,054	0,846654898	8
optimal_loci_268260_G	1294	1,897084	0	1838	43,19	4	3,454476312	0,14	0,841936673	6
optimal_loci_268269_G	1447	1,816463	8,29	4237	37,04	3	2,498539321	0,148	0,841347286	6
optimal_loci_268316_G	1013	4,502034	29,42	1771	37,61	1	19,67124	0,269	0,837042408	6
optimal_loci_268403_G	1465	5,722672	0	15389	35,76	1	1,702619888	0,274	0,828557327	3
optimal_loci_268404_G	1213	5,722672	0	13205	37,34	1	1,702619888	0,088	0,828512755	3
optimal_loci_268578_G	1429	0,58899	36,74	1001	28,97	4	1,262781928	0,081	0,811002653	1
optimal_loci_268682_G	1528	1,417943	0	6393	34,94	3	8,351383263	0,141	0,797694857	4
optimal_loci_268745_G	1386	1,364657	25,11	5842	37,95	2	27,77809233	0,146	0,793239612	4
optimal_loci_268748_G	1374	1,364657	0	2159	42,13	2	27,77809233	0,408	0,789894796	4
optimal_loci_268771_G	1188	1,525119	2,36	6754	34,17	1	14,97747539	0,167	0,788050327	7
optimal_loci_268875_G	1050	2,077889	0	6800	38,95	1	6,13861359	0,188	0,779537959	5
optimal_loci_268882_G	1617	3,117191	2,64	1001	47,68	3	15,66847865	0,328	0,778210592	5
optimal_loci_268883_G	1068	3,117191	0	2001	46,34	3	15,66847865	0,469	0,778185592	5
optimal_loci_268912_G	1168	4,113992	0	13484	46,31	1	46,94435784	0,45	0,775402653	4
optimal_loci_269090_G	1179	2,075402	3,56	1455	49,61	1	19,88319445	0,493	0,759114837	3
optimal_loci_269092_G	2081	1,408087	1,73	3675	54,15	1	19,88319445	0,655	0,759051122	3
optimal_loci_269118_G	1466	2,040464	1,91	1003	56,68	3	7,493550616	0,495	0,756651163	3
optimal_loci_269226_G	1696	3,855414	37,21	5100	42,09	1	2,358096668	0,268	0,742761714	3
optimal_loci_269307_G	2321	7,088075	2,41	7840	47,13	2	32,7709333	0,385	0,736448857	7
optimal_loci_269335_G	1318	8,487712	3209	9287	44,91	1	60,25245486	0,417	0,734658061	9
optimal_loci_269371_G	2160	8,871985	0	3353	58,05	1	1,194316046	0,588	0,730285653	10
optimal_loci_269387_G	1471	6,85243	9,11	1001	50,64	2	0,695240429	0,541	0,72870849	10
optimal_loci_269389_G	1322	6,85243	0	2962	49,77	2	0,695240429	0,401	0,72867151	10
optimal_loci_269395_G	1701	6,785015	0	17126	45,79	1	1,373872349	0,293	0,128374714	10
optimal_loci_269424_G	1532	6,03504	0	3262	51,63	3	0,948099943	0,473	0,725844429	9
optimal_loci_269428_G	1028	5,449533	27,63	2377	44,16	3	0,948099943	0,152	0,725602755	9
optimal_loci_269452_G	1040	5,299934	0	1118	40,86	2	27,70044183	0,244	0,722146449	8
optimal_loci_269454_G	1012	5,299934	0	11527	38,04	1	3,052783993	0	0,721769592	8
optimal_loci_269644_G	1158	0,990087	0	14968	34,28	2	8,356432235	0,064	0,694845735	1
optimal_loci_269821_G	1371	3,344237	1692	6994	47,26	2	0,45345545	0,384	0,666419122	6
optimal_loci_269931_G	1195	3,604313	3983	2523	39,33	3	8,189210842	0,269	0,658385122	6
optimal_loci_269942_G	1113	3,540368	0	1638	40,43	3	3,657898351	0,314	0,657630449	6
optimal_loci_269959_G	1243	3,476328	11,42	15390	37,48	1	4,92527703	0,216	0,656418959	6

optimal_loci_269960_G	1025	3,476328	0	12524	25,17	1	4,92527703	0,119	0,656360469	6
optimal_loci_269962_G	1209	3,476328	13,07	10067	37,63	1	4,92527703	0,287	0,656310327	6
optimal_loci_270093_G	1918	2,638491	30,76	1393	35,71	2	6,421003684	0,123	0,639411429	2
optimal_loci_270127_G	1231	1,701088	0	10450	60,68	1	21,23779007	0,708	0,633002429	6
optimal_loci_270161_G	1235	1,697198	0	4296	40,08	2	12,0156428	0,097	0,628422837	5
optimal_loci_270183_G	1187	1,697198	0	2748	37,32	3	8,939836293	0,228	0,625398898	5
optimal_loci_270191_G	1327	1,702848	0	2001	45,29	4	48,01830865	0,541	0,623830388	5
optimal_loci_270193_G	1472	1,702848	12,3	3696	47,07	4	48,01830865	0,217	0,62377451	5
optimal_loci_270318_G	1277	0,0978	2,43	2562	34,84	2	1,903183613	0,131	0,609825306	2
optimal_loci_270319_G	1528	0,0978	5,24	1001	39,79	2	1,903183613	0,117	0,609793449	2
optimal_loci_270453_G	2605	1,326868	2	3239	56,77	2	1,01938037	0,553	0,595284857	2
optimal_loci_270455_G	1047	1,326868	0	2001	53,77	1	51,09027802	0,409	0,594767061	2
optimal_loci_270540_G	2552	1,775215	1,21	6652	58,5	3	9,785157012	0,797	0581045102	6
optimal_loci_270586_G	1232	1,620883	0	2630	42,77	3	6,154228265	0,282	0578049102	6
optimal_loci_270588_G	1816	1,620833	38,6	2357	34,03	4	11,78365912	0,219	0,577903653	6
optimal_loci_270614_G	1036	1,00276	0	14037	43,43	1	8,533128255	0,188	0575231918	6
optimal_loci_270617_G	1951	1,00276	35,11	8599	51,2	1	8,533128255	0,489	0,575120939	6
optimal_loci_270648_G	1143	0,861921	0	4280	54,76	2	19,58214306	0,489	0572324082	6
optimal_loci_270806_G	1357	L566932	39,94	5768	39,42	3	35,3917928	0,191	0,554286122	2
optimal_loci_270813_G	1185	1,566932	7,43	1999	52,99	5	8,260391208	0,565	0,553793245	2
optimal_loci_270964_G	1694	1,228814	0	17023	48,22	1	12,2216317	0,29	0,534730714	2
optimal_loci_270967_G	1765	1,287103	0	2676	39,26	3	5,334833815	0,233	0,534066551	2
optimal_loci_271142_G	1338	0,256029	0	2933	55,15	1	1,441806411	0,588	0510322714	2
optimal_loci_271143_G	1007	0,256029	0	4341	36,64	1	1,441806411	0,112	0510300735	2
optimal_loci_271427_G	1337	0,190844	2,09	2527	47,79	1	6,228121554	0,566	0,467302327	3
optimal_loci_271429_G	1515	0,190844	0	4329	49,5	1	6,228121554	0,387	0,467261918	3
optimal_loci_271470_G	1413	0,190054	0	1341	46,14	1	2,62846104	0,36	0,462183694	5
optimal_loci_271544_G	1047	0,194034	28,65	8169	35,33	2	12,89989852	0,079	0,45439251	3
optimal_loci_271566_G	2730	0,194034	15,24	9722	36,92	2	12,89989852	0,239	0,45373251	3
optimal_loci_271925_G	1172	0,274684	0	2594	38,48	3	175,5295341	0,223	0393387286	4
optimal_loci_271933_G	1697	0,274684	7,84	1001	35,88	3	175,5295341	0,1	0,393139592	4
optimal_loci_271941_G	1521	0,246256	6,51	5222	39,05	2	0,122464927	0,127	0391393633	4
optimal_loci_271952_G	1063	0,185326	0	4572	52,21	5	3,161612512	0,455	0,389508796	4
optimal_loci_272676_G	1453	0,044049	14,04	2383	37,5	1	4,338804611	0,205	0,302145673	2
optimal_loci_272772_G	1237	0,027479	1E09	11338	42,19	2	1,28621299	0,294	0,292089959	2

optimal_loci_274354_G	1065	0,843707	27,79	3171	37,65	1	49,51442783	0	0,076372	1
optimal_loci_277835_G	1112	0,012239	3,78	1001	48,38	2	9,987865596	0,502	0,168025857	4
optimal_loci_277848_G	1002	0,054227	5,49	3548	34,33	1	0,192675565	0,125	0,168971218	4
optimal_loci_277850_G	1068	0,054227	4,4	1001	5692	1	0,192675565	0,534	0,168991163	4
optimal_loci_217874_G	1680	0,177696	8,21	7886	46,6	2	8,242179455	0,454	0,171704016	4
optimal_loci_278057_G	1955	0,394799	13,76	5337	43,73	3	12,01587433	0,469	0,17964927	2
optimal_loci_278096_G	2749	0,084588	4,07	1001	42,08	4	1,784685364	0,258	0,182800361	2
optimal_loci_278641_G	1323	0,068743	13,23	1813	39,75	1	4,20098825	0,119	0,216692302	1
optimal_loci_278767_G	1024	0,034465	4,59	15296	41,4	2	106,6647028	0,355	0,22231555	2
optimal_loci_278782_G	1298	0,034465	12,25	2973	40,67	3	0,704362835	0,098	0,222930509	2
optimal_loci_280543_G	1000	0,213371	22,2	1001	37,2	1	20,57704449	0,162	0,313708954	3
optimal_loci_280584_G	1182	0,366369	0	2501	36,97	1	10,56120766	0,17	0,314917222	4
optimal_loci_280614_G	1273	0,422272	4,32	15026	41,94	1	141,9498356	0,335	0,316098021	4
optimal_loci_280655_G	1751	0,435001	0	4301	41,46	1	45,63221637	0,128	0,318568828	3
optimal_loci_280754_G	1208	0,443978	3,39	8493	42,3	1	58,04663111	0,28	0,323220894	1
optimal_loci_281185_G	1964	0,210124	18,79	1001	37,52	4	2,024380477	0,187	0,34489953	2
optimal_loci_281269_G	1493	0,300364	2,55	7575	42,73	1	60,2177995	0,299	0,348133904	2
optimal_loci_281441_G	1774	0,962341	0	3313	4509	1	9,285652493	0,409	0,356790697	3
optimal_loci_281471_G	1125	0,922731	33,78	5797	43,55	1	67,75519299	0,354	0,358903359	3
optimal_loci_281475_G	1011	0,922737	0	2999	41,04	1	67,75519299	0,211	0,358926769	3
optimal_loci_282320_G	1065	1,304454	15,21	2539	36,33	1	3,08188714	0,111	0,396808259	6
optimal_loci_282323_G	1195	1,304454	0	5272	56,06	1	3,08188714	0,667	0,39683023	6
optimal_loci_282339_G	1268	1,381369	10,8	6188	41	2	13,7694667	0,367	0,398335892	6
optimal_loci_282341_G	1306	1,381369	0	1001	39,12	2	13,7694667	0,135	0,398377285	6
optimal_loci_282386_G	1636	1,893277	11,86	13168	52,26	2	7,374282878	0,678	0,399992792	6
optimal_loci_282388_G	1144	1,769503	0	1080	36,97	1	14,74856576	0,057	0,40018699	6
optimal_loci_282498_G	1446	1,213471	2,01	3256	52,97	2	6,661225053	0,582	0,404922742	3
optimal_loci_282499_G	1360	1,213477	0	1796	42,94	2	6,667225053	0,423	0,40493517	3
optimal_loci_282509_G	1101	1,215015	0	15543	43,96	1	12,15460606	0,173	0,405616981	3
optimal_loci_282619_G	1098	0,759206	21,68	1001	38,52	1	2,155247639	0,133	0,410039904	5
optimal_loci_282620_G	1133	0,664858	0	1001	38,21	1	5,190053046	0,212	0,410408178	5
optimal_loci_282653_G	1160	0,43392	8,97	1373	39,65	2	11,6857759	0,224	0,412438417	5
optimal_loci_282656_G	1285	0,43392	0	1001	55,48	2	11,6857759	0,515	0,412457284	5
optimal_loci_282661_G	1310	0,43392	0	19722	36,1	1	12,44017959	0,192	0412659392	5
optimal_loci_282821_G	1352	0,09638	2,66	5151	54,58	1	73,11300839	0,434	0,419897778	2

optimal_loci_282853_G	1273	0,06929	24,51	1001	30,08	1	32,8057845	0,165	0,42048255	2
optimal_loci_282945_G	1159	0,227602	0	1001	30,37	2	1,292563237	0,114	0,425015519	4
optimal_loci_282950_G	1283	0,239708	8,26	3860	42,08	2	1,292563237	0,252	0,425053672	4
optimal_loci_282994_G	2919	0,320222	39,05	3306	39,7	2	20,52271421	0,231	0,427753679	5
optimal_loci_282995_G	1734	0,378191	10,21	1001	45,21	2	20,52271421	0,403	0,427842815	5
optimal_loci_283035_G	1527	0,397016	3,27	6445	55,73	1	0,686391753	0,574	0429373953	3
optimal_loci_283161_G	1614	0,316771	0	2146	42,37	1	4,070216057	0,319	0433478001	1
optimal_loci_283454_G	1230	0,751069	0	16323	42,68	1	11,97488986	0,328	0445110417	2
optimal_loci_283492_G	2139	0,157776	33,38	13295	32,91	1	28,37262396	0	0,447839839	2
optimal_loci_283613_G	1124	0,004514	25,18	5043	43,95	2	12,26532046	0,308	0456444804	1
optimal_loci_283802_G	1281	0,004514	0	3807	42,62	1	0,411582228	0,2	0,461585295	3
optimal_loci_283897_G	1205	0,390912	7,8	7728	42,82	2	0,059701066	0,237	0465147886	3
optimal_loci_283898_G	1084	0,390912	0	6379	50,27	2	0,059701066	0,365	0,465159703	3
optimal_loci_284058_G	1185	0,170168	0	2068	35,69	4	12,60574952	0	0,470715577	1
optimal_loci_284165_G	1001	0,031215	5,29	2545	40,05	2	0,0189369	0,183	0,475768491	2
optimal_loci_284217_G	1195	0031618	0	10514	47,36	1	98,45957653	0,289	0,477520942	5
optimal_loci_284284_G	1219	0,042462	18,7	17038	34,12	1	15,8654464	0,193	0,480524139	4
optimal_loci_284287_G	1060	0,042462	0	14628	54,71	1	15,8654464	0,541	0,480544792	4
optimal_loci_284292_G	1302	0,043549	0	1001	38,86	1	15,8654464	0,099	0,480735951	4
optimal_loci_284403_G	1006	0,049064	0	2001	38,66	2	46,9359797	0,084	0,485631486	1
optimal_loci_284615_G	1087	0,034447	0	5295	43,14	1	5,682016343	0,333	0,492655576	6
optimal_loci_284623_G	1576	0,034276	0	2718	33,69	2	18,23962495	0,031	0,492810319	6
optimal_loci_284638_G	1066	0,032596	0	6875	44,27	1	0,358756146	0,359	0,493268059	6
optimal_loci_284639_G	1291	0,032596	0	5501	40,66	1	0,358756146	0,169	0493277295	6
optimal_loci_284667_G	1792	0,020566	0	8352	34,26	1	110,3450396	0,219	0,495356138	6
optimal_loci_284668_G	1831	0,020566	0	10516	43,03	1	110,3450396	0,21	0,495373534	6
optimal_loci_284976_G	2201	0,407066	0	2001	44,84	1	1,344258109	0,229	0,509847636	1
optimal_loci_285246_G	1669	0,068223	15,28	1656	37,02	1	12,20886168	0,104	0,519548621	1
optimal_loci_285395_G	1059	0896434	12,09	3681	33,23	1	0,102252241	0	0,528973114	4
optimal_loci_285452_G	1116	0,755051	38,17	2949	35,93	3	0,33728496	0,11	0,530979187	4
optimal_loci_285467_G	1001	0,579108	0	17623	49,35	4	20,15685173	0,217	0,532116262	5
optimal_loci_285474_G	1136	0,564695	33,36	10738	39,7	1	10,8099515	0,149	0,532535029	5
optimal_loci_285555_G	1669	1,118899	0	2001	45,65	1	7,90917327	0,412	0,535996376	6
optimal_loci_285621_G	1172	1,367322	13,65	2028	53,92	1	4,803638731	0,67	0,53798002	5
optimal_loci_285630_G	1253	1,317271	3,51	7615	36,31	2	3,563789243	0	0,538495175	6

optimal_loci_285639_G	3271	1,394503	2,26	18791	46,77	1	7,127578486	0,416	0,538783646	6
optimal_loci_285689_G	1106	0,991013	6,69	18624	54,33	1	31,55014255	0,522	0,541880152	6
optimal_loci_285693_G	1545	0,862974	37,28	2192	35,72	2	4,448647906	0,119	0,542120349	5
optimal_loci_285772_G	1666	0,041794	14,17	9602	44,17	4	3,021940318	0,269	0,545485927	7
optimal_loci_285800_G	1019	0,063301	0	3030	57,99	2	174,4947999	0,52	0,546483236	5
optimal_loci_285825_G	1199	0,522924	35,77	2001	38,63	2	1,379668468	0,117	0,548148722	6
optimal_loci_285863_G	1218	0,55711	15,19	2582	41,54	2	19,90196699	0,292	0,549451753	8
optimal_loci_285865_G	2136	0,55711	0	4811	37,59	2	19,90196699	0,147	0,549469672	8
optimal_loci_285907_G	1152	0,773467	0	3074	47,13	2	151,3101745	0,466	0,550657779	6
optimal_loci_285965_G	1241	0,396476	19,82	2990	40,69	2	0,525620286	0,291	0,552641857	5
optimal_loci_285972_G	1320	0,396476	0	5520	47,12	3	0,354326552	0,291	0,552728791	5
optimal_loci_286229_G	1046	0,124091	0	5692	54,3	1	1,0634222	0,687	0,565866644	1
optimal_loci_286381_G	1006	0,142666	0	2349	48,21	2	4,489570617	0,353	0,574857087	3
optimal_loci_286489_G	1752	0,023571	0	13746	31,33	2	0,238244552	0,188	0,578060938	5
optimal_loci_286490_G	2850	0,023571	0	10699	32,14	2	0,238244552	0,091	0,578076606	5
optimal_loci_286525_G	1535	0,023571	30,23	2690	36,35	1	32,14433632	0,287	0,579397452	6
optimal_loci_286536_G	1229	0,023571	0	17844	45,48	1	1,76234819	0,304	0,579861173	6
optimal_loci_286582_G	1087	0,567314	13,25	2027	45,81	1	5,942335878	0,154	0,582131239	5
optimal_loci_286631_G	1136	0,577352	0	1001	57,74	3	3,319121686	0,552	0,582936609	6
optimal_loci_286771_G	1961	0,566926	16,93	2593	39,52	1	4,483924173	0,187	0,585960177	6
optimal_loci_286781_G	1111	0,559487	0	3642	55,98	1	2,472357099	0,654	0,586548044	5
optimal_loci_286790_G	1049	0,55713	33,46	6673	35,17	2	6,422887686	0,12	0,587470252	4
optimal_loci_286794_G	1383	0,55713	11,93	2225	32,97	1	12,84577537	0,14	0,5875889	4
optimal_loci_286886_G	1366	0,007045	2,12	1001	47,51	2	0,020236907	0,255	0,593230397	3
optimal_loci_286900_G	1178	0,007045	33,36	6301	29,71	1	7,187695509	0,041	0,594761599	3
optimal_loci_286901_G	3222	0,007045	37,12	3046	29,01	1	7,187695509	0,131	0,594771334	3
optimal_loci_287165_G	1302	0,106063	0	1773	37,94	1	14,84998821	0,191	0,60863088	1
optimal_loci_287666_G	1195	0,074725	5,19	15569	33,72	1	9,070756663	0,143	0,630029558	3
optimal_loci_287671_G	1175	0,074725	32,09	12215	44,42	1	9,070756663	0,111	0,630056682	3
optimal_loci_287717_G	1463	0,075836	31,1	2300	44,97	2	12,38904672	0,53	0,631496464	3
optimal_loci_287841_G	1101	0,197687	0	2488	41,32	2	4,408607828	0,327	0,635928439	3
optimal_loci_287878_G	1383	0,25768	0	5033	39,84	1	30,18087186	0,137	0,637782166	7
optimal_loci_287880_G	1305	0,25768	2,91	7916	42,98	1	30,18087186	0,303	0,637805342	7
optimal_loci_287953_G	1123	0,388035	28,14	3017	29,38	2	8,677094776	0,166	0,64084252	6
optimal_loci_287965_G	1007	0,388035	16,39	2139	47,56	2	2,918438086	0,371	0,641283185	6

optimal_loci_287972_G	1020	0,391697	32,45	3222	41,47	3	0,047995127	0,259	0,641604713	6
optimal_loci_287987_G	1069	0,378397	29,47	4816	36,38	4	0,035996346	0,096	0,64176509	6
optimal_loci_288074_G	1619	0,334234	3,83	2608	45,21	4	5,893194419	0,259	0,646161187	2
optimal_loci_288077_G	1061	0,311806	27,8	2279	36,56	3	7,857592558	0,217	0,64638369	2
optimal_loci_288388_G	1040	0,659341	36,25	12598	46,34	1	1,014473783	0,354	0,658316323	3
optimal_loci_288391_G	1247	0,659341	22,21	14283	40,89	1	1,014473783	0,275	0,658329868	3
optimal_loci_288425_G	1113	0,865829	3,41	9159	39,17	3	49,21351536	0,302	0,659644195	3
optimal_loci_288522_G	1212	1,383259	6,19	5826	39,43	3	0,855749646	0,066	0,664008385	1
optimal_loci_289201_G	1443	0,356801	0	1437	44	4	9,920112359	0,31	0,70141494	3
optimal_loci_289203_G	1242	0,356801	0	2812	39,77	4	9,920112359	0,258	0,701430278	3
optimal_loci_289301_G	1952	0,725929	21,93	2001	44,05	1	5,499233704	0,288	0,705025692	3
optimal_loci_289802_G	1317	0,608453	33,26	5498	39,25	2	16,35108464	0,231	0,727684353	5
optimal_loci_289879_G	1322	0,967038	0	3591	35,4	1	22,20324097	0,133	0,730757779	6
optimal_loci_289908_G	1309	1,112916	0	8613	47,13	2	0,235153526	0,396	0,731181023	6
optimal_loci_289913_G	2046	1,112916	1,86	3107	43,64	1	0,470307052	0,272	0,731219361	6
optimal_loci_289919_G	1805	0,484372	22,22	5405	39,55	1	0,470307052	0,148	0,131361386	6
optimal_loci_289955_G	1204	0,52756	33,64	5065	32,55	1	0,017815614	0,219	0,732112292	5
optimal_loci_290360_G	1355	0,195889	0	10995	43,02	2	5,768065735	0,42	0,750176325	3
optimal_loci_290371_G	1514	0,343589	0	1001	43,85	1	0,308259294	0,316	0,750255389	3
optimal_loci_290466_G	1482	0,778839	0	1001	54,72	4	9,024824696	0,649	0,754003824	6
optimal_loci_290491_G	1351	0,806529	24,2	11044	39,08	2	18,21142326	0,044	0,754401232	4
optimal_loci_290498_G	1041	0,820782	0	9453	49,66	1	6,653205347	0,437	0,754800343	4
optimal_loci_290508_G	1225	0,932607	11,92	14724	33,95	1	0,047888079	0,165	0,755415648	5
optimal_loci_290611_G	2232	1,252005	6,41	3250	50,44	2	15,84337594	0,525	0,759292643	8
optimal_loci_290640_G	1109	1,110292	19,12	10168	55,81	1	2,386058817	0,573	0,760083414	7
optimal_loci_290654_G	1830	1,124898	0	1261	43,82	2	3,898681594	0,434	0,760293746	7
optimal_loci_290661_G	2116	1,171806	5,91	12066	34,12	1	22,04087152	0,009	0,760612227	8
optimal_loci_290662_G	1705	1,186038	3,64	10233	52,9	2	31,05019761	0,645	0,760630266	8
optimal_loci_290664_G	1456	1,186038	32,83	8164	40,38	2	31,05019761	0,245	0,7606489	8
optimal_loci_290689_G	1182	1,836717	6,01	4810	46,1	2	0,075034726	0,312	0,761767767	9
optimal_loci_290732_G	1151	1,606537	0	2001	45,35	4	9,892609434	0,303	0,764330548	6
optimal_loci_290742_G	2124	1,619961	6,21	3866	42,65	2	5,499619784	0,292	0,764864031	3
optimal_loci_290841_G	1328	0,06116	5,87	2001	53,61	1	2,039268407	0,627	0,76925225	1
optimal_loci_290967_G	1004	0,444539	0	1001	47,41	4	23,47764534	0,54	0,774246946	1
optimal_loci_291057_G	1197	0,842287	0	8187	35	2	36,7182114	0,177	0,778580009	2

optimal_loci_291068_G	2380	0,842287	18,91	4243	39,15	2	36,7182114	0,145	0,778797962	2
optimal_loci_291264_G	1029	0,775121	20,99	18944	49,95	1	8,239997994	0,241	0,785634511	7
optimal_loci_291274_G	1299	0,767337	39,49	3109	36,25	2	5,741206236	0,106	0,785759638	7
optimal_loci_291315_G	1060	0,735601	0	18491	31,5	2	1,461859755	0,105	0,788182589	7
optimal_loci_291317_G	2499	0,735601	0	34809	38,09	1	14,92371951	0,115	0,788313769	7
optimal_loci_291359_G	1409	0,780001	0	6765	42,86	1	28,01250383	0,148	0,789446221	7
optimal_loci_291360_G	1399	0,780001	14,72	4720	52,25	1	28,01250383	0,46	0,789462741	7
optimal_loci_291367_G	1052	0,780001	26,05	3237	36,12	1	28,01250383	0,088	0,789549482	7
optimal_loci_291571_G	1986	1,431105	37,11	17396	30,56	1	11,98324892	0,053	0,796991616	2
optimal_loci_291669_G	1822	2033721	1,65	4056	3014	1	4,318034301	0,192	0,800768252	9
optimal_loci_291724_G	1938	2,696913	18,68	3640	41,58	1	3,906570893	0,276	0,802446303	9
optimal_loci_291727_G	1369	2,696913	4,31	8236	42,8	1	3,906570893	0,179	0,80248325	9
optimal_loci_291731_G	1514	2,974586	0	13529	47,22	1	3,906570893	0,274	0,8025258	10
optimal_loci_291733_G	1243	1974586	0	15567	5309	1	3,906570893	0,445	0,802542184	10
optimal_loci_291738_G	1027	3,111136	0	1812	48,78	2	5,10821811	0,501	0,802814802	10
optimal_loci_291758_G	1033	3,542679	0	2204	50,33	1	4,043800199	0,453	0,803431481	10
optimal_loci_291764_G	1802	3,542679	6,6	6086	58,49	1	4,043800199	0,611	0,803462688	10
optimal_loci_291818_G	2560	3,521852	L43	2700	52,57	1	0,028900943	0,431	0,80542273	9
optimal_loci_291853_G	1567	3,521852	24,12	1419	40,01	1	7,763933339	0,233	0,806516571	7
optimal_loci_291970_G	1073	0,2801	0	11094	38,39	2	0,603514087	0,111	0,814272829	8
optimal_loci_291989_G	1068	0,2801	20,88	1659	38,01	3	48,7848361	0,194	0,814573125	8
optimal_loci_292046_G	1006	0,234705	0	1001	34,99	2	6,866701362	0	0,815905965	9
optimal_loci_292060_G	1960	0,236671	0	4732	48,46	2	3,470798133	0,448	0,816378055	9
optimal_loci_292062_G	1173	0,230649	13,98	3481	48,33	2	3,470798133	0,371	0,816498889	9
optimal_loci_292063_G	1213	0,232358	2,8	2152	41,38	2	3,470798133	0,339	0,816509251	9
optimal_loci_292069_G	1018	1,181734	8,84	2407	49,9	2	15,89586569	0,43	0,816854606	9
optimal_loci_292070_G	1360	1,181734	34,63	1001	41,98	2	15,89586569	0,165	0,81686316	9
optimal_loci_292158_G	1290	1,858621	27,83	1002	40,38	2	0,009583778	0,091	0,819804891	9
optimal_loci_292222_G	1004	1,025133	0	4257	45,51	1	1,851795395	0,342	0,822409579	3
optimal_loci_292223_G	1996	1,025133	11,22	2228	41,38	1	1,851795395	0,255	0,822417916	3
optimal_loci_292356_G	1231	0,780392	4,22	2001	46,06	3	8,943541479	0,304	0,83009773	2
optimal_loci_292438_G	1105	1,34785	0	14242	57,91	1	8,931481352	0,793	0,833203714	3
optimal_loci_292506_G	1026	0,35259	0	2519	36,25	2	0,054629179	0,225	0,837146388	3
optimal_loci_292585_G	1980	0,630302	0	4594	36,31	5	9,23245275	0,23	0,840778113	6
optimal_loci_292650_G	1066	0,760218	38,37	19002	38,08	1	0,823793759	0,337	0,84275765	6

optimal_loci_292665_G	1154	0,760218	17,5	3015	55,63	1	3,574698403	0,654	0,842982983	6
optimal_loci_292667_G	1578	0,762258	8,56	7015	58,49	1	3,574698403	0,648	0,843015139	6
optimal_loci_292684_G	1028	0,788346	0	1152	49,51	2	128,7617555	0,52	0,843854554	6
optimal_loci_292717_G	1377	0,791472	0	3541	43,13	1	0,774277851	0,266	0,846251748	6
optimal_loci_292759_G	1417	1,439505	0	2001	33,73	2	1,486953662	0,106	0,848231944	2
optimal_loci_292873_G	2890	2,939861	21,94	1320	35,46	1	10,23319704	0,211	0,854236674	8
optimal_loci_292888_G	1626	3,099502	5,47	4965	45,14	2	5525162686	0,461	0,85477978	8
optimal_loci_292896_G	1194	3,246784	0	3390	43,71	3	4,940283259	0,509	0,854882318	8
optimal_loci_292933_G	1303	2,249947	39,22	6487	34,68	1	6,716400311	0	0,855946712	8
optimal_loci_292938_G	1610	2,256804	0	1529	39,19	1	6,716400311	0,268	0,856034634	8
optimal_loci_292951_G	1075	2,17716	24,64	2747	33,3	1	20,59103545	0,135	0,856365712	8
optimal_loci_292956_G	1076	1,677454	1,81	2001	41,63	4	35,84786485	0,129	0,85675385	8
optimal_loci_292957_G	1181	1,677454	12,79	2967	38,18	4	35,84786485	0,155	0,856764888	8
optimal_loci_293205_G	1899	3,570491	0	15970	54,81	2	14,99376424	0,761	0,865914262	3
optimal_loci_293228_G	1375	3,325221	0	8524	42,03	1	60,28918545	0,188	0,866963591	3
optimal_loci_293246_G	2239	3,18144	0	2111	40,28	2	0,033029928	0,142	0,867424096	3
optimal_loci_293392_G	1409	1,511465	22,36	2029	37,4	5	1,499082618	0,126	0,87261467	7
optimal_loci_293436_G	1734	1,266051	26,18	9104	41,52	1	41,42102399	0,198	0,873740016	7
optimal_loci_293444_G	1560	1,225719	0	1001	60,76	1	41,42102399	0,661	0,873806555	7
optimal_loci_293477_G	1233	1,194188	6	2001	44,12	3	4,311060452	0,304	0,874906666	7
optimal_loci_293480_G	2764	1,160733	12,41	3230	34,94	1	67,49439944	0,072	0,875379118	7
optimal_loci_293496_G	1220	1,230542	0	1365	39,67	5	57,50537364	0,308	0,876275288	7
optimal_loci_293498_G	1557	1,230542	0	2148	36,54	6	49,34538723	0,068	0,876308087	7
optimal_loci_293611_G	2586	0,581931	32,68	2001	35,42	2	1,118677443	0,187	0,882190046	7
optimal_loci_293613_G	1075	0,581931	0	14812	39,06	3	1,106707451	0,112	0,882293034	7
optimal_loci_293619_G	1617	0,581931	0	1136	43,22	4	10,63590035	0,291	0,882418016	7
optimal_loci_293663_G	2004	0,445122	12,08	3659	48,8	1	17,61558533	0,417	0,884167613	9
optimal_loci_293703_G	1138	0,421908	0	3215	43,32	2	1,019665829	0,308	0,885326184	11
optimal_loci_293709_G	1034	0,421908	0	6891	51,06	2	1,019665829	0,237	0,885355736	11
optimal_loci_293717_G	1964	0,421908	0	2001	53,71	3	22,04649826	0,526	0,885402161	11
optimal_loci_293827_G	1508	0,37465	0	15873	39,52	1	2,262439347	0,308	0,88801394	8
optimal_loci_293828_G	1122	0,37465	0	14529	35,02	1	2,262439347	0,114	0,888027847	8
optimal_loci_293837_G	1322	0,367499	0	3275	43,49	3	0,803565129	0,374	0,8982879	7
optimal_loci_293843_G	1130	0,367499	31,77	2805	39,73	3	0060258218	0,22	0,888370839	7
optimal_loci_293940_G	1016	1,039875	3,25	1428	50,59	3	29,63421377	0,571	0,893456359	7

optimal_loci_293943_G	1381	1,039875	2,39	4491	56,91	3	29,63421377	0,707	0,893480982	7
optimal_loci_293947_G	1422	1,039875	0	7059	47,74	4	22,22566033	0,392	0,893525052	7
optinnaloci_293950_G	1086	1,039875	0	4828	54,41	4	22,22566033	0,475	0,893545688	7
optimal_loci_293951_G	1249	1,039875	0	3293	37,22	4	22,22566033	0,157	0,893556718	7
optimal_loci_293955_G	2194	1,039875	3,65	1001	54,46	3	5,284577029	0,548	0,893633868	7
optimal_loci_293957_G	1778	1,039875	10,35	2001	36,83	3	0,702463935	0,081	0,893791657	7
optimal_loci_294090_G	2579	1,770642	0	1001	3196	3	60,52538931	0,081	0,899518922	5
optimal_loci_294091_G	1044	1,791261	27,01	2001	63,21	2	77,38052296	0,61	0,899659042	5
optimal_loci_294101_G	2121	1,882722	12,92	2001	45,78	5	0,492542587	0,331	0,900189116	5
optimal_loci_294122_G	1209	2,123974	0	3055	5143	2	2,947714525	0,456	0,901357157	10
optimal_loci_294149_G	1330	3,039612	3105	1473	41,05	3	0,773728794	0,1	0,902587926	10
optimal_loci_294168_G	1306	3,467687	0	2080	3E06	3	0,422355545	0,214	0,90436566	7
optimal_loci_294172_G	1415	3,467687	6,78	1001	49,46	3	0,422355545	0,318	0,904458028	7
optimal_loci_294176_G	1014	3,467687	0	2611	31,75	2	0,024948144	0,081	0,904514534	7
optimal_loci_294226_G	1987	3,865686	0	6357	45,09	3	0,68891888	0,351	0,905340476	7
optimal_loci_294227_G	4180	3,871392	8,23	2998	49,06	3	0,68891888	0,431	0,905357165	7
optimal_loci_294297_G	1045	4,1893	30,72	1001	64,3	2	11,80999285	0,715	0,910194739	7
optimal_loci_294298_G	1334	4,1893	0	2894	60,34	3	7,873328565	0,631	0,910259182	7
optimal_loci_294304_G	1021	4,1893	0	7881	57,1	3	7,873328565	0,722	0,910299873	7
optimal_loci_294377_G	1069	5,711985	0	2001	27,4	3	48,68006806	0,115	0,912768148	8
optimal_loci_294384_G	1776	6,242806	14,64	7556	40,42	4	36,51005105	0,268	0,912812804	8
optimal_loci_294389_G	2199	6,242806	6,41	8347	39,24	4	36,51005105	0,129	0,912874978	8
optimal_loci_294390_G	2436	6,242806	5,17	5725	44,37	3	0,055425512	0,379	0,912894151	8
optimal_loci_294447_G	1036	5,289242	28,19	6067	37,83	2	37,29427462	0,191	0,915583	9
optimal_loci_294489_G	3010	6,112561	4,98	2001	54,95	3	13,5564375	0,519	0,917652846	7
optimal_loci_294497_G	1357	5,488267	0	5696	53,86	1	7,14355909	0,463	0,918268239	8
optimal_loci_294519_G	1164	5,488267	25,26	2841	5661	5	1,924515025	0,456	0,919006789	10
optimal_loci_294521_G	1332	5,488267	29,43	2712	59,53	5	1,924515025	0,576	0,919018236	10
optimal_loci_294554_G	3415	2,59415	2,02	1001	54,52	3	14,42653411	0,647	0,92023267	9
optimal_loci_294580_G	1200	2,392434	24,33	2385	37,41	3	1,200171734	0,097	0,921254546	9
optimal_loci_294598_G	1007	3,165397	39,72	2674	30,48	3	4,923799946	0,124	0,921947234	9
optimal_loci_294605_G	1578	3,565981	0	12537	44,55	1	6,914488156	0,3	0,922585819	11
optimal_loci_294620_G	1235	3,489276	0	2001	50,6	1	6,914488156	0,307	0,922779365	11
optimal_loci_294684_G	1227	4,556196	0	2182	40,5	4	0,31793415	0,17	0,925803754	9
optimal_loci_294697_G	1364	4,408619	36,44	2001	46,7	2	3,320108682	0,314	0,926258857	8

optimal_loci_294706_G	1127	4,343861	24,31	5915	60,15	4	9,278650197	0,705	0,926347889	8
optimal_loci_294707_G	1043	4,343861	11,31	7427	56,47	4	9,278650197	0,454	0,926360044	8
optimal_loci_294750_G	1017	5,226071	0	2726	57,22	4	6,035895463	0,783	0,928479314	9
optimal_loci_294799_G	1091	5,476795	11,09	5719	38,4	1	8,267024677	0,104	0,929357654	10
optimal_loci_294861_G	1583	4,449325	0	1001	50,09	2	2,499680946	0,459	0,930826907	6
optimal_loci_294872_G	3153	4,44163	1,46	1841	50,39	2	0,384531635	0433	0,931084967	6
optimal_loci_294905_G	1736	3,89775	1,79	1630	37,44	4	0,382070083	0,153	0,931716896	6
optimal_loci_294928_G	1153	3,895356	3,12	13078	55,59	1	1,829251261	0,609	0,932703392	5
optimal_loci_295103_G	1015	1,597301	21,58	2001	57,43	5	2,662998723	0,713	0,937445969	3
optimal_loci_295106_G	1113	1,597301	0	4074	42,4	5	2,662998723	0,148	0,937462634	3
optimal_loci_295163_G	1199	1,117321	8,67	2153	39,19	4	13,80460322	0,198	0,939698044	3
optimal_loci_295303_G	1684	4,954896	7,84	1001	42,39	4	2,610355095	0,318	0,944736134	5
optimal_loci_295307_G	1284	4,954896	0	3398	48,13	5	2,088044076	0433	0,944819024	5
optimal_loci_295308_G	1292	4,954896	7,59	2001	33,04	6	1,862779733	0,045	0,94483019	5
optimal_loci_295327_G	1673	5,491067	0	1001	44,88	6	36,94047036	0,275	0,945927577	6
optimal_loci_295369_G	1040	7,074688	0	1754	48,46	3	39,37108398	0,51	0,94739626	6
optimal_loci_295426_G	1228	4,61963	0	2676	44,29	3	11,83441078	0,179	0,949703272	3
optimal_loci_295514_G	1581	8,439349	22,58	1001	40,86	3	5,43326026	0,392	0,953886931	11
optimal_loci_295531_G	1536	6,169669	13,74	1891	51,95	3	4,36037612	0,609	0,954537976	11
optimal_loci_295553_G	1096	5,641429	0	15285	54,83	1	2,495669796	0495	0,954853394	11
optimal_loci_295565_G	2145	5,785598	28,53	2985	39,95	2	5,173842788	0,077	0,955068614	11
optimal_loci_295573_G	2791	5,785598	8,31	3719	47,43	3	3,449228525	0,486	0,9551605	11
optimal_loci_295581_G	2065	5,785598	10,12	1116	48,71	2	4,114889806	0,412	0,955323337	11
optimal_loci_295586_G	1050	5,785598	34,1	7657	43,52	2	4,114889806	0,337	0,95537592	11
optimal_loci_295587_G	1624	5,785598	13,85	8811	42,73	2	4,114889806	0,265	0,955385197	11
optimal_loci_295605_G	1103	5,785598	0	9806	38,89	3	0,731242432	0,15	0,955497309	11
optimal_loci_295651_G	2662	6,900009	6,5	11687	39,4	1	3,764142907	0,282	0,95689217	14
optimal_loci_295655_G	1435	6,635994	0	11188	38,04	1	3,764142907	0,258	0,957116675	14
optimal_loci_295702_G	1168	5,179007	11,73	1103	39,81	5	0,307488911	0,376	0,959539176	6
optimal_loci_295705_G	1632	5,027718	0	1001	40,01	4	0,384361138	0,267	0,959676819	8
optimal_loci_295706_G	1887	4,798528	25,81	2704	37,83	5	1,574808586	0,264	0,959743358	8
optimal_loci_295746_G	1982	4,841382	23,61	10269	38,54	2	4,007854195	0,124	0,961421987	7
optimal_loci_295802_G	1541	7,097126	11,94	3549	32,83	1	0,083402662	0,144	0,963634815	9
optimal_loci_295803_G	1434	7,097126	23,29	2082	36,68	1	0,083402662	0,241	0,963647469	9
optimal_loci_295839_G	1055	9,053264	10,62	1167	39,62	3	19,72127118	0,167	0,964759092	7

optimal_loci_295852_G	1559	10,280511	1552	2047	36,36	8	9,657668062	0,158	0,966186937	8
optimal_loci_295856_G	2764	10,280511	0	2001	53,47	7	11,68378243	0,607	0,966387743	8
optimal_loci_295866_G	1566	10,280511	0	2076	36,9	4	9,121556802	0,207	0,966559978	8
optimal_loci_295919_G	1177	9,681066	7,48	1424	42,31	5	0,950473418	0,3	0,969463508	11
optimal_loci_295930_G	1092	9,459949	9,16	4786	5839	5	0443736148	0,649	0,969678857	11
optimal_loci_295976_G	1366	7,171294	2,93	2001	44,58	6	52,16671728	0,29	0,971349576	8
optimal_loci_295917_G	1061	7,171294	9,14	4281	43,16	6	52,24372949	0,24	0,971367904	8
optimal_loci_295994_G	1219	6,906294	5	1952	54,38	2	5,13340149	0,681	0,972345574	8
optimal_loci_295997_G	1136	6,230438	7,57	5461	50,79	2	5,13340149	0,689	0,972379925	8
optimal_loci_295998_G	1300	6,230438	0	4128	50,38	2	513340149	0,241	0,972389322	8
optimal_loci_296004_G	1071	6,230438	37,35	2759	42,11	2	5,13340149	0,237	0,972487711	8
optimal_loci_296074_G	1014	3,821779	6,61	1001	34,12	5	8,959838196	0,102	0,977475695	3
optimal_loci_296080_G	1513	6,430839	13,09	3486	37,73	2	9,741649793	0,229	0,977630397	3
optimal_loci_296141_G	2113	4,5384	18,5	1195	34,97	4	3,001843464	0,161	0,980135675	8
optimal_loci_296200_G	1377	5,866411	8,28	3563	45,38	3	0,128591159	0,223	0,982118468	8
optimal_loci_296212_G	2318	7,070056	24,72	3056	40,37	3	4,358285351	0,255	0,982474008	8
optimal_loci_296214_G	1267	7,070056	21,78	6362	43,48	3	4,358285351	0,222	0,982500585	8
optimal_loci_296234_G	1839	7,070056	3,05	2001	35,34	2	6,072147921	0,16	0,983157547	9
optimal_loci_296257_G	1373	8,37364	5,9	10185	31,31	4	13,26235774	0,056	0,984166794	10
optimal_loci_296259_G	1045	8,37364	0	8519	53,77	4	13,26235774	0,629	0,984182824	9
optimal_loci_296288_G	2124	8,721914	9,18	1094	52,77	3	5,843749771	0,393	0,985027094	10
optimal_loci_296360_G	1243	7,333232	19,87	1001	33,22	3	22,35441365	0,206	0,986976364	8
optimal_loci_296401_G	1337	6,461192	7,33	6057	42,18	5	6,458609445	0,342	0,988112651	7
optimal_loci_296432_G	1856	3,86221	4,36	2201	40,78	3	37,11491159	0,154	0,989040592	5
optimal_loci_296433_G	1597	4,124494	30,62	2034	33,62	3	37,11491159	0,13	0,989066678	4
optimal_loci_296573_G	1056	3,135289	14,2	1467	43,08	1	103,2735874	0,339	0,995333946	2
optimal_loci_296657_G	1036	5,081912	35,33	9084	58,3	2	1,78055276	0,745	0,999084777	2
optimal_loci_296698_G	1263	1,248527	0	17237	31,43	1	3,780127648	0,044	0,995330222	1
optimal_loci_296850_G	2240	2,294539	28,17	1751	37,72	1	0,553373189	0,193	0,98665536	2
optimal_loci_297010_G	1135	3,814919	2,56	1279	56,21	1	1,701140576	0,558	0,979909834	4
optimal_loci_297045_G	1604	5,350414	10,41	3458	42,01	2	16,13531952	0,194	0,978058684	3
optimal_loci_297046_G	1310	5,350414	0	2001	30,91	2	16,13531952	0,072	0,978038504	3
optimal_loci_297221_G	1012	2,899245	0	5138	35,07	2	5,275177508	0,072	0,96861356	2
optimal_loci_297224_G	1032	2,899245	12,5	3715	41,76	2	5,275177508	0,235	0,968543947	2
optimal_loci_297529_G	1371	3,502249	21,37	1001	51,71	1	4,951604973	0,494	0,954082978	3

optimal_loci_297578_G	2276	4,029707	0	1349	43,4	1	6,700193481	0,197	0,951786427	3
optimal_loci_297653_G	3077	3,033472	0,91	1690	53,85	1	31,13736694	0,519	0,949322161	3
optimal_loci_297768_G	2308	2,754498	0	2001	38,69	3	7,920523329	0,096	0,940402825	3
optimal_loci_297811_G	1177	2,388084	0	19983	47,4	1	9,980498693	0,334	0,931274224	3
optimal_loci_297874_G	1514	2,84742	35,87	2163	39,56	1	0,343576271	0,155	0,933865776	3
optimal_loci_298133_G	1745	1,264766	0	4328	38,62	1	0,724675639	0,113	0,921559709	1
optimal_loci_298665_G	1656	4,254791	0	3504	35,99	1	316,4915148	0,178	0,892282064	4
optimal_loci_298702_G	1180	3,362305	18,05	6070	35,33	3	0,010310607	0,153	0,888880859	7
optimal_loci_298732_G	1162	3,611802	12,31	4045	43,8	3	2,472965959	0,391	0,886641219	8
optimal_loci_298733_G	1022	3,611802	0	2375	36,59	3	2,472965959	0,132	0,886618089	8
optimal_loci_298791_G	1415	3,427498	0	2899	54,91	3	7,001509253	0,408	0,883243518	7
optimal_loci_298800_G	1120	3,427498	0	11150	41,33	2	7,412435501	0,412	0,883003947	7
optimal_loci_298809_G	2197	3,427498	2,05	1243	48,97	2	2,153059929	0,461	0,882848199	7
optimal_loci_298834_G	2103	4,086664	14,55	5012	40,32	1	9,147143003	0,282	0,880654765	9
optimal_loci_298913_G	1089	3,322718	19,74	2001	34,8	3	18,55909886	0,219	0,875886801	4
optimal_loci_298920_G	4316	3,308378	3,54	2191	34,36	3	18,55909886	0,267	0,875769792	4
optimal_loci_298931_G	1271	2,628248	17,62	2933	50,82	1	2,215729991	0,271	0,875309363	4
optimal_loci_299140_G	1827	2,037028	11,33	1001	40,28	2	1,077952064	0,274	0,865281247	1
optimal_loci_299564_G	1543	6,065648	16,2	1452	34,34	5	16,30054185	0,014	0,844320042	7
optimal_loci_299596_G	1257	7,422203	29,04	16936	46,14	1	0,04486811	0,365	0,842914307	7
optimal_loci_299630_G	1110	8,213799	0	2075	42,97	3	3,12206818	0,138	0,841279972	7
optimal_loci_299655_G	1075	9,016994	0	4469	49,95	2	19,19551296	0,321	0,839948089	7
optimal_loci_299681_G	1259	9,147114	31,93	13928	41,69	1	38,39102592	0,296	0,839606939	7
optimal_loci_299695_G	1556	9,246771	23,33	19842	43,31	1	5,357514118	0,277	0,839227244	7
optimal_loci_299710_G	1215	9,515288	0	3016	33,66	2	13,67828828	0	0,837949238	7
optimal_loci_299825_G	1501	2,435346	0	10169	34,84	1	2,305088402	0,185	0,828541233	5
optimal_loci_299840_G	1203	2,435346	15,88	18236	43,72	1	4,8919305	0,285	0,827586247	5
optimal_loci_299895_G	1532	1,933594	0	2229	40,01	2	1,425716602	0,138	0,822711981	6
optimal_loci_299898_G	2289	1,933594	0	5329	52,38	2	1,425716602	0,434	0,82265856	6
optimal_loci_299907_G	3702	1,933594	15,37	13907	44,78	2	1,425716602	0,371	0,82252018	6
Optimal_loci_299952_G	3112	2,386754	1	1001	51,06	2	81,12879049	0,383	0,817694266	8
optimal_loci_299986_G	2460	2,701299	9,15	3092	36,3	2	23,45904926	0,151	0,813959723	10
optimal_loci_299991_G	1353	1,473518	14,12	10764	46,04	3	8,132973163	0,328	0,813296842	11
optimal_loci_299992_G	2984	1,466996	1,04	7548	47,78	3	8,132973163	0,341	0,813252299	11
optimal_loci_299997_G	1192	1,437492	0	3221	59,22	2	8,509757475	0,582	0,813192368	12

optimal_loci_300036_G	1121	1,567047	28,01	2617	48,17	4	0,012198886	0,342	0,809414945	11
optimal_loci_300038_G	1810	1,567047	0	3319	35,91	4	0,012198886	0,211	0,809381634	11
optimal_loci_300039_G	1009	1,567047	3,17	2001	42,22	4	0,012198886	0,216	0,80936338	11
optimal_loci_300068_G	1271	2,197697	19,91	4549	35,01	1	0,744422485	0	0,807375873	11
optimal_loci_300077_G	1126	2,15789	0	4653	57,1	2	0,372211243	0,706	0,807034266	11
optimal_loci_300082_G	2242	2,15789	26,36	4551	45,45	2	0,031021048	0,324	0,80686151	10
optimal_loci_300092_G	1143	3,907731	0	4036	52,84	1	4,860200121	0,58	0,80625482	8
optimal_loci_300258_G	1341	2,132783	0	3010	44,74	4	11,59814366	0,292	0,794572839	4
optimal_loci_300312_G	1059	3,908817	33,71	3385	34,65	1	0,852808878	0,268	0,789875028	9
optimal_loci_300325_G	1024	3,908817	35,16	1987	29,98	1	0,3935799	0,107	0,788046994	9
optimal_loci_300327_G	1036	3,866042	0	16762	50,57	1	0,3935799	0,3	0,787645803	9
optimal_loci_300332_G	1637	3,601117	28,65	5970	57,17	3	10,84953682	0,714	0,78726849	8
optimal_loci_300333_G	1103	3,601117	0	4526	38,62	3	10,84953682	0,229	0,78724849	8
optimal_loci_300335_G	1134	3,601117	0	2523	59,7	3	10,84953682	0,487	0,787220748	8
optimal_loci_300336_G	1489	3,601117	0	1001	54,93	3	10,84953682	0,477	0,787199668	8
optimal_loci_300342_G	1019	3,601117	0	6671	53,97	1	1,96461718	0,474	0,786674294	8
optimal_loci_300405_G	1285	3,467444	0	1573	38,36	2	14,21188615	0,15	0,779606994	1
optimal_loci_300478_G	1541	2,452276	0	1001	43,21	3	3,395550644	0,249	0,771720152	3
optimal_loci_300497_G	1008	2,518131	0	2190	47,91	1	10,72413877	0,255	0,769363657	4
optimal_loci_300544_G	1005	1,129265	10,65	2001	33,53	2	2,313854252	0	0,764802784	4
optimal_loci_300564_G	1269	1,129265	33,02	7934	27,81	2	2,313854252	0	0,764326053	3
optimal_loci_300708_G	2163	1,326242	8	2001	46,92	2	28,78650743	0,376	0,755794349	2
optimal_loci_300741_G	1058	1,054092	9,74	4137	43,19	2	17,7091541	0,228	0,754426163	2
optimal_loci_300888_G	1521	3,234353	0	2001	49,17	3	30,04627457	0,498	0,742086745	1
optimal_loci_301076_G	1605	1,510241	0	17019	42,42	1	0,391906751	0,208	0,723656247	9
optimal_loci_301132_G	1302	2,280779	29,19	2651	38,86	1	2,516137819	0,164	0,719693172	9
optimal_loci_301172_G	1292	2,835187	0	1960	42,1	2	11,10367777	0,258	0,71862705	9
optimal_loci_301175_G	1451	2,835187	0	7198	52,3	2	11,10367777	0,627	0,718467853	10
optinnaloci_301176_G	1056	2,835187	0	6058	51,89	2	11,10367777	0,508	0,718452064	10
optimal_loci_301180_G	1198	2,835187	0	3690	43,73	2	11,10367777	0,26	0,718419266	10
optimal_loci_301186_G	1121	2,835187	0	2619	36,3	1	10,34039409	0,148	0,718246607	10
optimal_loci_301187_G	1055	2,835187	0	4032	34,4	1	10,34039409	0,111	0,71822795	10
optimal_loci_301189_G	1313	2,835187	0	1001	38,53	1	12,03613415	0,178	0,717545873	12
optimal_loci_301264_G	1328	3,033768	0	2221	34,78	2	8,033189196	0,089	0,71160018	10
optimal_loci_301273_G	1749	3,286309	0	1001	46,14	3	1,368374122	0,468	0,711001579	5

optimal_loci_301275_G	1458	3,286309	0	1422	54,52	3	1,368374122	0,504	0,710973546	5
optimal_loci_301283_G	1623	3,358807	10,91	5134	44,79	1	0,131299031	0,324	0,710486288	4
optimal_loci_301417_G	2001	5,793916	0	1184	46,47	2	17,44441319	0,339	0,699111801	7
optimal_loci_301438_G	1638	5,793916	0	3584	51,46	2	2,074196295	0,615	0,697823421	7
optimal_loci_3014406	1286	5,793916	0	5747	49,45	2	2,074196295	0,282	0,697798338	7
optimal_loci_301442_G	1035	5,793916	0	8099	52,27	2	2,074196295	0,407	0,697769238	7
optimal_loci_301465_G	1233	0,993297	3,65	1894	36,09	2	0,79082646	0,123	0,695703296	7
optimal_loci_301466_G	1804	0,993297	0	3185	55,82	2	0,79082646	0,53	0,695677507	7
optimal_loci_301467_G	1422	0,993297	0	5100	55,2	2	0,79082646	0,423	0,695656274	7
optimal_loci_301696_G	2016	1,355245	18,7	2548	34,77	2	3,013567254	0,227	0,679582465	13
optimal_loci_301715_G	1071	0,929136	6,44	2001	48,73	2	2,335091639	0,367	0,677793532	13
optimal_loci_301721_G	1608	0,929136	2,11	2404	41,23	3	1,564302377	0,269	0,677614681	13
optimal_loci_301732_G	1431	0,854002	11,67	14321	61,56	1	14,09338886	0,654	0,676926787	13
optimal_loci_301733_G	1499	0,854002	0	12446	52,83	1	14,09338886	0,392	0,676900817	13
optimal_loci_301766_G	1022	0,854002	35,13	5132	42,85	1	3,067375447	0,182	0,675211233	13
optimal_loci_301769_G	1116	0,854002	35,22	2855	45,51	1	3,067375447	0,21	0,675179695	13
optimal_loci_301770_G	1246	0,854002	11,32	1553	43,49	1	3,067375447	0,24	0,675161662	13
optimal_loci_301773_G	2254	0,729029	0	7186	42,67	1	3,067375447	0,335	0,674961745	14
optimal_loci_301774_G	2194	0,729029	0	9762	45,03	1	3,067375447	0,402	0,674926898	14
optimal_loci_301784_G	1384	0,721942	0	7689	37,71	2	24,72493049	0,237	0,674256994	14
optimal_loci_301789_G	1917	0,721942	0	2942	59,72	2	24,72493049	0,56	0,674191247	14
optimal_loci_301793_G	1002	0,721942	0	1929	51,89	2	24,72493049	0,522	0,674063269	14
optimal_loci_301834_G	1126	0,576579	2,66	3621	59,5	1	24,8823702	0,61	0,668139501	10
optimal_loci_301840_G	2022	0,293834	22,21	2378	42,08	2	5,915466388	0,243	0,666951191	5
optimal_loci_301849_G	1631	0,406899	26,43	6774	42,3	2	23,17255201	0,243	0,665686994	5
optimal_loci_301852_G	1372	0,406899	10,2	2603	54,44	2	23,17255207	0,688	0,665629224	5
optimal_loci_301874_G	1138	0,543845	0	4647	54,83	1	5,867904192	0,362	0,662495249	5
optimal_loci_302109_G	1293	1,007802	10,83	1001	42,07	5	22,26795037	0,359	0,63143867	5
optimal_loci_302113_G	3090	1,007802	2,07	1203	41,81	4	28,48683914	0,315	0,631218837	5
optimal_loci_302132_G	1096	0,91504	21,35	3156	46,16	1	3,405570733	0,442	0,630063823	5
optimal_loci_302142_G	1038	1,06339	0	15337	47,49	2	11,42144829	0,304	0,628776551	5
optimal_loci_302154_G	1019	0,829055	0	2440	41,8	4	0,549014408	0,239	0,626608186	6
optimal_loci_302185_G	1801	0,348393	30,93	4585	37,36	1	1,261025933	0,19	0,621492853	2
optimal_loci_302339_G	1040	0,513328	0	2001	36,63	3	2,462141555	0	0,60659964	1
optimal_loci_302770_G	2919	0,306174	8,29	2318	48,13	1	100,3878471	0,292	0,567701302	1

optimal_loci_303042_G	1228	0,324949	0	18802	40,3	1	24,3577628	0,074	0,552408421	1
optimal_loci_303342_G	1619	0,175959	0	2462	40,45	1	0,839052661	0,157	0,533096039	2
optimal_loci_303348_G	1390	0,200079	0	2888	44,24	2	0,41952633	0,389	0,532814695	2
optimal_loci_303519_G	1572	0,039369	0	4686	41,98	1	7,627878268	0,141	0,520230983	3
optimal_loci_303562_G	2559	0,097458	4,69	12639	45,68	1	9,198432988	0,251	0,516485817	3
optimal_loci_303563_G	2354	0,097458	2,93	10228	35,51	1	9,198432988	0,234	0,516452424	3
optimal_loci_306860_G	1192	0,010729	20,47	2001	31,87	2	3,687360285	0,177	0,201935194	1
optimal_loci_307149_G	1144	0,011275	3,58	2211	46,24	1	21,04638119	0,347	0,17720856	2
optimal_loci_307208_G	1008	0,012079	0	1233	38,59	3	1,71895366	0,018	0,171122964	2
optimal_loci_307528_G	1511	0,010354	2,18	17662	41,82	1	0,125552643	0,227	0,143835789	2
optimal_loci_307610_G	1045	0,010682	26,6	1506	33,68	3	0,612227236	0,04	0,137802687	3
optimal_loci_307617_G	1138	0,011279	12,92	13963	40,68	1	13,16414637	0,138	0,136569155	2
optimal_loci_307893_G	1371	0,011408	14,51	19700	45	1	46,01070873	0,367	0,112016704	3
optimal_loci_307907_G	1456	0,011405	6,59	18802	33,99	1	4,431326596	0,104	0,109746288	3
optimal_loci_307919_G	1351	0,011405	14,51	6390	41,96	1	4,431326596	0,194	0,109574377	3
optimal_loci_308690_G	1339	0,104158	36,3	2051	38,76	1	6,292958617	0,188	0,038620693	1
optimal_loci_309257_G	1025	0,107333	0	2456	46,63	3	0,073732594	0,508	0,003736149	4
optimal_loci_3092616	1068	0,098812	0	8955	40,44	3	0,073732594	0,352	0,003813472	4
optimal_loci_309307_G	1825	0,098812	2,47	13125	42,02	1	0167430176	0,238	0,006303029	4
optimal_loci_309318_G	1131	0,098812	0	8376	43,58	1	0167430176	0,233	0,006603466	4
optimal_loci_309558_G	2067	0,108949	21,09	2001	58,82	1	35,66343016	0,646	0,022503	1
optimal_loci_309774_G	1236	0,117134	0	15314	42,23	1	265,6740502	0,193	0,0364413	1
optimal_loci_309862_G	1709	0,146942	0	3690	52,01	2	1,398407625	0,587	0,044853115	1
optimal_loci_311097_G	1317	0,118511	22,32	2001	48,51	1	26,6767565	0,621	0,134056042	1
optimal_loci_311466_G	1448	0,083526	20,3	9486	37,91	2	0,106839862	0,069	0,162821202	2
optimal_loci_311494_G	1356	0,095641	0	3214	41,51	1	4,590601551	0,237	0,164602258	2
optimal_loci_311588_G	1955	0,159756	19,64	19760	48,23	1	35,95623478	0,292	0,175363774	2
optimal_loci_311592_G	1327	0,135634	0	12581	40,54	1	35,95623478	0,174	0,175456658	2
optimal_loci_311776_G	1073	0,281064	0	3909	43,33	1	15,6809296	0,21	0,189110595	4
optimal_loci_311834_G	1124	1,031133	0	13715	32,11	1	58,02112333	0,207	0,193231583	4
optimal_loci_311848_G	1075	1,133452	9,77	4838	39,72	1	0,476865557	0	0,194062344	4
optimal_loci_311858_G	1293	1,230924	29,39	15793	44,85	1	0,476865557	0,294	0,194329932	4
optimal_loci_313001_G	1266	0,935704	16,03	19342	31,91	1	24,08542724	0,339	0,277459716	3
optimal_loci_313012_G	1196	0,916873	0	9711	55,93	1	32,96221716	0,719	0,278257092	3
optimal_loci_313089_G	1636	1,074633	8,92	1627	36,06	1	7,804341639	0,057	0,282516984	6

optimal_loci_313135_G	1183	0,35532	0	9172	48,77	2	4,2223E4557	0,235	0,285466311	4
optimal_loci_313141_G	1328	0,242094	0	2727	49,77	3	3,38069006	0,419	0,285633234	4
optimal_loci_313155_G	1620	0,259872	12,65	2652	36,6	1	2,950784079	0,072	0,28637468	4
optimal_loci_313339_G	2384	0,447483	10,11	8891	34,94	1	1,823138441	0,201	0,298634303	1
optimal_loci_313453_G	2861	0,758351	38,55	2797	40,19	1	4,489935294	0,181	0,305165182	4
optimal_loci_313485_G	1038	0,652791	19,46	2578	50,38	2	4,973999062	0,278	0306966666	5
optimal_loci_313519_G	1119	0,586322	4,11	2712	52,45	3	9,226473325	0,473	0,309001854	9
optimal_loci_313526_G	1285	0,49731	0	18525	50,5	1	74,84877919	0,433	0,310026176	9
optimal_loci_313549_G	1335	0,418572	0	3443	40,59	2	4,868496395	0,193	0,311706091	12
optimal_loci_313588_G	2985	0,456806	7,67	12018	47,93	1	2,641031546	0,307	0,313156953	12
optimal_loci_313593_G	1551	0,467523	0	1287	56,15	1	2,641031546	0354	0,313301687	12
optimal_loci_313600_G	1728	0,467523	7,29	9571	47,85	2	0,793929829	0,516	031380806	12
optimal_loci_313602_G	1008	0,463976	9,62	5650	43,45	2	0,793929829	0,286	0,313863277	12
optimal_loci_313639_G	1137	0,507019	20,05	4197	54,52	2	0,588159881	0,414	0,316295904	13
optimal_loci_313660_G	1944	0,466246	0	1001	47,99	1	1,210970298	0,419	0317208852	13
optimal_loci_313661_G	1748	0,45738	0	2001	34,09	1	1,210970298	0,017	0,317282701	13
optinnal_loci_313664_G	1386	0,460026	0	19604	53,39	1	27,3816787	0,527	0,31753368	13
optimal_loci_313675_G	1509	0,454932	0	10492	46,45	2	8,334571903	0,627	0,318286036	12
optimal_loci_313735_G	1486	0,284711	15,41	1341	36	3	1,165283222	0,126	0321060516	9
optimal_loci_313743_G	1132	0,278775	8,3	17518	31	2	0,271030307	0,16	0,321252983	9
optimal_loci_313744_G	1208	0,278775	0	18709	36,92	2	0,271030301	0,094	0321267153	9
optimal_loci_313790_G	2532	0,158284	33,49	8026	40,91	1	0,29257768	0,211	0,325898988	4
optimal_loci_313902_G	1397	0,196334	0	1619	39,58	1	65,58173399	0,227	0332114402	3
optimal_loci_313911_G	1164	0,197564	0	13268	36,68	2	13,08867147	0,303	0,332695528	3
optimal_loci_313985_G	1779	0,334771	11,64	7856	37,38	3	3,20851047	0,144	0,335907303	3
optimal_loci_314268_G	1033	1,539808	0	1001	42,01	1	0,330286015	0,323	0,352694706	6
optimal_loci_314275_G	1221	1,539808	0	14399	40,37	1	0,330286015	0,043	0,352998237	6
optimal_loci_314277_G	2141	1,539808	0	16421	35,91	1	0,330286015	0,101	0,353022293	6
optimal_loci_314278_G	1724	1,539808	9,57	19656	43,73	1	0,330286015	0,274	0,353060782	6
optimal_loci_314282_G	1265	1,539808	3	17710	37,86	1	0,152012393	0,124	0,353149895	6
optimal_loci_314296_G	1267	1,325461	11,52	4682	38,98	1	1000,629864	0,311	0,353908568	6
optimal_loci_314815_G	1335	1,147842	0	1104	54,38	3	0,399739849	0,596	0,385245818	3
optimal_loci_314844_G	1030	2,006968	0	3056	35,24	1	4,96829224	0,082	0,38651222	3
optimal_loci_314893_G	1131	0,389888	0	3648	54,46	1	11,53412892	0,645	0,388375322	3
optimal_loci_315232_G	1801	0,218022	0	2139	53,58	2	3,180223053	0,653	0,412099584	4

optimal_loci_315238_G	1094	0,165724	16,64	3487	54,47	2	2,831568458	0,637	0,412906633	6
optimal_loci_315280_G	1012	0,113712	0	1001	42,78	1	1,191938996	0,281	0,415543565	6
optimal_loci_315281_G	2113	0,113712	23,15	2143	36,08	1	1,191938996	0,112	0,415557152	6
optimal_loci_315318_G	1379	0,063375	0	11580	43,94	1	16,60213248	0,368	0,418239842	5
optimal_loci_315319_G	1970	0,063375	24,37	13352	44,61	1	16,60213248	0,352	0,418260925	5
optimal_loci_315523_G	1131	0,57418	28,29	2998	3448	2	27,1679872	0,243	0,433638749	4
optimal_loci_315535_G	1041	0,585806	0	2001	58,98	5	24,25241075	0,66	0,435561802	4
optimal_loci_315575_G	1322	0,805867	15,43	4285	42,36	2	2,061064597	0,164	0,439014242	4
optimal_loci_315578_G	1016	0,805867	26,57	2001	40,94	2	2,061064597	0,274	0,439045057	4
optimal_loci_315713_G	1799	0,288484	4,89	1001	52,25	1	126,1826236	0,496	0,446690894	2
optimal_loci_315720_G	1232	0,288484	0	4224	4594	2	12,79728343	0,35	0,447498299	2
optimal_loci_315868_G	1120	0,367956	0	6279	55,89	2	0,156249566	0,503	0,456672975	6
optimal_loci_315871_G	1058	0,367956	0	3655	51,51	2	0,156249566	0,4	0,456704932	6
optimal_loci_315880_G	1324	0,367956	0	5239	61,63	2	1,626842358	0,783	0,45684317	6
optimal_loci_315881_G	2169	0,367956	0	6596	50,89	2	1,626842358	0,546	0,456859315	6
optimal_loci_315885_G	2148	2,611025	0	1174	55,95	1	3,253684716	0,524	0,457086	6
optimal_loci_315952_G	1406	8,502763	0	2001	48,43	3	2,487738197	0,557	0,461200647	6
optimal_loci_316080_G	1054	0,322567	0	2001	58,63	1	0,226766099	0,629	0,470630205	3
optimal_loci_316091_G	1511	0,309772	8,01	2627	39,24	1	15,37181035	0,31	0,4711474029	3
optimal_loci_316095_G	1175	0,309188	0	2952	49,7	1	15,37181035	0,419	0,471585926	3
optimal_loci_319409_G	1273	0,062171	15,79	1726	3354	4	30,23738463	0,089	0,687578531	4
optimal_loci_319475_G	1105	0,301355	7,51	4484	36,56	1	0,19305246	0,002	0,691335704	4
optimal_loci_319479_G	1002	0,301355	0	2502	36,62	1	0,19305246	0	0,6915281	4
optimal_loci_319482_G	1198	0,301355	0	5430	36,39	1	0,19305246	0,111	0,691562936	4
optimal_loci_319724_G	1681	0,640679	0	1001	53,77	1	8,061666666	0,451	0,705581149	1
optimal_loci_319854_G	1097	2,507533	0	2582	47,94	1	28,64285549	0,358	0,715254385	7
optimal_loci_319855_G	1105	2,507533	0	3712	54,66	1	28,64285549	0,605	0,715267829	7
optimal_loci_319856_G	1420	2,507533	0	4850	55,63	1	28,64285549	0,457	0,715281368	7
optimal_loci_319886_G	1234	2,440566	0	10258	57,77	1	14,52145358	0,655	0,718178155	9
optimal_loci_319894_G	1083	2,440566	16,62	5964	56,32	1	0,217517623	0,742	0,718545255	9
optimal_loci_319895_G	1315	2,440566	20,08	4616	44,1	1	0,217517623	0,229	0,718558533	9
optimal_loci_319912_G	1206	2,440566	31,84	3041	39,63	1	8,937809562	0,253	0,719189997	9
optimal_loci_319986_G	1058	2,973522	0	16962	40,07	1	1,119427218	0,165	0,723379611	9
optimal_loci_319990_G	1062	2,973522	0	19105	41,14	1	1,119427218	0,385	0,723405107	9
optimal_loci_320035_G	1204	2,528445	0	1001	52,65	2	6,2150917	0,382	0,725756795	7

optimal_loci_320058_G	1478	2,009509	0	7630	36,19	1	8607570388	0,054	0,726961984	8
optimal_loci_320090_G	1249	2,009509	0	1960	44,35	4	1,031870132	0,333	0,728167078	8
optimal_loci_320130_G	1054	1,57159	0	6119	43,35	1	7629229229	0,268	0,73029082	7
optimal_loci_320153_G	1851	1,586047	15,72	18622	33,76	1	9,806341926	0,083	0,73119901	7
optimal_loci_320180_G	1345	1,594624	10,63	1001	43,42	4	6,399937621	0,315	0,732738354	6
optimal_loci_320240_G	2604	0,646803	21,01	7693	52,53	3	9,654484515	0,407	0,735971736	5
optimal_loci_320295_G	2123	0,72059	0	10485	42,91	2	0,040248273	0,257	0,739389221	2
optimal_loci_320417_G	1186	0,141879	0	7654	45,27	2	1,002328878	0,52	0,74573583	8
optimal_loci_320522_G	1667	0,220066	11,94	6626	44,75	2	8,958299025	0,283	0,750877429	15
optimal_loci_320524_G	2395	0,220066	0	8820	38,37	2	8,958299025	0,239	0,750903532	15
optimal_loci_320525_G	1092	0,220066	2,56	12260	52,83	2	8,958299025	0,457	0,75094446	15
optimal_loci_320529_G	2337	0,220066	7,02	16968	54,77	1	1,289057535	0,632	0,7511498	15
optimal_loci_320538_G	1292	0,219967	0	3863	55,57	2	0,644528768	0,386	0,751456377	15
optimal_loci_320539_G	2434	0,219961	0	5856	46,5	2	0,644528768	0,349	0,751480089	15
optimal_loci_320540_G	1300	0,219961	0	9042	60,23	2	0,644528768	0,691	0,751517994	15
optimal_loci_320545_G	1200	0,202832	31,58	4922	42,16	3	1,305417311	0,24	0,751751484	14
optimal_loci_320548_G	1057	0,202832	16,27	2766	45,03	3	1,305417311	0,365	0,751778837	14
optimal_loci_320572_G	1007	0,166624	0	2001	32,37	2	43,76548883	0,105	0,753450994	16
optimal_loci_320575_G	1184	0,166624	20,95	13552	41,55	2	43,76548883	0,389	0,753588423	16
optimal_loci_320608_G	1146	0,137519	0	17455	41,53	2	0,034738551	0,365	0,75481103	16
optimal_loci_320616_G	1326	0,137519	5,51	12370	40,42	2	0,034738551	0,199	0,754869388	16
optimal_loci_320619_G	1108	0,137519	6,59	5275	39,8	3	0,228788069	0,39	0,754956395	16
optimal_loci_320642_G	1763	1,273368	18,77	1442	43,5	2	24,81686989	0,341	0,757750803	8
optimal_loci_320664_G	2079	1,609704	7,26	7235	45,59	3	2,720328493	0,423	0,758976861	8
optimal_loci_320730_G	1432	2,692154	2,58	1029	50,76	5	4,857973972	0,311	0,762565944	5
optimal_loci_320772_G	1784	2,479264	13,17	8131	44,84	1	11,09869624	0,305	0,765437199	5
optimal_loci_320809_G	1214	2,445219	3493	3063	39,45	3	0,130331272	0,177	0,768131513	5
optimal_loci_320824_G	1053	1,97222	10,73	1001	40,17	4	0,087134745	0,1	0,769084736	5
optimal_loci_320866_G	2864	1,908329	5,34	2210	53,03	2	20,98694264	0,499	0,770918771	6
optimal_loci_320947_G	1345	1,484373	9,96	2420	46,84	2	2,086409499	0,338	0,774456065	7
optimal_loci_320988_G	1702	1,73554	0	6567	38,66	1	2,663769899	0,197	0,776838151	7
optimal_loci_321023_G	1969	1,522931	16,1	1001	53,83	2	7,226076205	0,537	0,779751927	8
optimal_loci_321024_G	1278	1,516636	10,56	2003	45,38	3	4,817384137	0,361	0,779858946	9
optimal_loci_321028_G	1131	1,516636	0	5688	43,58	3	4,817384137	0,223	0,779902789	9
optimal_loci_321058_G	1282	1,584927	15,83	2001	45,7	4	51,73064941	0,481	0,781920511	9

optimal_loci_321088_G	1540	1,434257	0	19597	44,48	1	99,99747594	0,385	0,783895295	8
optimal_loci_321094_G	2103	1,902186	31,91	2089	45,55	2	12,14780072	0,348	0,785099342	9
optimal_loci_321106_G	1430	1,911302	0	3426	37,9	4	37,82179591	0,217	0,785804833	8
optimal_loci_321139_G	1286	1,31177	0	7067	34,91	2	6,289900184	0,251	0,78771468	6
optimal_loci_321200_G	1050	1,338515	0	1001	35,52	4	138,3306384	0,137	0,791068406	5
optimal_loci_321267_G	2440	2,929591	14,14	7033	41,59	4	8,566889422	0,323	0,795079199	7
optimal_loci_321299_G	1219	3,42483	13,37	2940	50,12	2	41,16390648	0,489	0,797619094	6
optimal_loci_321300_G	1309	3,42483	0	1598	52,02	2	41,16390648	0,563	0,79763399	6
optimal_loci_321304_G	1111	3,42483	2358	3992	55,53	2	41,16390648	0,479	0,79780478	6
optimal_loci_321306_G	1627	3,42483	2,52	1001	48	2	41,16390648	0,436	0,797834226	6
optimal_loci_321348_G	1347	3,586915	0	3326	44,54	3	2,491488828	0,229	0,799813591	6
optimal_loci_321482_G	1284	0,849869	0	2001	41,58	1	14,60249388	0,292	0,807781436	4
optimal_loci_321514_G	1438	0,567202	2,5	1001	36,57	3	6,99164687	0,11	0,809941406	4
optimal_loci_321516_G	1048	0,567202	17,56	1001	50,28	3	6,99164687	0,465	0,809964844	4
optimal_loci_321523_G	1408	0,567202	38,28	10122	37,85	2	10,48747031	0,104	0,810147436	4
optimal_loci_321607_G	1173	2,831885	0	1121	54,47	2	2,552893825	0,685	0,816353714	8
optimal_loci_321631_G	2241	3,121521	12,21	4490	47,92	2	0,906814929	0,492	0,817698652	8
optimal_loci_321636_G	1438	2,852818	0	3986	44,5	3	0,406034343	0,234	0,817866586	8
optimal_loci_321638_G	1088	2,749797	0	1725	49,44	5	5,050184236	0,401	0,818007144	8
optimal_loci_321645_G	1955	1025227	0	2049	48,74	2	14,43811635	0,279	0,818966149	8
optimal_loci_321646_G	1004	3,025227	0	1001	54,08	2	14,43811635	0,494	0,818989932	8
optimal_loci_321647_G	1070	3,025227	0	2001	54,67	2	14,43811635	0,351	0,819056535	8
optimal_loci_321649_G	2210	3,025227	3,08	2001	48,23	2	14,43811635	0,415	0,819074548	8
optimal_loci_321726_G	1070	1,083824	24,77	1001	45,14	2	9,346091276	0,209	0,825141897	4
optimal_loci_321754_G	1070	1,475012	0	4939	34,48	2	2,580020417	0,184	0,826660171	6
optimal_loci_321766_G	2557	1,682756	8,45	2367	31,91	2	3,883005586	0,086	0,827886883	7
optimal_loci_321807_G	2590	3,070717	8,42	3371	44,78	3	4,037645195	0,267	0,829818265	11
optimal_loci_321826_G	1108	7,34823	20,85	2906	42,14	3	5,095230949	0,37	0,832099031	11
optimal_loci_321831_G	2485	7,34823	0	2072	50,9	2	7,261745756	0,337	0,832209571	11
optimal_loci_321841_G	1603	6,193817	13,6	2421	33,43	2	24,29617511	0,242	0,833414094	10
optimal_loci_321861_G	1191	6,193817	4,95	4385	49,7	1	17,89794293	0,538	0,83420545	9
optimal_loci_321860_G	2482	6,193817	8,82	5885	34,48	1	17,89794293	0,206	0,834223296	9
optimal_loci_321863_G	2546	6,193817	0	8452	52,31	1	17,89794293	0,491	0,834253831	9
optimal_loci_321905_G	1546	5,34609	0	9373	41,84	2	23,32972862	0,254	0,835399443	9
optimal_loci_321933_G	1188	5,879969	25,84	1001	43,51	1	3,448471169	0,143	0,836389298	8

optimal_loci_322134_G	1130	1,567718	15,66	11016	34,42	3	10,73111039	0,182	0,845724782	5
optimal_loci_322066_G	2230	1,727719	1,39	2001	43,09	3	7,168736067	0,246	0,846930031	5
optimal_loci_322067_G	1947	1,727719	0	1001	41,96	2	3,524415204	0,329	0,847084592	5
optimal_loci_322069_G	1352	1,127719	13,98	3425	47,04	2	3,524415204	0,394	0,847113432	5
optimal_loci_322081_G	1194	1,717031	0	1001	51,75	3	0,503189522	0,63	0,847879612	5
optimal_loci_322172_G	1429	2,234243	0	2650	46,11	5	3,714299688	0,487	0,8545293	5
optimal_loci_322188_G	1279	1,961015	0	2364	35,41	2	27,3945687	0,165	0,85547743	8
optimal_loci_322190_G	1194	1,961015	0	4483	41,62	2	27,3945687	0,219	0,855502641	8
optimal_loci_322198_G	1388	1,961015	0	2066	37,75	3	27,79211675	0,3	0,85564245	8
optimal_loci_322257_G	2140	2,357228	0	17666	58,59	1	0,02651485	0,696	0,858393634	9
optimal_loci_322305_G	1571	2,495264	5,73	1001	58,62	2	12,58755967	0,627	0,860909509	10
optimal_loci_322306_G	1696	2,495264	19,46	2001	61,49	1	14,2787937	0,607	0,860994005	10
optimal_loci_322310_G	1002	2,495264	12,18	5117	30,53	1	14,2787937	0,136	0,861031078	10
optimal_loci_322317_G	2961	2,695062	9,93	3073	47,78	4	0,715582632	0,402	0,862116221	7
optimal_loci_322347_G	1260	1,302025	32,06	3026	37,38	3	63,59260208	0,112	0,864564255	6
optimal_loci_322364_G	1247	1,551303	23,42	2882	33,92	3	3,150299044	0,117	0,866130904	7
optimal_loci_322449_G	1942	3,195923	17,71	2001	39,13	1	4,268938792	0,242	0,870762739	4
optimal_loci_322501_G	1668	5,608092	0	3412	44,84	3	9,406524089	0,371	0,87302698	5
optimal_loci_322558_G	1169	5,034735	33,79	3098	54,31	1	4,751361258	0,549	0,87615032	8
optimal_loci_322567_G	2288	5,264277	30,38	16605	33,91	1	0,745005332	0,049	0,876932241	7
optimal_loci_322570_G	1152	5,186803	0	12615	36,37	1	0,745005332	0,09	0,876993228	7
optimal_loci_322622_G	2504	5,462885	1,4	1001	38,21	3	5,243981308	0,148	0,880299994	6
optimal_loci_322626_G	1596	5,532646	9,09	10167	55,45	1	1,189930107	0,583	0,880525596	6
optimal_loci_322654_G	1024	5,532646	18,95	13111	39,94	2	1,815319814	011	0,881196263	6
optimal_loci_322780_G	2327	4,909868	28,79	5512	39,23	3	7,324260609	0,22	0,888970201	6
optimal_loci_322790_G	1733	5,917721	5,65	2155	40,04	5	10,45814825	0,346	0,889981757	7
optimal_loci_322798_G	1234	5,917721	0	6214	43,03	3	15,18855804	0,348	0,890177627	7
optimal_loci_322827_G	1700	5,183753	0	9711	55,7	2	40,47950642	0,637	0,891735365	7
optimal_loci_322830_G	3145	6,546809	6,61	7351	37,48	2	40,47950642	0,115	0,891772664	7
optimal_loci_322861_G	1321	5,632629	0	2001	58,97	1	4,330945131	0,691	0,893469306	9
optimal_loci_322891_G	1280	4,640352	22,81	2001	37,34	4	1,686908609	0,173	0,895709371	8
optimal_loci_322921_G	2235	3,022196	34	1001	35,7	3	26,29022594	0,066	0,898221033	7
optimal_loci_322920_G	1397	3,022196	19,83	5846	38,51	5	104,7795617	0,158	0,898481888	7
optimal_loci_323030_G	1040	1,485536	10,1	2001	57,4	1	3,137299771	0,694	0,903280991	8
optimal_loci_323038_G	1390	1,476855	0	18349	47,69	1	8,847768067	0,267	0,903552648	8

optimal_loci_323051_G	1030	1,639956	24,95	2504	40,29	2	7,136373091	0,304	0,903922449	8
optimal_loci_323064_G	1471	1,805398	13,19	16956	51,66	1	0,328975394	0,443	0,905103248	7
optimal_loci_323067_G	1528	1,805398	4,91	14582	60,47	1	0,328975394	0,729	0,905130815	7
optimal_loci_323087_G	1228	1,794324	12,21	6306	52,68	2	0,363494635	0,602	0,906636323	8
optimal_loci_323135_G	1259	4,169964	16,84	2934	53,05	4	55,93261272	0,46	0,911002508	10
optimal_loci_323153_G	1587	4,990437	11,97	1083	48,01	3	6,396464691	0,374	0,912355787	9
optimal_loci_323167_G	3016	4,621436	14,03	2609	48,6	3	9,671247734	0,357	0,913159135	8
optimal_loci_323175_G	1231	4,372109	16,73	1382	32,9	3	4,559189803	0,108	0,913435932	8
optimal_loci_323186_G	1843	4,321078	15,74	1443	35,1	4	1,645505895	0,255	0,913984661	8
optimal_loci_323226_G	2150	4,956931	4,33	6625	5125	3	1,715160371	0,388	0,916398822	9
optimal_loci_323236_G	2234	5,756358	35,68	4386	41,98	3	0,645713928	0,286	0,916782377	9
optimal_loci_323245_G	1125	6,23771	0	1236	38,84	4	10,82339644	0,247	0,91735628	8
optimal_loci_323309_G	1114	3,326698	11,67	7739	40,39	2	1,814048648	0,261	0,922004926	5
optimal_loci_323382_G	2195	3,885517	0	1702	4134	3	0,351784324	0,197	0,925502851	4
optimal_loci_323504_G	1351	/844968	1207	4768	50,77	3	10,00230082	0,306	0,929604089	6
optimal_loci_323506_G	1383	1844968	23,5	2288	53,21	3	10,00230082	0,519	0,929633215	6
optimal_loci_323572_G	1464	4,20097	5,33	3734	31,96	3	0,56223439	0,096	0,932442733	6
optimal_loci_323576_G	1252	4,233004	9,11	2001	50	3	1,800225381	0,366	0,933055565	6
optimal_loci_323580_G	2576	4,840521	8,04	6877	53,68	4	1,350169035	0,529	0,933207914	6
optimal_loci_323651_G	1322	6,954356	2,34	1001	51,05	3	1,800137555	0,723	0,938340078	11
optimal_loci_323675_G	1090	5,853752	0	2598	47,52	5	23,92852256	0,368	0,939410539	8
optimal_loci_323680_G	1045	5,853752	0	3062	36,65	6	19,65496044	0,096	0,939634404	8
optimal_loci_323682_G	1378	5853752	0	2574	43,68	6	19,65496044	0,382	0,939658936	8
optimal_loci_323705_G	1125	5,704466	0	1001	47,28	2	11,25071512	0,356	0,9405864	8
optimal_loci_323714_G	1438	5,54673	0	18099	40,95	1	2230143024	0,356	0,940980793	9
optimal_loci_323732_G	1069	5044735	2,81	1001	48,26	4	7,418832457	0,357	0,943227651	9
optimal_loci_323751_G	1264	5,735922	5,62	2001	58,06	4	47,850949	0,599	0,944173223	10
optimal_loci_323848_G	1592	4,451572	17,84	2001	40,38	3	0,485544801	0,544	0,946598688	5
optimal_loci_323894_G	1538	4,520713	24,97	13555	37,06	2	3,557473942	0,322	0,949543946	4
optimal_loci_323982_G	1670	5,334292	2,34	19673	35,86	1	5,390425249	0,076	0,95523808	6
optimal_loci_324071_G	1604	7,853501	11,6	2449	47,81	6	7,223509378	0,373	0,960532955	10
optimal_loci_324072_G	1415	7153501	25,23	1001	46,99	5	8,668211254	0,455	0,960552431	10
optimal_loci_324073_G	1142	7,720317	19,09	2010	47,72	4	11,22037178	0,398	0,960681758	10
optimal_loci_324074_G	1087	7,720317	11,41	1066	36,52	3	14,58505718	0	0,960780068	10
optimal_loci_324094_G	1181	7,562208	0	2001	52,83	5	1,704952667	0,539	0,961588818	9

optimal_loci_324096_G	1122	7,562208	0	2774	55,52	6	1310310167	0,59	0,961611066	9
optimal_loci_324117_G	1496	1684325	19,52	6213	39,63	3	9,424860473	0,255	0,962787796	9
optimal_loci_324149_G	1088	6,671873	16,18	8896	51,47	2	37,29099505	0,403	0,964306153	9
optimal_loci_324152_G	1126	6,671873	21,31	13352	47,86	3	29,16261812	0,483	0,964359169	9
optimal_loci_324308_G	1731	2,524393	17,1	2710	45,69	2	39,91583147	0,324	0,976273215	3
optimal_loci_324320_G	1007	2,524393	17,48	1702	35,15	3	36,33755924	0,157	0,976658162	3
optimal_loci_324328_G	1433	1524393	6,14	16898	29,86	1	37,44619099	0,062	0,976838957	3
optimal_loci_324478_G	3528	2,395895	22	1073	38,8	1	0,350441907	0,224	0,985628723	1
optimal_loci_324826_G	1204	2,114245	0	1001	43,1	2	1140422428	0,202	0,974311637	1
optimal_loci_324981_G	1534	7,041194	16,88	6702	41	1	23,17788869	0,194	0,951583234	2
optimal_loci_324982_G	1399	7141194	16,08	5143	33,95	2	27,84361489	0,103	0,951552116	2
optimal_loci_325185_G	1005	0,37251	17,11	15224	32,63	1	1,786227229	0,253	0,920847924	5
optimal_loci_325196_G	1462	1909597	7,13	5819	42,81	4	6,132933618	0,25	0,920127106	5
optimal_loci_325207_G	2046	3,55228	27,17	3316	34,94	4	5,626063972	0,109	0,919373194	5
optimal_loci_325234_G	1375	9,034325	0	9119	35,27	3	19,10214247	0,096	0,915651038	6
optimal_loci_325313_G	1515	6,95703	29,37	9552	41,71	1	0,21212819	0,15	0,91143519	9
optimal_loci_325362_G	1184	7,529571	7,94	2414	37,58	5	17,5721243	0,232	0,906132056	6
optimal_loci_325381_G	2464	7,496812	8,64	1508	52,15	3	20,14243514	0,456	0,905230818	5
optimal_loci_325392_G	1002	7,418927	2,89	1908	49,4	1	1549840123	0,556	0,904700579	5
optimal_loci_325401_G	1689	8,280732	10,07	2527	37	1	6,733640138	0,054	0,902808583	5
optimal_loci_325492_G	1614	5,292306	35,01	1001	48,38	5	0,817020615	0,493	0,892378922	3
optimal_loci_325501_G	1160	5,826109	32,33	2453	39,74	4	1,041885882	0,177	0,891318743	4
optimal_loci_325528_G	1024	11,747748	0	18784	40,82	2	1,904401991	0,117	0,887768862	4
optimal_loci_325589_G	1901	8381072	7,15	1001	43,45	4	4,246644935	0,263	0,882077226	5
optimal_loci_325682_G	2166	7,645182	2,45	1285	50,5	2	2,158471696	0,411	0,872708802	4
optimal_loci_325689_G	1107	7,690927	29	4314	41,82	3	1,937884524	0,417	0,872397725	4
optimal_loci_325727_G	1890	8,142094	27,04	2981	53,75	3	4,380905888	0,447	0,869396806	3
optimal_loci_325839_G	1583	2,935623	0	4925	53,5	3	2,451477642	0,495	0,858019701	2
optimal_loci_325954_G	1387	2,759307	26,89	1377	44,77	3	0,14356208	0,297	0,851546946	3
optimal_loci_326029_G	1086	0,774363	0	2648	45,58	1	16,98290342	0,284	0,841819102	2
optimal_loci_326190_G	1708	1,427801	8,2	2866	36,41	2	282,2351491	0,132	0,823447505	3
optimal_loci_326246_G	1135	1,734735	5,64	1001	33,74	1	39,46332413	0,213	0,817455868	3
optimal_loci_326265_G	1140	1,848281	0	11938	35,96	1	60,52407382	0	0,815599681	3
optimal_loci_326362_G	1206	2,71434	0	9619	51,16	1	0,705894377	0,661	0,802516447	6
optimal_loci_326363_G	1143	2,71434	20,3	8402	35,17	1	0,705894377	0,169	0,802492156	6

optimal_loci_326427_G	1132	2,645696	17,84	8079	61,48	1	10,19447102	0,616	0,79732982	8
optimal_loci_326455_G	1390	3,917178	0	2292	34,31	2	14,4470283	0,031	0,794518882	8
optimal_loci_326460_G	1325	3,787906	4,75	11052	48,07	1	6,096653269	0,346	0,792756347	8
optimal_loci_326465_G	1170	3,785858	3128	2001	51,53	1	6,096653269	0,668	0,792575689	8
optimal_loci_326491_G	1966	4,024057	24,26	15674	35,3	1	3,967175996	0,042	0,789915609	6
optimal_loci_326516_G	1476	4,024057	7,18	4548	31,09	4	16,99631698	0,037	0,788970699	6
optimal_loci_326617_G	1887	1,626896	12,82	4536	50,55	1	26,27353823	0,482	0,776634691	3
optimal_loci_326665_G	3319	1,323592	5,27	MOO	37,45	1	8,211872554	0,235	0,774275808	4
optimal_loci_326723_G	2042	1,298254	17,78	5869	32,81	1	0,380852956	0,102	0,76818495	5
optimal_loci_326752_G	1111	0143925	12,33	1056	33,39	1	7,148990178	0,156	0,764377086	4
optimal_loci_326763_G	1145	0,880587	10,57	8270	34,58	1	7,148990178	0,111	0,7640601	3
optimal_loci_326869_G	1059	0,578983	9,73	1935	41,17	1	5,988098412	0,369	0,753503014	2
optimal_loci_326876_G	1097	0,578983	21,97	10230	47,94	1	5,988098412	0,317	0,753207385	2
optimal_loci_326971_G	1245	0,856389	12,77	2130	34,85	1	90,17822865	0,091	0,742113593	2
optimal_loci_326987_G	1764	0,887487	3849	2344	3165	2	14,91483207	0,173	0,73994495	2
optimal_loci_327208_G	1989	1,768669	28,36	15818	42,43	2	32,67606686	0,204	0,711294371	4
optimal_loci_327214_G	1189	1,649494	0	1001	59,96	2	1,757881426	0,616	0,710638583	4
optimal_loci_327218_G	1043	1,299766	28,38	2001	32,79	4	0,878940713	0,122	0,71010982	4
optimal_loci_327263_G	1149	0,566012	21,93	3596	34,02	1	85,48960449	0,137	0,705412236	4
optimal_loci_327541_G	1606	0,378526	0	7882	42,4	3	2,925653435	0,169	0,670483114	1
optimal_loci_328032_G	1745	1,004216	0	4368	39,02	1	3,330359098	0,155	0,615886946	1
optimal_loci_329014_G	1036	0,247981	0	17284	48,06	1	7,992144397	0,595	0,512441956	2
optimal_loci_329058_G	1620	0,419932	2,28	2085	39,81	1	22,46586144	0,359	0,507843752	3
optimal_loci_329124_G	2602	0,806474	17,45	9662	33,32	2	1,846803169	0,271	0,500604591	2
optimal_loci_329817_G	1179	0,280411	13,57	16303	35,79	1	25,20864427	0,119	0,410787784	1
optimal_loci_336212_G	1048	0,050939	2,77	2001	38,26	1	0,383884526	0,214	0,212900647	3
optimal_loci_336221_G	1376	0,074066	0	1001	34,15	1	45,45797767	0,076	0,213522545	3
optimal_loci_336223_G	2637	0,074066	0	2866	35,3	1	45,45797767	0,197	0,213582081	3
optimal_loci_336589_G	1329	0,15402	3,91	10371	48,3	1	3,709976638	0,343	0,231737386	2
optimal_loci_336618_G	1249	0,107319	16,41	2046	42,43	2	9,854942238	0,216	0,232698696	2
optimal_loci_336861_G	1068	0,819946	0	7748	37,17	3	1,203727542	0	0,246633023	1
optimal_loci_337001_G	1689	3,400151	1,72	1300	56,83	1	2,889518976	0,469	0,253486678	6
optimal_loci_337002_G	1777	3,400151	31,06	3022	48,39	1	2,889518976	0,412	0,253504287	6
optimal_loci_337006_G	1218	3,93113	12,64	10637	4143	1	63,86359005	0,242	0,254192971	6
optimal_loci_337008_G	1152	3,93113	2,78	8821	55,9	1	63,86359005	0,704	0,254212216	6

optimal_loci_337020_G	2065	3,93113	11,19	17914	49,34	1	63,86359005	0,441	0,254567428	6
optimal_loci_337041_G	1012	4,896046	6,62	11495	32,6	2	10,155477	0,134	0,256278881	6
optimal_loci_337132_G	1098	0,680183	0	1001	36,33	3	18,11862111	0,013	0,263157252	3
optimal_loci_337177_G	1397	0,732142	0	1001	34,57	1	67,47596006	0,068	0,26503633	3
optimal_loci_337179_G	1052	0,732142	0	3191	36,69	2	33,73798003	0,225	0,265244543	3
optimal_loci_337386_G	1067	1,282786	16,4	11023	34,67	2	5,056631506	0,093	0,273274991	3
optimal_loci_337389_G	1004	1,282786	18,43	3365	54,78	2	5,056631506	0,508	0,273353947	3
optimal_loci_337393_G	1161	1,282786	0	3807	34,53	2	5,056631506	0,099	0,273516858	3
optimal_loci_337519_G	1497	1,495248	0	1001	37,4	1	0,065569014	0,271	0,278957047	2
optimal_loci_337594_G	1539	1,797424	4,29	2001	4613	2	48,04458536	0,273	0,28263681	2
optimal_loci_337903_G	1248	0,376152	0	2081	43,1	1	4,122363313	0,341	0,300888077	3
optimal_loci_337961_G	1766	0,611276	25,54	8176	48,47	1	29,32659711	0,364	0,304478996	3
optimal_loci_337968_G	1199	0,628709	36,95	13479	37,61	1	7,471679214	0,214	0,304637142	3
optimal_loci_338132_G	1053	1,14166	29,82	4999	46,53	2	0,484123419	0,313	0,311442867	2
optimal_loci_338241_G	1097	1,318878	0	1001	52,32	1	8,608126529	0,538	0,316082356	3
optimal_loci_338277_G	1416	1,343304	21,44	1113	34,88	1	32,06987753	0,228	0,319022847	3
optimal_loci_338340_G	1981	2,07936	27,31	2424	40,28	2	0,162797934	0,103	0,323406307	5
optimal_loci_338361_G	3364	1,73802	39,39	2995	32,75	2	1,578490427	0,138	0,324168782	4
optimal_loci_338365_G	1026	1,73802	0	17938	32,94	1	15,08480172	0,091	0,32432159	4
optimal_loci_338377_G	1041	1,70954	0	10045	36,4	2	10,84745231	0,289	0,324940521	4
optimal_loci_338568_G	1689	2,091005	2,96	2179	39,66	2	0,683784676	0,145	0,336596515	7
optimal_loci_338573_G	1032	2,091005	6,69	11728	47,77	2	0,683784676	0,535	0,336772076	7
optimal_loci_338612_G	1835	2,091005	1,53	4772	42,39	2	56,0607852	0,286	0,338532184	8
optimal_loci_338613_G	1157	2,091005	0	6743	41,65	2	56,0607852	0,179	0,33855234	8
optimal_loci_338621_G	1593	1,211457	0	2304	43,81	2	9,29867661	0,212	0,339416431	8
optimal_loci_338629_G	1666	1,209202	39,44	2136	36,73	1	45,01835664	0,126	0,339882483	8
optimal_loci_338640_G	1103	1,173564	9,7	7924	41,61	3	0,042870576	0,523	0,340613186	8
optimal_loci_338701_G	1532	1,088373	21,28	1304	39,55	1	8,557735053	0,209	0,342588512	6
optimal_loci_338876_G	1443	1,909161	0	10786	36,72	1	70,38630753	0,083	0,353537343	5
optimal_loci_338902_G	1841	2,202231	5,7	4035	36,06	1	5,216958681	0,201	0,355124273	5
optimal_loci_338910_G	1266	2,202231	14,3	2001	38,38	3	6,31679992	0,15	0,355489599	5
optimal_loci_338914_G	1326	2,202231	17,72	3439	39,81	3	6,31679992	0,28	0,355514581	5
optimal_loci_338978_G	2153	0,237887	24,34	17422	4737	1	0,574048026	0,318	0,357911333	5
optimal_loci_340377_G	1471	0,128573	2,31	2501	48,94	1	5,296000175	0,62	0,423558465	2
optimal_loci_340122_G	1214	0,154417	21,83	2081	36,9	2	0,241421113	0,273	0,425736226	2

optimal_loci_340243_G	1285	0,309199	0	16628	41,4	1	5,527961991	0,271	0,432382588	2
optimal_loci_340323_G	1053	0,174844	12,54	18487	38,08	1	18,19269526	0,091	0,436609896	4
optimal_loci_340357_G	1192	0,144962	17,2	1001	39,26	1	1,414277276	0,163	0,43775594	3
optimal_loci_340413_G	1419	0,041357	12,4	6037	34,31	3	5,654404822	0,136	0,441149997	3
optimal_loci_341136_G	1084	0,215859	27,95	5883	38,28	1	35,96070353	0,192	0,48219798	2
optimal_loci_341139_G	1267	0,236897	0	12674	39,62	3	0,644112947	0,387	0,482524804	2
optimal_loci_342099_G	1241	0,157219	27,16	12156	39,8	1	0,792461874	0,332	0,540775412	2
optimal_loci_342106_G	1138	0,167367	22,23	3268	37,87	1	0,792461874	0,231	0,540994505	2
optimal_loci_342209_G	3650	0,160803	0	18044	37,26	3	1,516835931	0,162	0,547051519	3
optimal_loci_342211_G	1425	0,160803	0	14259	56,84	1	4,550507792	0,419	0,547129626	3
optimal_loci_342226_G	1006	0,141847	0	2588	37,87	3	2,133627369	0	0,548944638	3
optimal_loci_342369_G	1036	0,095183	0	4498	41,79	2	4,218925869	0,07	0,557715412	1
optimal_loci_342566_G	1118	0,473228	4,92	11431	33,27	2	33,10073908	0,121	0,569646128	3
optimal_loci_342573_G	1200	0,473228	11,17	3350	41,08	2	33,10073908	0,328	0,569727926	3
optimal_loci_342630_G	1607	0,375029	13,19	2384	46,42	1	7,162532949	0,417	0,573287656	3
optimal_loci_343273_G	2407	0,076746	0	14662	38,55	1	0,657092098	0,235	0,610813274	6
optimal_loci_343298_G	1678	0,106631	0	2176	33,79	1	0,061112868	0,045	0,612554148	6
optimal_loci_343300_G	1112	0,106631	0	2001	32,01	1	0,061112868	0,118	0,612624534	6
optimal_loci_343303_G	1207	0,106631	0	5521	35,04	1	0,061112868	0	0,612660529	6
optimal_loci_343315_G	1372	0,106631	5,61	11649	55,83	1	0,061112868	0,549	0,612723194	6
optimal_loci_343321_G	1693	0,106631	3,84	15889	36,73	1	0,061112868	0,083	0,612766553	6
optimal_loci_343542_G	1775	0,156242	0	2995	39,94	1	7,568580943	0,207	0,621458371	1
optimal_loci_343678_G	1709	0,207311	0	6332	57,98	1	8,346616583	0,685	0,628266182	2
optimal_loci_343164_G	1119	0,131672	0	4673	33,78	2	9,950613683	0,167	0,631995051	2
optimal_loci_344235_G	1868	1,672953	37,9	1001	38,43	1	6,177172177	0,273	0,65663531	2
optimal_loci_344271_G	1641	1,634375	0	15489	36,86	2	4,059852194	0,171	0,658326383	2
optimal_loci_344386_G	1136	0,424254	0	7579	58,53	1	1,594891297	0,655	0,66537018	6
optimal_loci_344413_G	1029	0,256141	31,1	6131	41,1	1	0,098233318	0,232	0,667932625	7
optimal_loci_344414_G	1532	0,256141	0	12907	39,36	1	0,098233318	0,242	0,668001917	7
optimal_loci_344416_G	1305	0,256141	20,46	15425	40,99	1	0,098233318	0,324	0,668027666	7
optimal_loci_344419_G	1415	0,256141	28,83	17616	37,17	1	0,098233318	0,256	0,668050071	7
optimal_loci_344431_G	1089	0,256141	0	9300	32,87	5	5,757567224	0	0,668507268	7
optimal_loci_344444_G	1510	0,03608	34,64	1102	33,7	2	17,08190378	0,182	0,672298362	6
optimal_loci_344662_G	2289	0,068676	9,44	3682	45,47	1	0,116423696	0,275	0,682401601	4
optimal_loci_344663_G	1629	0,068676	0	15182	46,71	1	0,116423696	0,579	0,682519201	4

optimal_loci_344664_G	1905	0,068676	16,33	16961	38,16	1	0,116423696	0,204	0,682537393	4
optimal_loci_344722_G	1027	0,089344	0	3221	40,4	2	10,88466882	0,136	0,685327449	7
optimal_loci_344806_G	1008	0,087016	15,58	1347	39,48	1	2,111736446	0,326	0,688841407	4
optimal_loci_344833_G	1874	0,092015	37,99	6794	35,64	2	13,68300478	0,113	0,690085754	4
optimal_loci_344835_G	2272	0,092015	1562	2558	36,35	2	13,68300478	0,15	0,690125002	4
optimal_loci_345075_G	1050	0,941624	4,29	4087	48,19	2	10,38812578	0,425	0,705662232	2
optimal_loci_345130_G	1900	0,24741	0	1001	51,89	3	0,410768222	0,565	0,709167304	2
optimal_loci_345196_G	1104	14,806378	19,38	6684	38,94	1	14,28864324	0,17	0,714446402	4
optimal_loci_345197_G	1396	14,806378	18,7	8064	50,57	1	14,28864324	0,339	0,714460514	4
optimal_loci_345198_G	1676	14,806378	0	9756	56,44	1	14,28864324	0,631	0,714477817	4
optimal_loci_345199_G	1862	14,806378	1,5	11736	53,92	1	14,28864324	0,46	0,714498064	4
optimal_loci_345383_G	1122	1,235223	0	1363	56,5	2	23,52732126	0,535	0,727801526	3
optimal_loci_345436_G	2173	1,098005	11,04	7163	47,99	1	0,116197645	0,424	0,730613476	4
optimal_loci_345445_G	1099	1,042066	2,55	3672	48,04	2	0,058098823	0,441	0,730902873	4
optimal_loci_345504_G	1155	1,204393	14,37	2106	45,02	2	1,0430207	0,562	0,734025777	4
optimal_loci_345609_G	1251	1,076506	14,15	9092	29,73	1	0,936554406	0,107	0,739072559	4
optimal_loci_345673_G	1013	0646583	39,98	3678	38,49	5	2,441620813	0,114	0,74335658	3
optimal_loci_3456746	1631	0,646583	2,02	4862	34,7	5	2,441620813	0,123	0,743368688	3
optimal_loci_345796_G	1690	1,42621	0	1598	62,84	3	2,616585699	0,84	0,75811428	1
optimal_loci_345891_G	1983	1,686875	20,68	2001	37,31	4	4,504764772	0,169	0,758411428	2
optimal_loci_345972_G	1241	1,833879	8,62	2651	45,93	1	13,10490254	0,294	0,762626699	4
optimal_loci_346030_G	1300	2,17728	34,69	1111	34,53	5	20,83172464	0,125	0,765615764	4
optimal_loci_346043_G	1159	2,17728	0	1001	48,57	4	11,64341783	0,34	0,766627601	4
optimal_loci_346091_G	1290	3,195069	2,64	3689	51,7	5	6,222244486	0,473	0,768947668	3
optimal_loci_346310_G	1275	1,725889	33,65	2433	43,29	3	0,003698196	0,341	0,783249837	1
optimal_loci_346552_G	1165	1,17696	16,48	5821	34,42	3	2,822765442	0,289	0,797273744	2
optimal_loci_346615_G	1008	1,717574	0	1001	34,72	2	9,751905875	0,17	0,80090022	3
optimal_loci_346640_G	1159	1,62171	37,19	2001	43,39	2	21,33437173	0,334	0,80419216	2
optimal_loci_346775_G	1172	2,781966	0	2101	34,47	4	0,005941032	0,059	0,812911988	6
optimal_loci_346796_G	1004	2,831904	0	6698	43,02	2	32,32774238	0,178	0,81377703	6
optimal_loci_346825_G	1083	2,985857	0	5724	48,29	3	5,555527825	0,283	0,815711114	6
optimal_loci_346833_G	1027	2,985857	0	8254	34,85	3	5,555527825	0,214	0,815986359	6
optimal_loci_346851_G	3006	2,432021	2,5	18964	47,03	1	2,899378136	0,398	0,817534133	6
optimal_loci_346854_G	1384	2,432021	0	15933	46,53	1	2,899378136	0,435	0,817581715	6
optimal_loci_347091_G	1541	1,80067	0	4366	39,58	1	0,241309511	0,329	0,828366449	6

optimal_loci_347093_G	1392	1,80067	6,97	2303	48,2	1	0,241309511	0,561	0,828389069	6
optimal_loci_347106_G	1570	1,887376	17,26	8488	39,74	1	2,9406212	0,3	0,829250777	6
optimal_loci_347126_G	1699	1,400582	3,94	1001	42,67	2	1,098249362	0,283	0,830190623	9
optimal_loci_347203_G	1977	1,391817	3925	5759	35,4	3	8,394905657	0,153	0,831897219	9
optimal_loci_347237_G	1372	1,412704	30,1	2477	45,69	3	2,956389188	0,394	0,83253378	9
optimal_loci_347272_G	1825	1,414807	0	2018	42,41	5	13,8434027	0,134	0,834939572	8
optimal_loci_341273_G	1207	1,41619	7,62	2001	41,83	5	13,8434027	0,208	0,834959676	8
optimal_loci_347279_G	1907	1,507004	2,73	14568	35,86	3	21,81147934	0,099	0,835240361	8
optimal_loci_347340_G	1332	2,644378	0	2765	44,81	3	11,65346402	0,393	0,838574055	12
optimal_loci_347343_G	1322	2,644378	14,22	2001	36,68	3	11,65346402	0,089	0,838608475	12
optimal_loci_347361_G	1358	2,952167	28,13	1968	32,98	4	0,244773727	0,18	0,840458369	11
optimal_loci_347362_G	1084	2,952167	0	3510	36,99	4	0144773727	0	0,840474137	11
optimal_loci_347363_G	1170	2,952167	0	4682	44,52	4	0,244773727	0,34	0,840486122	11
optimal_loci_347364_G	1314	2,952167	18,65	6025	35,54	4	0,244773727	0	0,840499856	11
optimal_loci_347368_G	1032	3,831114	2,71	2513	40,79	2	0,278539843	0,222	0,840730382	11
optimal_loci_347380_G	1599	3,77019	2,56	1001	37,27	2	15,82739769	0,162	0,841199328	11
optimal_loci_347406_G	1861	3,73933	15,26	11254	48,03	1	2,978987118	0,246	0,84240679	11
optimal_loci_347453_G	1218	3,479554	31,61	7612	38,17	2	17,93918215	0,211	0,845346637	12
optimal_loci_347454_G	1005	3,479554	8,96	9044	50,14	2	17,93918215	0,28	0,845361281	12
optimal_loci_347483_G	1182	4,066077	18,44	1001	40,01	3	0,571701642	0,314	0,848075899	13
optimal_loci_347484_G	1193	4,066077	13,75	2269	40,31	3	0,571701642	0,127	0,848088866	13
optimal_loci_347485_G	1669	4,066077	0	3625	43,73	3	0,571701642	0,148	0,848102732	13
optimal_loci_347516_G	1364	3,168465	16,72	12976	32,4	2	3,967507493	0,152	0,850754869	14
optimal_loci_347526_G	1623	3,462814	0	10517	39,92	2	2,64174173	0,284	0,851032374	14
optimal_loci_347529_G	1621	3,462814	33,81	7650	44,29	2	2,64174173	0,364	0,851061712	14
optimal_loci_347531_G	1848	3,462814	19,91	5221	39,33	2	2,64174173	0,239	0,85108423	14
optimal_loci_347544_G	1312	3,483227	0	3175	60,51	2	13,88470493	0,68	0,851552921	15
optimal_loci_347547_G	1139	3,541865	0	1001	47,14	2	13,88470493	0,659	0,851657871	15
optimal_loci_347549_G	1519	3,541865	2,57	3632	57,01	2	13,88470493	0,532	0,851744271	15
optimal_loci_347553_G	1033	3,541865	0	7678	49,17	2	13,88470493	0,353	0,851785645	15
optimal_loci_347607_G	1140	2,7789	0	3943	51,49	2	9,449458974	0,799	0,854916147	14
optimal_loci_347614_G	1663	2,7789	U	1305	49,84	2	9449458974	0,52	0,854991912	14
optimal_loci_347616_G	1737	2,7789	7,83	3370	41,96	2	9,449458974	0,465	0,855016536	14
optimal_loci_347658_G	1665	2,796677	0	13195	51,11	1	1,041656361	0,512	0,856247324	11
optimal_loci_347678_G	1340	2,156062	3,21	4022	41,94	2	4,682364815	0,178	0,857736186	8

optimal_loci_347715_G	1444	2,583486	7,41	3442	37,04	1	0,899716531	0,166	0,859737527	8
optimal_loci_347747_G	1207	2,106643	13,67	3401	35,87	1	3,676816505	0,199	0,861244949	5
optimal_loci_347758_G	1158	1,943157	5,18	2498	58,63	3	7,67055426	0,534	0,861997331	5
optimal_loci_347876_G	2456	3,666985	8,14	13811	45,23	2	15,34132498	0,321	0,867005919	2
optimal_loci_348005_G	1062	2,693711	8,38	1950	50,09	2	19,17872766	0,353	0,872777678	6
optimal_loci_348016_G	2139	2,788758	11,59	19728	37,02	1	32,03601785	0,188	0,873040232	6
optimal_loci_348032_G	1226	3,005753	2,77	6254	37,11	1	4412847994	0,28	0,87370919	6
optimal_loci_348043_G	1097	3,069975	0	8474	36,82	1	0,049762134	0,213	0,874597343	6
optimal_loci_348058_G	1290	1,337936	0	2001	45,42	4	1,65432059	0,197	0,875655514	6
optimal_loci_348059_G	1334	1,337936	3,07	2662	47,15	4	1,65432059	0,311	0,875767101	6
optimal_loci_348161_G	1144	3,040134	2,45	1417	44,58	1	0,361281125	0,363	0,8828381	5
optimal_loci_348184_G	1066	2,863646	23,26	2001	45,77	2	56,2044163	0,389	0,883627848	9
optimal_loci_348197_G	1217	2,845614	10,93	6298	56,94	5	41,31908622	0,483	0,884279605	11
optimal_loci_348220_G	1850	2,845614	6,65	1001	35,94	3	0,13339265	0,366	0,885521161	11
optimal_loci_348227_G	1832	2,667096	12,61	8139	40,44	2	0,1780472	0,16	0,886027719	11
optimal_loci_348258_G	1486	2,596544	4,24	17508	41,58	1	5,082916781	0,268	0,888613704	12
optimal_loci_348259_G	1427	2,599896	0	15784	58,93	1	5,082916781	0,68	0,888631937	12
optimal_loci_348260_G	1283	2,599896	2,57	13792	50,11	1	5,082916781	0,231	0,888653779	12
optimal_loci_348267_G	2868	2,596465	0	3611	46,79	2	2,54145839	0,351	0,888741683	12
optimal_loci_348273_G	1231	2,615721	0	1800	57,59	2	2,54145839	0,578	0,888861706	11
optimal_loci_341274_G	1580	2,615721	0	2721	54,68	2	2,54145839	0,657	0,888877505	11
optimal_loci_348345_G	1220	3,3713	16,39	3000	62,7	2	5,07488221	0,695	0,893053222	11
optimal_loci_348351_G	2074	3,3713	0	1001	54,05	2	5,07488221	0,66	0,893161465	11
optimal_loci_348380_G	1540	3,565892	0	4470	49,41	1	36,07055948	0,244	0,894599043	5
optimal_loci_348407_G	1589	3,230191	7,55	2001	42,85	4	17,43376553	0,6	0,895695747	5
optimal_loci_348413_G	1671	3,44357	2,27	2055	47,99	1	2,161154705	0,282	0,896261841	5
optimal_loci_348595_G	1011	2,539148	0	7328	46,88	3	0,028788209	0,375	0,904423929	4
optimal_loci_348625_G	1075	3,582338	0	3076	46,6	2	20,09546476	0,385	0,906875564	9
optimal_loci_341638_G	1152	3,920426	0	2488	51,56	2	3,616144401	0,635	0,908384295	11
optimal_loci_348650_G	1119	4,096453	2,5	1001	51,83	2	5,365697512	0,744	0,90882286	11
optimal_loci_348656_G	2157	4,461142	0	2001	39,08	3	20,25791153	0,167	0,909573033	11
optimal_loci_348673_G	2970	5,024853	6,84	6116	39,42	1	13,86061	0,184	0,910822647	11
optimal_loci_348674_G	2293	5,057041	16,69	3513	44,43	1	13,86061	0,235	0,910856188	11
optimal_loci_348681_G	1417	4,491635	0	18662	51,58	1	2,079394239	0,626	0,911440515	11
optimal_loci_348686_G	1424	4,491635	2,81	16355	39,81	2	0,8895862	0,199	0,911494693	11

optimal_loci_348706_G	1141	5,43254	0	8742	47,15	4	21,3686937	0,433	0,91218445	11
optimal_loci_348718_G	1357	5,43254	0	7397	37,65	2	17,10132252	0,26	0,912589443	11
optimal_loci_348745_G	1164	5,745961	0	3447	47,76	3	5,059831491	0,281	0,914409476	11
optimal_loci_348776_G	1214	5,746945	0	2105	42,91	1	18,37228919	0,266	0,91725236	6
optimal_loci_348782_G	1856	5,867621	15,73	2951	39,33	3	15,14856851	0,205	0,917991028	4
optimal_loci_348789_G	1148	5,916206	0	10662	35,62	2	20,4015402	0,125	0,918359862	4
optimal_loci_348891_G	1099	4,25654	0	4189	44,94	3	7,39008604	0,301	0,924188109	3
optimal_loci_348915_G	1370	4,455138	0	1001	54,74	3	16,52912743	0,585	0,924626878	3
optimal_loci_348938_G	1377	4,043273	37,11	6377	38,27	2	9,716383878	0,219	0,924971803	3
optimal_loci_349019_G	1035	3,725938	0	1001	36,71	2	3,407436887	0,095	0,930388533	2
optimal_loci_349021_G	1126	3,725938	0	1077	39,34	2	3,407436887	0,308	0,93040465	2
optimal_loci_349151_G	1746	1,373769	3,44	2313	38,25	2	7,831958663	0,116	0,937850311	3
optimal_loci_349158_G	1378	1,366749	39,4	13258	38,53	2	4,073104678	0,276	0,938346315	4
optimal_loci_349253_G	1486	2,258055	0	6240	47,57	1	20,06237141	0,495	0,941973139	8
optimal_loci_349271_G	1018	2,000822	38,51	5239	39,29	3	61,14234665	0,214	0,943145627	8
optimal_loci_349305_G	2010	2,33217	33,58	2266	35,77	3	13,76919714	0,122	0,944319159	7
optimal_loci_349349_G	2262	3,346904	0	2001	52,07	2	9,889886846	0,558	0,946231625	11
optimal_loci_349362_G	1459	3,58563	0	6662	37,62	2	0,498581974	0,196	0,947045302	12
optimal_loci_349363_G	4006	3,58563	9,66	2001	52,09	2	0,498581974	0,53	0,94706692	12
optimal_loci_349390_G	1993	4,318857	9,98	8517	47,81	2	0,802530329	0,413	0,948007615	12
optimal_loci_349407_G	2870	4,200413	0	1559	52,22	3	11,56226082	0,572	0,949603912	11
optimal_loci_349408_G	2531	4,200413	0	2001	59,77	2	17,26865884	0,668	0,949829355	11
optimal_loci_349412_G	1052	4,200413	8,27	9222	43,15	2	17,26865884	0,22	0,949903198	11
optimal_loci_349425_G	2394	4,200413	8,69	1001	32,83	4	1,920441865	0,249	0,950550834	12
optimal_loci_349453_G	1831	3,431716	6,01	2239	47,18	3	42,19195226	0,394	0,951795345	12
optimal_loci_349462_G	1679	3,542513	3,17	17267	47,64	1	0,035765603	0,352	0,952257368	10
optimal_loci_349477_G	1348	3,617395	0	2294	46,95	1	10,01923708	0,344	0,953174727	9
optimal_loci_349522_G	1208	3,713899	28,06	5699	36,25	1	7,704761407	0,228	0,955157927	8
optimal_loci_349552_G	1258	3,508849	0	1095	43,16	4	106,4541469	0,328	0,956661341	7
optimal_loci_349573_G	1492	3,276621	0	2001	50,13	3	56,55013716	0,507	0,958958092	5
optimal_loci_349575_G	1668	3,219831	19,78	1394	39,86	2	84,06388097	0,263	0,959080856	5
optimal_loci_349654_G	3871	4,404321	16,84	1184	38,23	3	150295472	0,112	0,962606574	4
optimal_loci_349709_G	1770	4,581153	1,92	1487	52,82	3	10,93455437	0,555	0,967424303	3
optimal_loci_349752_G	1307	5,253267	13,39	2025	42,46	5	7,349571716	0,213	0,968726305	2
optimal_loci_349833_G	1486	5,070585	11,71	4425	68,3	2	5,397766908	0,752	0,975672096	3

optimal_loci_349870_G	1043	4,807157	39,41	2209	31,73	2	116,3099406	0,015	0,916961438	3
optimal_loci_349892_G	1322	4,261222	33,21	2119	33,2	5	4,920594328	0,204	0,978862717	4
optimal_loci_349951_G	1866	4,353167	0	2208	38,58	4	8,453758358	0,143	0,983696214	6
optimal_loci_349983_G	1294	3,856244	10,43	15034	49,22	1	0,676290675	0,301	0,984917573	5
optimal_loci_350036_G	1230	3,612129	0	1001	39,75	6	29,17479431	0,186	0,986105861	5
optimal_loci_350037_G	1007	3,612129	0	2068	46,97	6	38,23342096	0,414	0,986160376	5
optimal_loci_350039_G	1366	3,612129	8,2	4032	35,94	5	20,5134294	0,351	0,98618046	5

REIVINDICAÇÕES

1. Molécula de ácido nucleico recombinante, caracterizada pelo fato de que compreende:

uma molécula de ácido nucleico não gênica de pelo menos 1 Kb, em que

a. o nível de metilação da referida molécula de ácido nucleico não gênica é de 1% ou menos;

b. a molécula de ácido nucleico não gênica está localizada dentro de uma região de 40 Kb de uma molécula de ácido nucleico codificador de milho expressivo conhecido ou previsto; e

c. a molécula de ácido nucleico não gênica exibe uma frequência de recombinação no genoma do milho superior a 0,00041 cM/Mb, em que a referida molécula de ácido nucleico não gênica é selecionada do grupo que consiste em

SEQ ID NO: 387, identificado como loci_137693_G1,
SEQ ID NO: 463, identificado como loci_265551_G1,
SEQ ID NO: 560, identificado como loci_128078_G1,
SEQ ID NO: 573, identificado como loci_168286_G1,
SEQ ID NO: 1268, identificado como loci_3733_G1,
SEQ ID NO: 2030, identificado como loci_203075_G1,
SEQ ID NO: 2053, identificado como loci_232484_G1,
SEQ ID NO: 4425, identificado como loci_136086_G1,
SEQ ID NO: 2033, identificado como loci_203704_G1,
SEQ ID NO: 2709, identificado como loci_127268_G1,
SEQ ID NO: 2731, identificado como loci_204637_G1,
SEQ ID NO: 3230, identificado como loci_291068_G1,
SEQ ID NO: 3357, identificado como loci_232222_G1,
SEQ ID NO: 3428, identificado como loci_43577_G1,
SEQ ID NO: 424, identificado como loci_204726_G1,
SEQ ID NO: 4529, identificado como loci_232228_G1; e

um DNA de interesse, em que o DNA de interesse compreende uma sequência exógena não nativa e o referido DNA de interesse é inserido na referida molécula de ácido nucleico não gênica para produzir a referida molécula de ácido nucleico recombinante.

2. Molécula de ácido nucleico recombinante, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que o referido DNA de interesse é inserido dentro de 1,5 Kb, 1,25 Kb, 1,0 Kb, 0,75 Kb, 0,5 Kb ou 0,25 Kb de um sítio alvo de dedo de zinco específico para a referida sequência não gênica.

3. Molécula de ácido nucleico recombinante, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que o referido DNA de interesse é inserido entre um par de sítios alvo de dedo de zinco específicos para a referida sequência não gênica,

4. Molécula de ácido nucleico recombinante, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que o referido DNA de interesse compreende um domínio analítico.

5. Molécula de ácido nucleico recombinante, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que o referido DNA de interesse não codifica um peptídeo.

6. Molécula de ácido nucleico recombinante, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que o referido DNA de interesse codifica um peptídeo.

7. Molécula de ácido nucleico recombinante, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que o referido DNA de interesse compreendendo um gene de resistência a insetos, um gene de tolerância a herbicidas, um gene de eficiência de utilização de nitrogênio, um gene de eficiência de utilização de água, um gene de qualidade nutricional, um gene de ligação a DNA ou um gene marcador selecionável.

8. Molécula de ácido nucleico recombinante, caracterizada

pelo fato de que compreende:

uma molécula de ácido nucleico não gênica de pelo menos 1 Kb, em que

a. o nível de metilação da referida molécula de ácido nucleico não gênica é de 1% ou menos;

b. a molécula de ácido nucleico não gênica está localizada dentro de uma região de 40 Kb de uma molécula de ácido nucleico codificador de milho expressivo conhecido ou previsto; e

c. a molécula de ácido nucleico não gênica exibe uma frequência de recombinação no genoma do milho superior a 0,00041 cM/Mb, em que a referida molécula de ácido nucleico não gênica é selecionada a partir do grupo que consiste em

SEQ ID NO: 387, identificado como loci_137693_G1,
SEQ ID NO: 463, identificado como loci_265551_G1,
SEQ ID NO: 560, identificado como loci_128078_G1,
SEQ ID NO: 573, identificado como loci_168286_G1,
SEQ ID NO: 1923, identificado como loci_3733_G1,
SEQ ID NO: 2030, identificado como loci_203075_G1,
SEQ ID NO: 2053, identificado como loci_232484_G1,
SEQ ID NO: 4425, identificado como loci_136086_G1,
SEQ ID NO: 2033, identificado como loci_203704_G1,
SEQ ID NO: 2709, identificado como loci_127268_G1,
SEQ ID NO: 2731, identificado como loci_204637_G1,
SEQ ID NO: 3230, identificado como loci_291068_G1,
SEQ ID NO: 3357, identificado como loci_232222_G1,
SEQ ID NO: 3428, identificado como loci_43577_G1,
SEQ ID NO: 424, identificado como loci_204726_G1, e
SEQ ID NO: 4529, identificado como loci_232228_G1; e

um DNA de interesse, em que o referido DNA de interesse compreende dois ou mais cassetes de expressão gênica e o referido

DNA de interesse é inserido na referida molécula de ácido nucleico não gênica para produzir a referida molécula de ácido nucleico recombinante.

9. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que duas ou mais das referidas moléculas de ácido nucleico não gênica compreendem, cada uma, um DNA de interesse inserido para produzir duas ou mais moléculas de ácido nucleico recombinante, em que as duas ou mais moléculas de ácido nucleico recombinante estão localizadas no mesmo cromossomo.

10. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com a reivindicação 8, caracterizada pelo fato de que pelo menos um dos referidos dois ou mais cassetes de expressão gênica compreende um gene de resistência a inseticidas ou tolerância a herbicidas.

11. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de a referida molécula de ácido nucleico do milho não gênico é selecionada a partir do grupo que consiste em SEQ ID NO: 2731, identificada como local ideal 204637, SEQ ID NO: 4425, identificada como _loci_excelente_136086, SEQ ID NO: 2053, identificado como loci_excelente_232484, SEQ ID NO: 2030, identificado como loci_excelente_203075, SEQ ID NO: 1923, identificado como loci_excelente_3733, SEQ ID NO: 573, identificado como loci_excelente_168286, SEQ ID NO: 560, identificado como loci_excelente_1278 NO: 463, identificado como loci_excelente_265551, SEQ ID NO: 2709, identificado como loci_excelente_127268, SEQ ID NO: 424, identificado como loci_excelente_204726 e SEQ ID NO: 3357, identificado como loci_excelente_232222.

12. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que a referida sequência

não gênica é selecionada do grupo que consiste em SEQ ID NO: 2731, identificada como loci_excelente_204637, SEQ ID NO: 4425, identificada como loci_excelente_136086, SEQ ID NO: 2053, identificado como loci_excelente_232484, SEQ ID NO: 2030, identificado como loci_excelente_203075, SEQ ID NO: 1923, identificado como loci_excelente_3733, SEQ ID NO: 573, identificado como loci_excelente_168286, SEQ ID NO: 560, identificado como loci_excelente_128046 e SEQ NO: 2030, identificado como loci_excelente_265551.

13. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que a referida sequência não gênica é selecionada a partir do grupo que consiste em SEQ ID NO: 2731, identificada como loci_excelente_204637, SEQ ID NO: 2030, identificada como loci_excelente_203075 e SEQ ID NO: 560, identificado como loci_excelente_128078.

14. Uso de uma planta de milho, uma parte de planta de milho, ou uma célula de planta de milho compreendendo uma sequência recombinante como definida em qualquer uma das reivindicações 1 a 13, caracterizado pelo fato de que é para cruzamento com uma segunda planta, regenerar uma planta transgênica, plantar ou cultivar um campo de plantas transgênicas, produzir produtos vegetais ou produzir um produto básico.

15. Método para produzir uma célula vegetal transgênica compreendendo um DNA de interesse, caracterizado pelo fato de que compreende as etapas de:

a. selecionar uma molécula de ácido nucleico genômico de milho não gênica alvo de pelo menos 1 Kb, em que

i. o nível de metilação da referida molécula de ácido nucleico não gênica é de 1% ou menos;

ii. a molécula de ácido nucleico não gênica está

localizada dentro de uma região de 40 Kb de uma molécula de ácido nucleico codificador de milho expressivo conhecido ou previsto; e

iii. a molécula de ácido nucleico não gênica exibe uma frequência de recombinação no genoma do milho superior a 0,00041 cM/Mb, em que a referida molécula de ácido nucleico não gênica é selecionada a partir do grupo que consiste na

SEQ ID NO: 387, identificado como loci_137693_G1,
SEQ ID NO: 463, identificado como loci_265551_G1,
SEQ ID NO: 560, identificado como loci_128078_G1,
SEQ ID NO: 573, identificado como loci_168286_G1,
SEQ ID NO: 1268, identificado como loci_3733_G1,
SEQ ID NO: 463, identificado como loci_203075_G1,
SEQ ID NO: 2053, identificado como loci_232484_G1,
SEQ ID NO: 4425, identificado como loci_136086_G1,
SEQ ID NO: 2033, identificado como loci_203704_G1,
SEQ ID NO: 2709, identificado como loci_127268_G1
SEQ ID NO: 2731, identificado como loci_204637_G1,
SEQ ID NO: 3230, identificado como loci_291068_G1,
SEQ ID NO: 3357, identificado como loci_232222_G1,
SEQ ID NO: 3428, identificado como loci_43577_G1,
SEQ ID NO: 424, identificado como loci_204726_G1, e
SEQ ID NO: 4529, identificado como loci_232228_G1;

b. selecionar uma nuclease específica que se liga especificamente a um local e cliva a referida molécula alvo de ácido nucleico genômico de milho não gênica;

c. introduzir a referida nuclease sítio-específica numa célula vegetal de milho;

d. introduzir o DNA de interesse na célula vegetal;

e inserir o DNA de interesse na referida molécula alvo de ácido nucleico genômico de milho não gênica; e,

f. selecionar células vegetais transgênicas compreendendo o DNA de interesse inserido na referida molécula de ácido nucleico não gênica.

16. Método para produzir uma célula vegetal transgênica de acordo com a reivindicação 15, caracterizado pelo fato de que o referido DNA de interesse é integrado dentro do referido local não gênico por meio de um método de integração de reparo direcionado por homologia.

17. Método para produzir uma célula vegetal transgênica de acordo com a reivindicação 15, caracterizado pelo fato de que o referido DNA de interesse é integrado dentro do referido local não gênico por meio de um método de integração de união de extremidade não homóloga.

18. Método para produzir uma célula vegetal transgênica de acordo com a reivindicação 15, caracterizado pelo fato de que dois ou mais do referido DNA de interesse são inseridos em dois ou mais dos referidos loci genômicos de milho não gênicos alvo que estão localizados no mesmo cromossomo.

19. Uso, de acordo com a reivindicação 14, em que a referida planta de milho, parte de planta de milho, ou célula de planta de milho compreende uma sequência recombinante selecionada do grupo que consiste em loci_137693_G1 (SEQ ID NO:387), loci_265551_G1 (SEQ ID NO:463), loci_128078_G1 (SEQ ID NO:560), loci_168286_G1 (SEQ ID NO:573), loci_3733_G1 (SEQ ID NO:1268), loci_203075_G1 (SEQ ID NO:2030), loci_232484_G1 (SEQ ID NO:2053), loci_136086_G1 (SEQ ID NO:4425), loci_203704_G1 (SEQ ID NO:2033), loci_127268_G1 (SEQ ID NO:2709), loci_204637_G1 (SEQ ID NO:2731), loci_291068_G1 (SEQ ID NO:3230), loci_232222_G1 (SEQ ID NO:3357), loci_43577_G1 (SEQ ID NO:3428), loci_204726_G1 (SEQ ID NO:424), e loci_232228_G1 (SEQ ID NO: 45290), em que pelo menos um dos seguintes é preenchido:

(i) a planta compreende duas ou mais das referidas sequências recombinantes,

(ii) a referida sequência recombinante está localizada no mesmo cromossoma,

(iii) o referido DNA de interesse é inserido próximo a um sítio alvo de indicador de zinco específico para a referida sequência não gênica,

(iv) o referido DNA de interesse é inserido entre um par de sítios alvo de indicador de zinco específicos para a referida sequência não gênica,

(v) o referido DNA de interesse compreende um cassete de expressão genética compreendendo um gene de resistência a insetos, um gene de tolerância a herbicidas, um gene de eficiência de utilização de nitrogênio, um gene de eficiência de utilização de água, um gene de qualidade nutricional, um gene de ligação a DNA e um gene marcador selecionável;

caracterizado pelo fato de é para cruzamento com uma segunda planta, regenerar uma planta transgênica, plantar ou cultivar um campo de plantas transgênicas, produzir produtos vegetais ou produzir um produto básico.

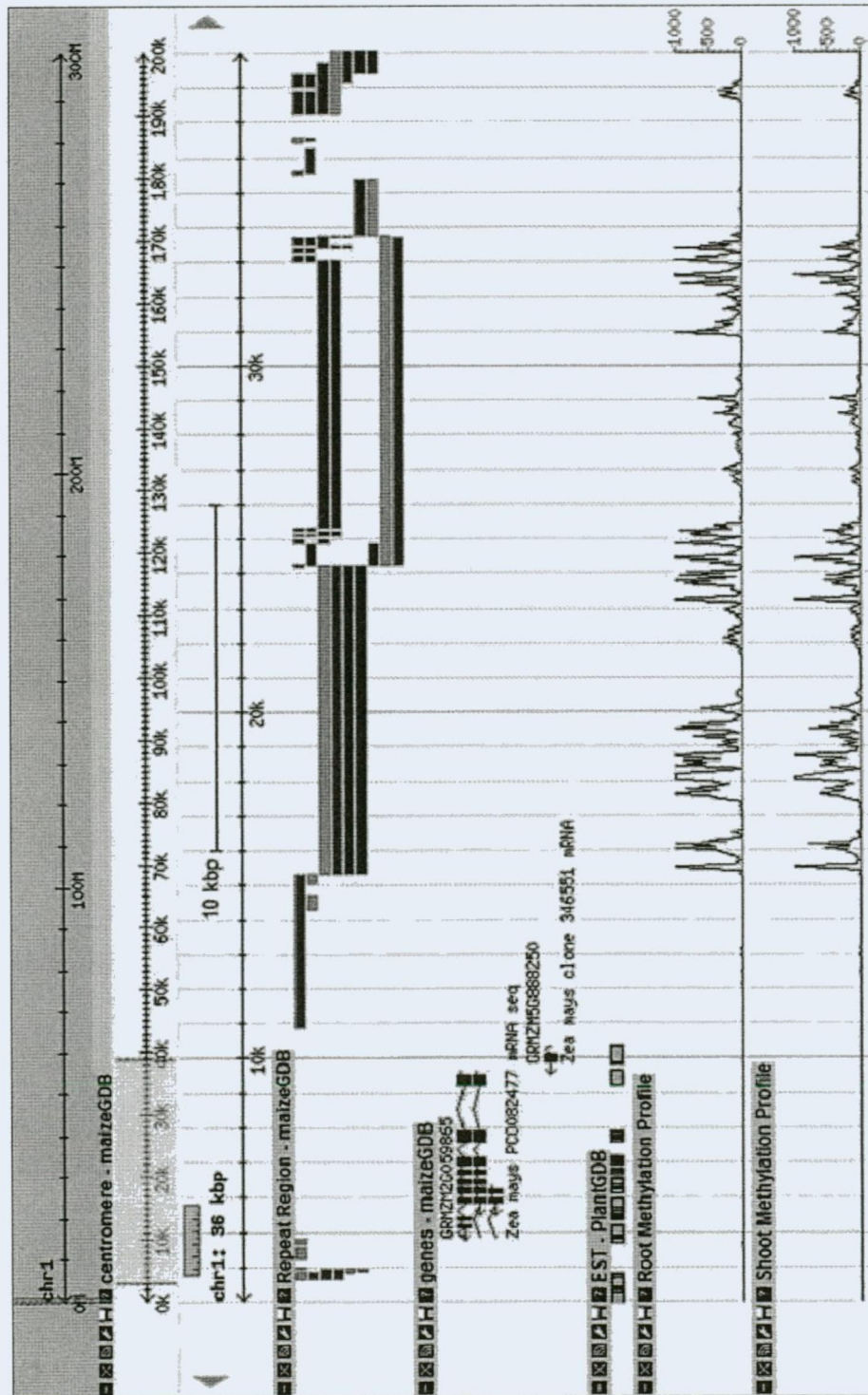


Fig. 1

Distribuição de comprimento de regiões hipometiladas de maïs

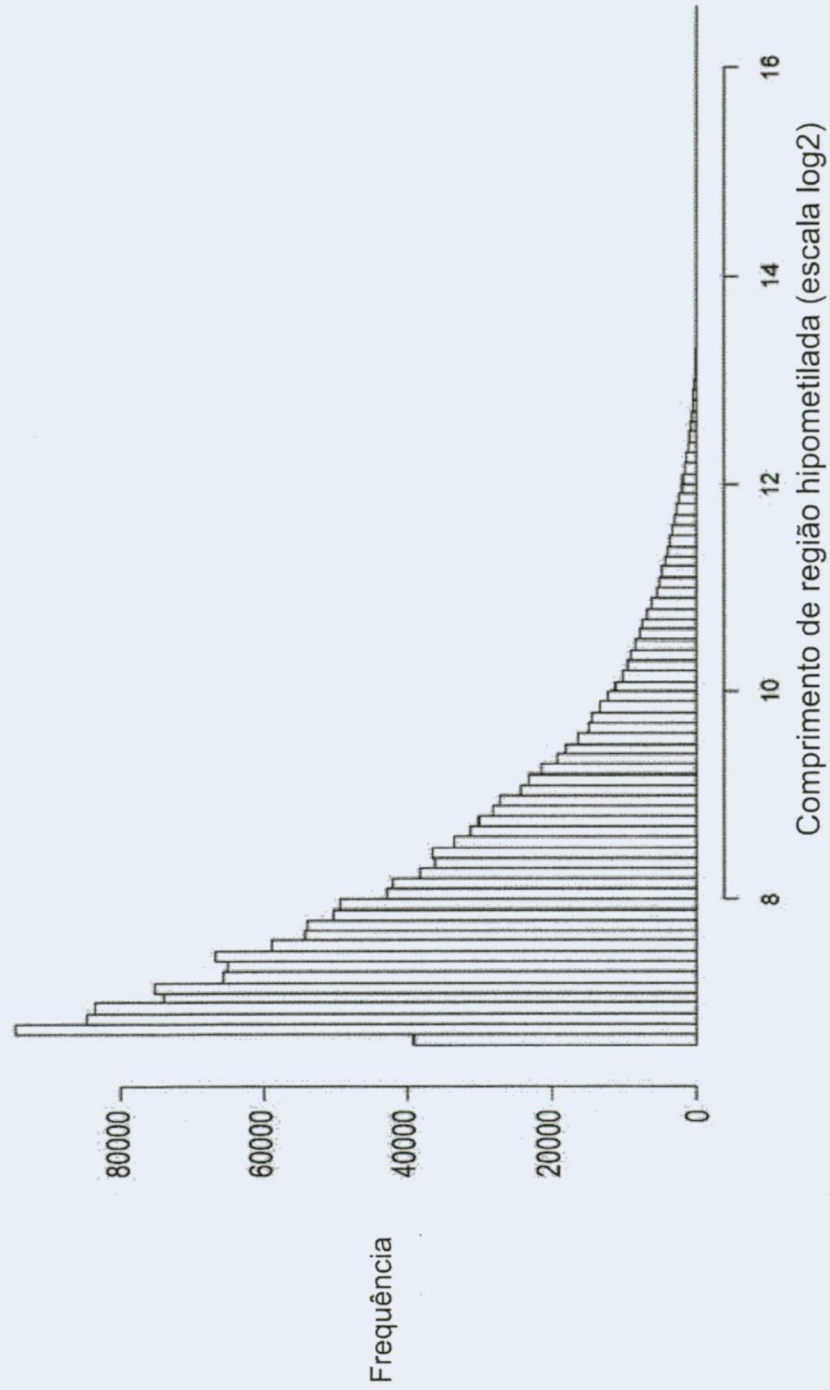


Fig. 2

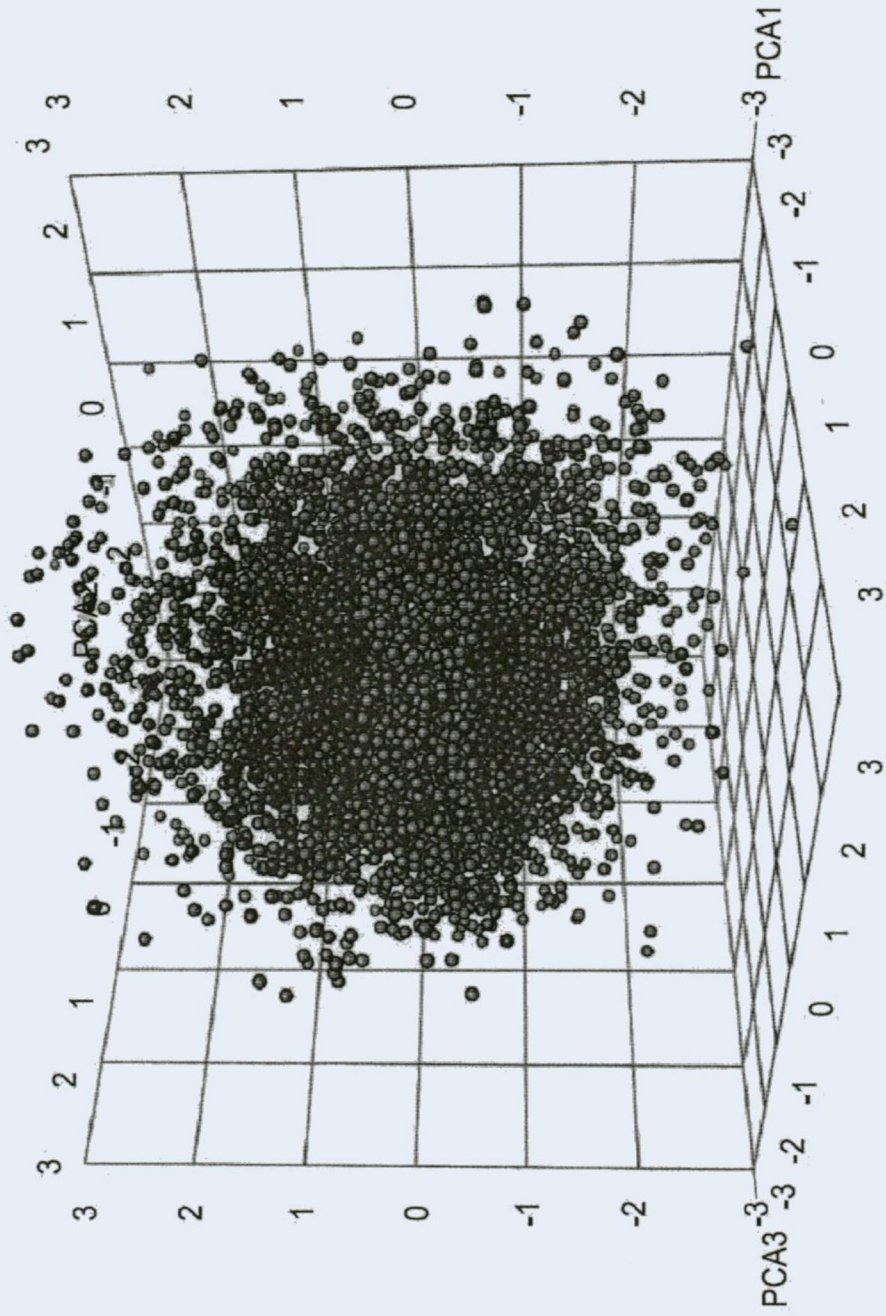


Fig. 3

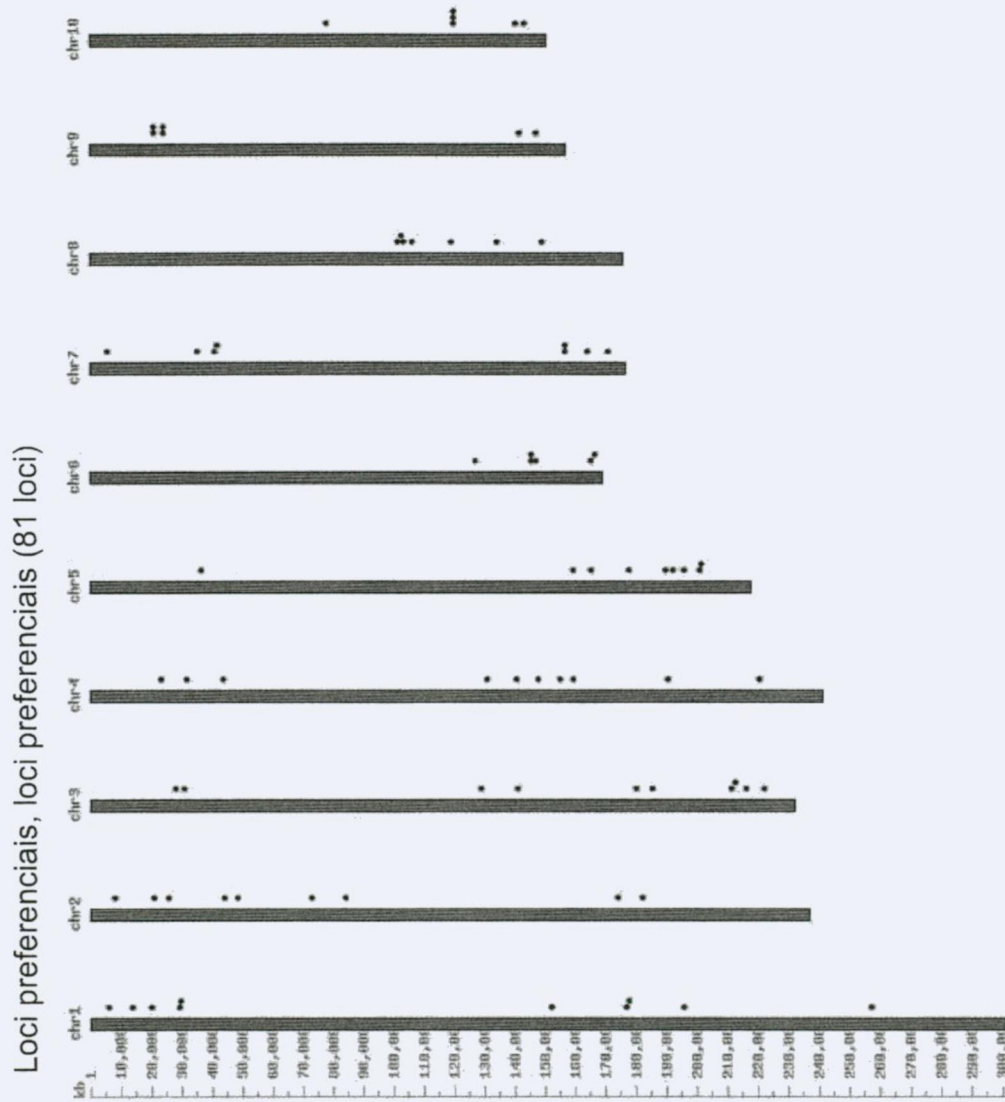


FIG. 4

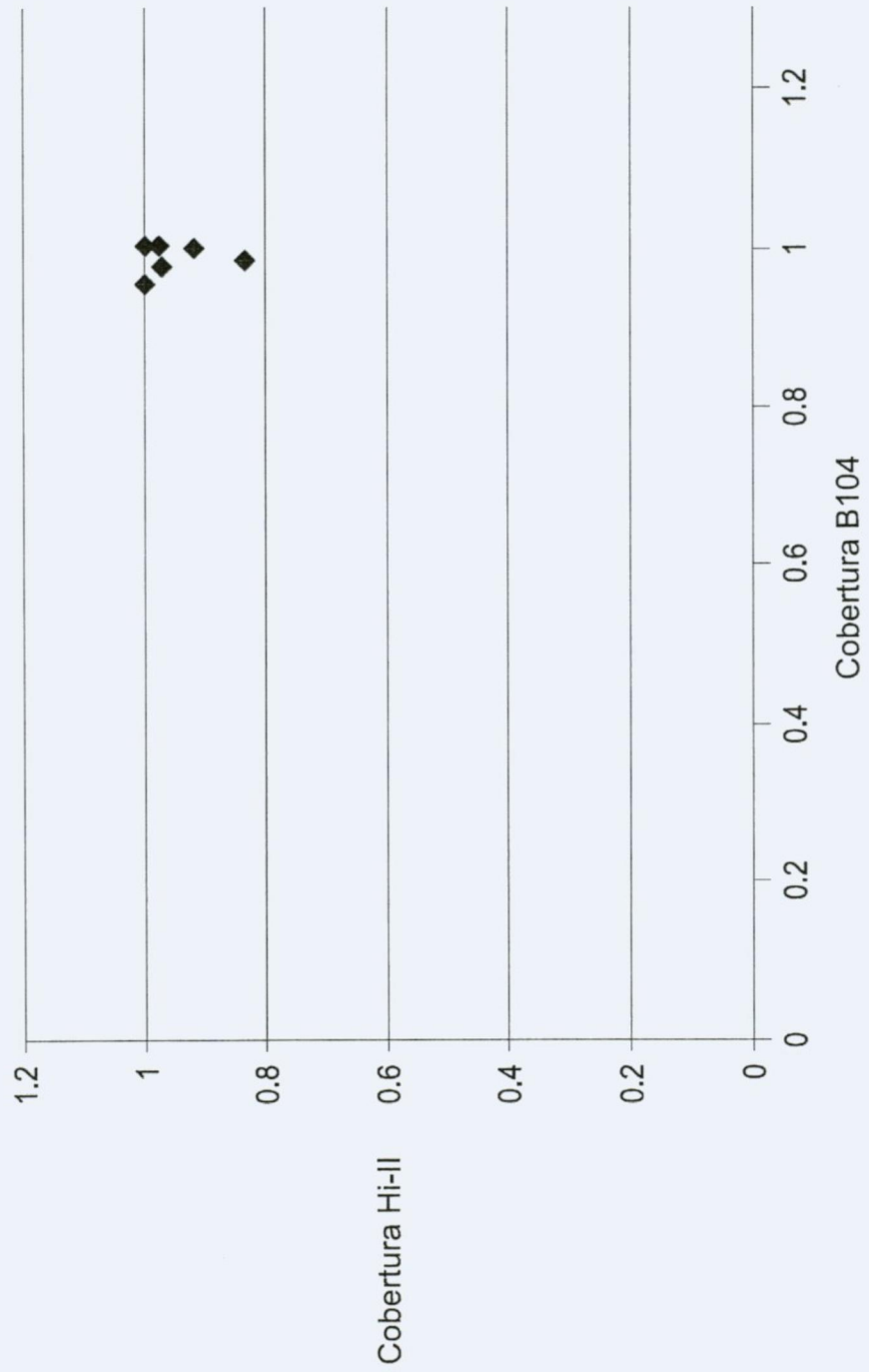


Fig. 5

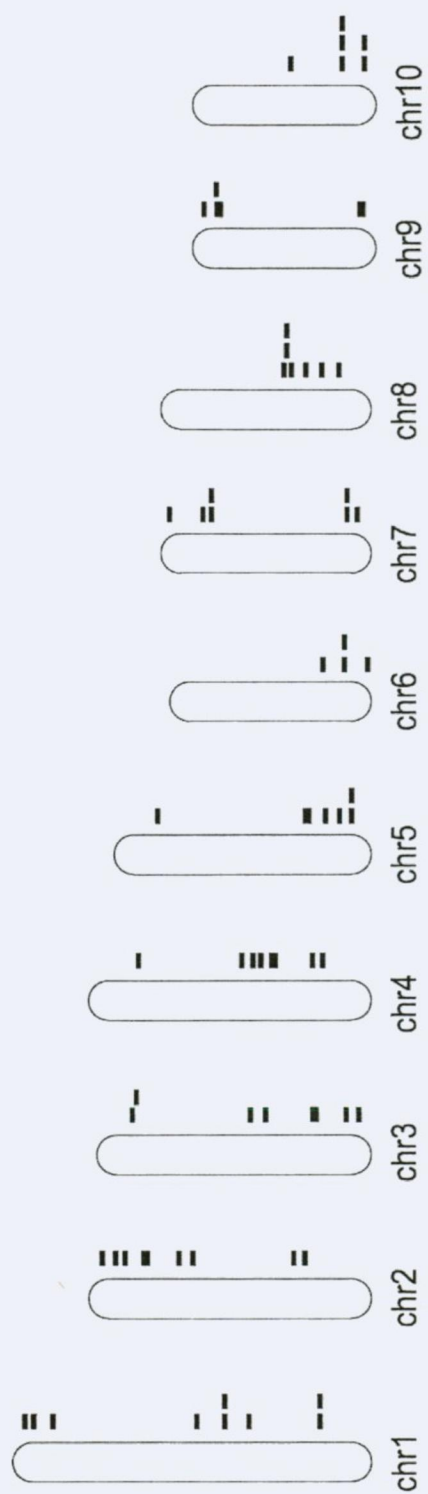


Fig. 6

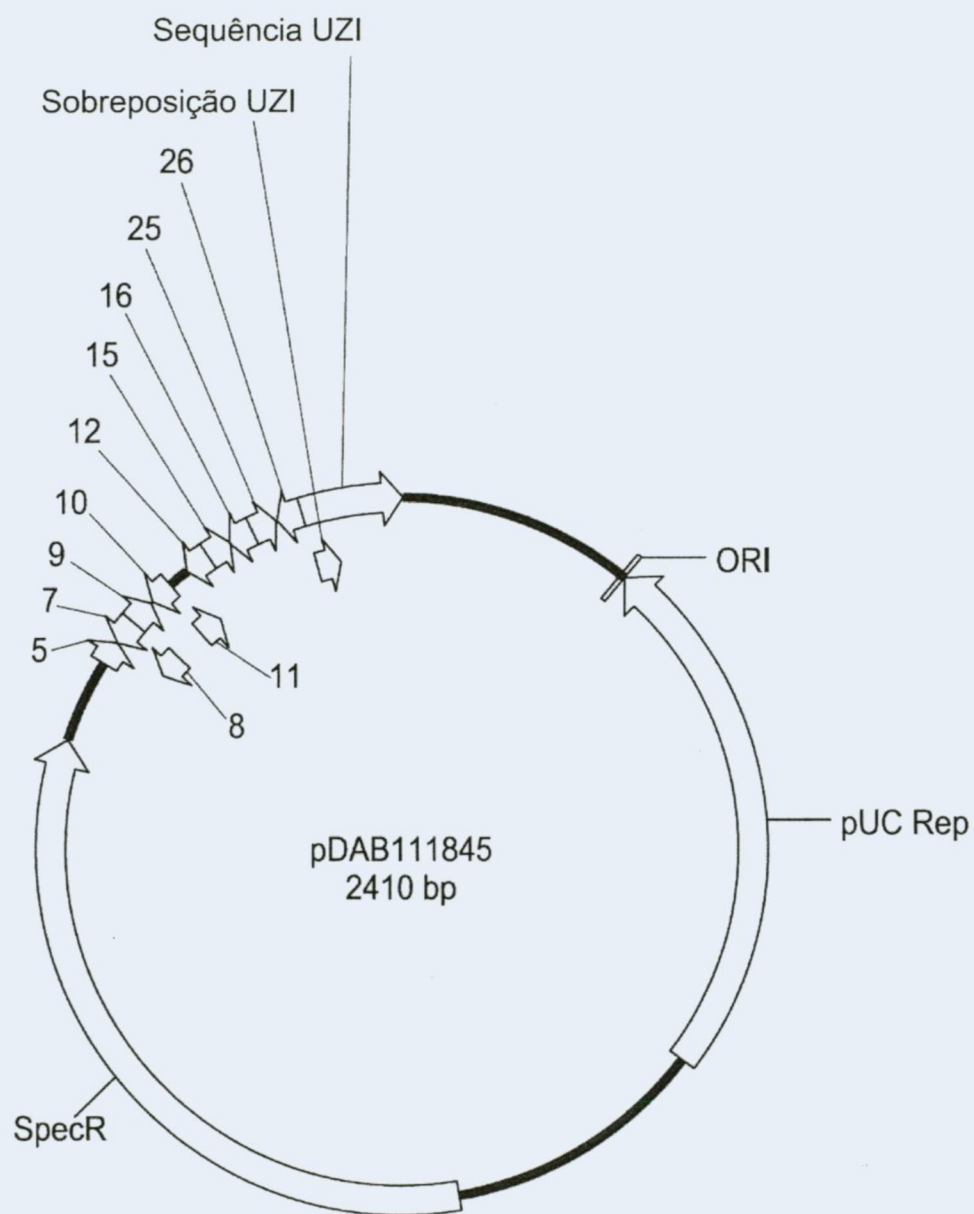


Fig. 7

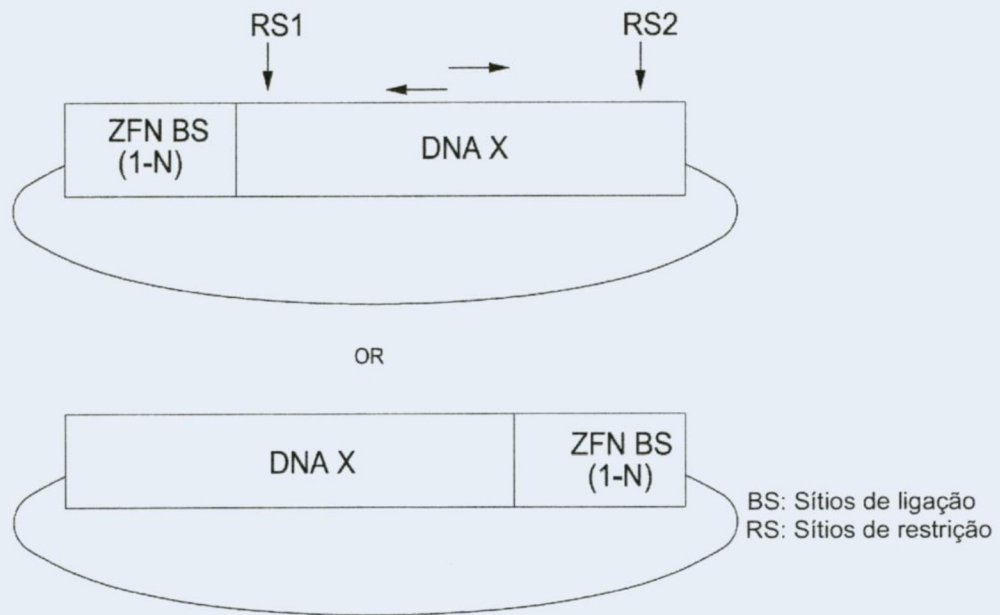


Fig. 8

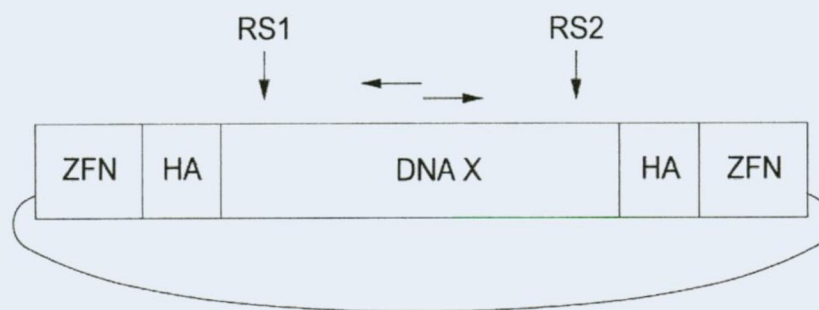


Fig. 9

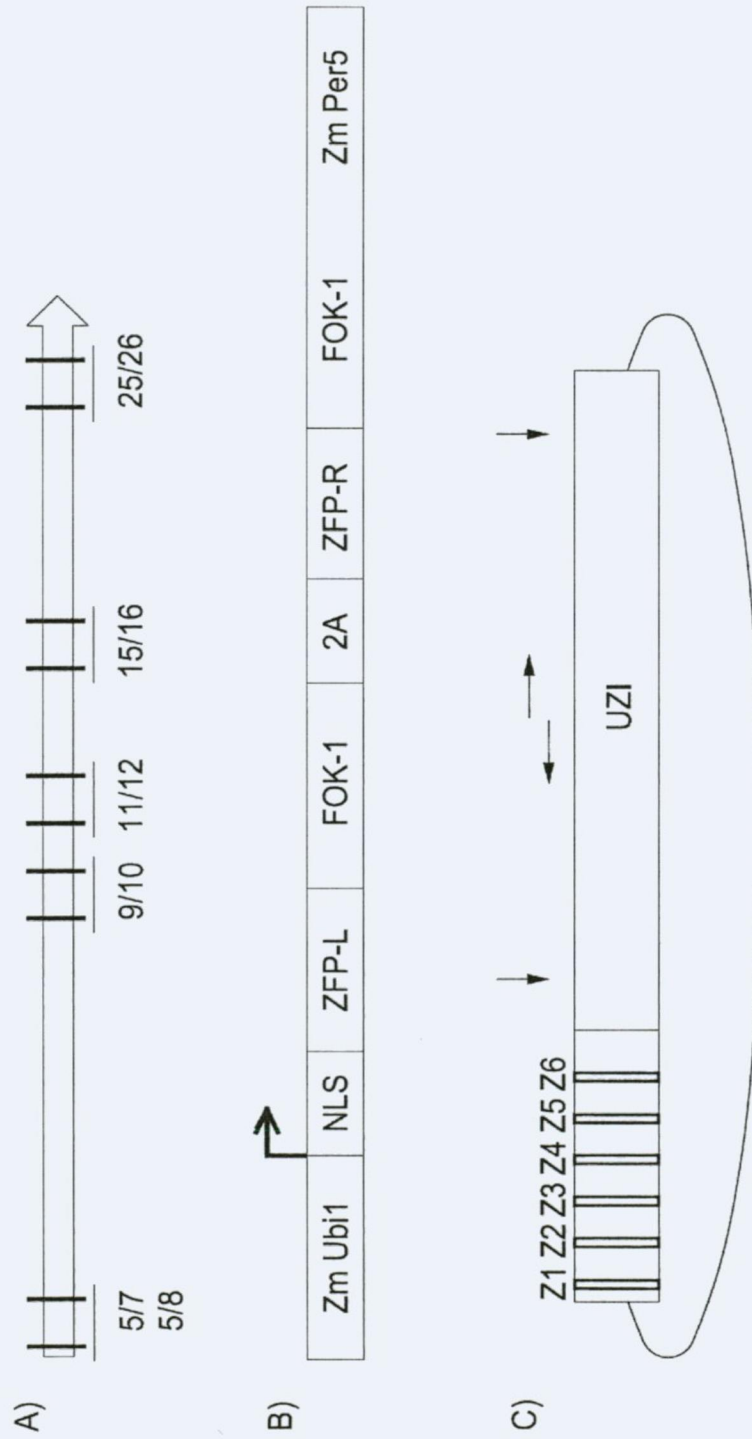


Fig. 10

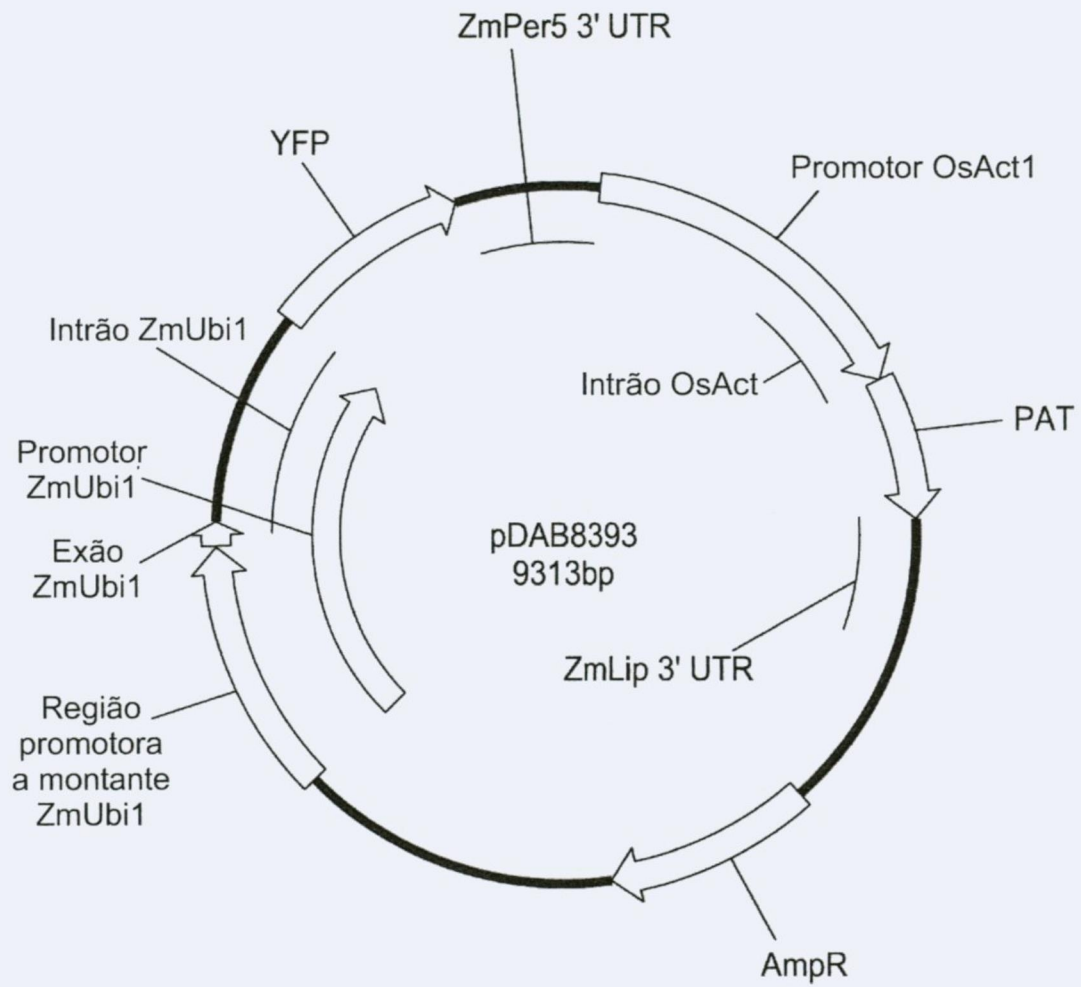
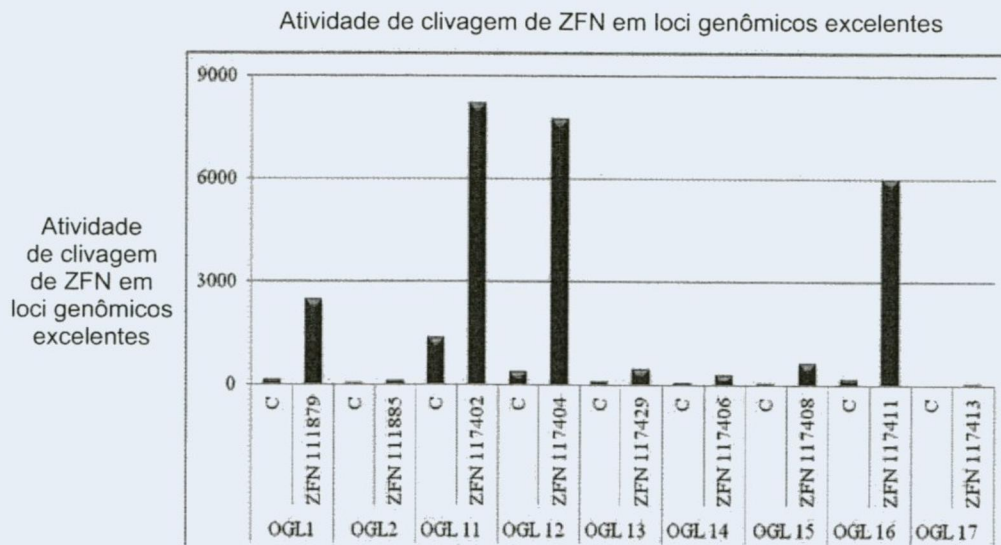


Fig. 11



ID	Nome	Tratamento	# de leituras de indels/1M HQ
optimal_loci_204637	OGL1	C	115.1827783
		ZFN 111879	2458.971273
optimal_loci_204726	OGL2	C	10.86457474
		ZFN 111885	102.9851891
optimal_loci_31710	OGL11	C	1359.364352
		ZFN 117402	8209.320688
optimal_loci_156393	OGL12	C	368.6331485
		ZFN 117404	7748.53473
optimal_loci_157315	OGL13	C	79.11178495
		ZFN 117429	453.3253803
optimal_loci_197372	OGL14	C	48.99318995
		ZFN 117406	277.1403482
optimal_loci_198387	OGL15	C	45.49262935
		ZFN 117408	622.2166624
optimal_loci_232228	OGL16	C	163.1649867
		ZFN 117411	5980.912998
optimal_loci_285621	OGL17	C	0
		ZFN 117413	4.815941547

Fig. 12

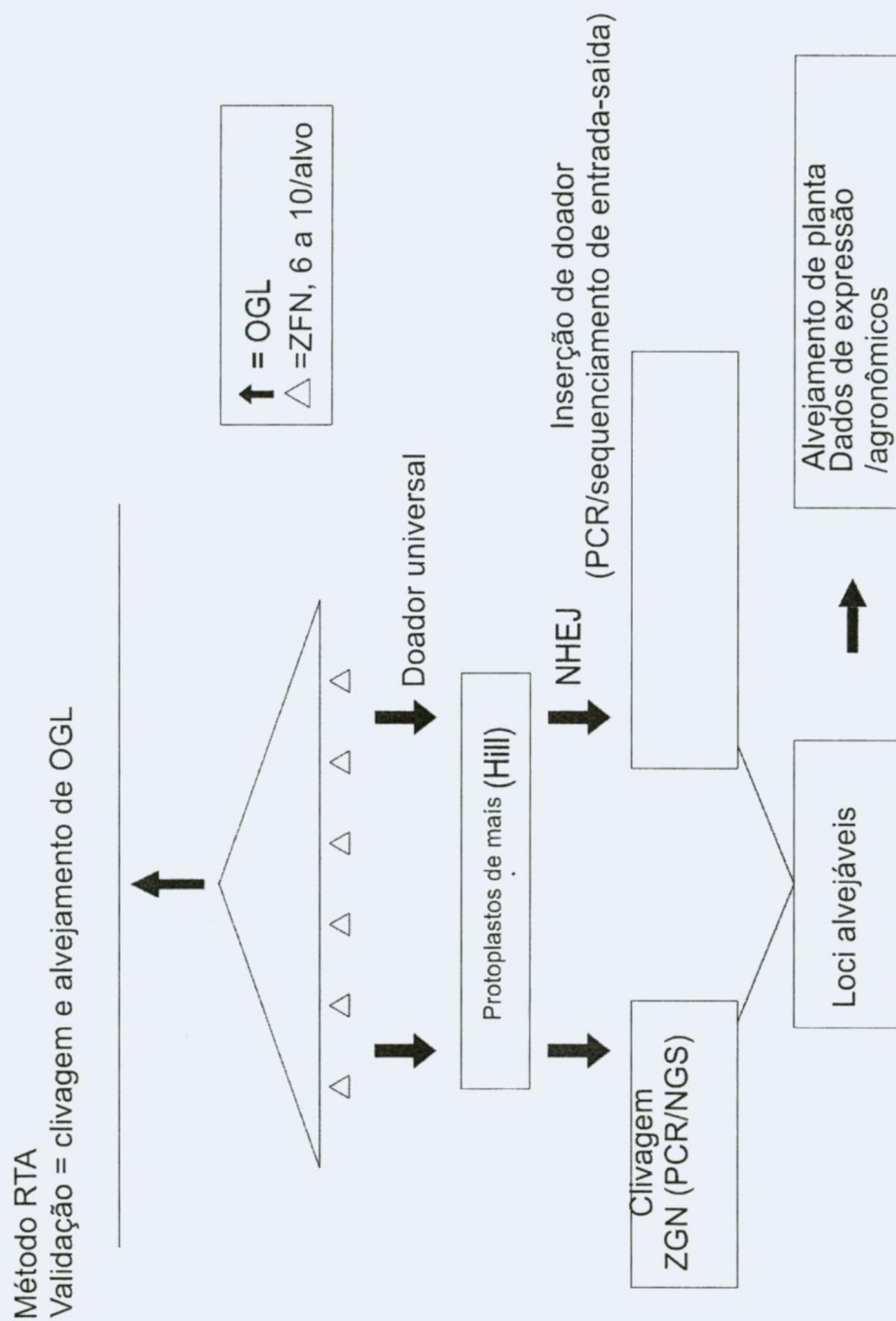


Fig. 13

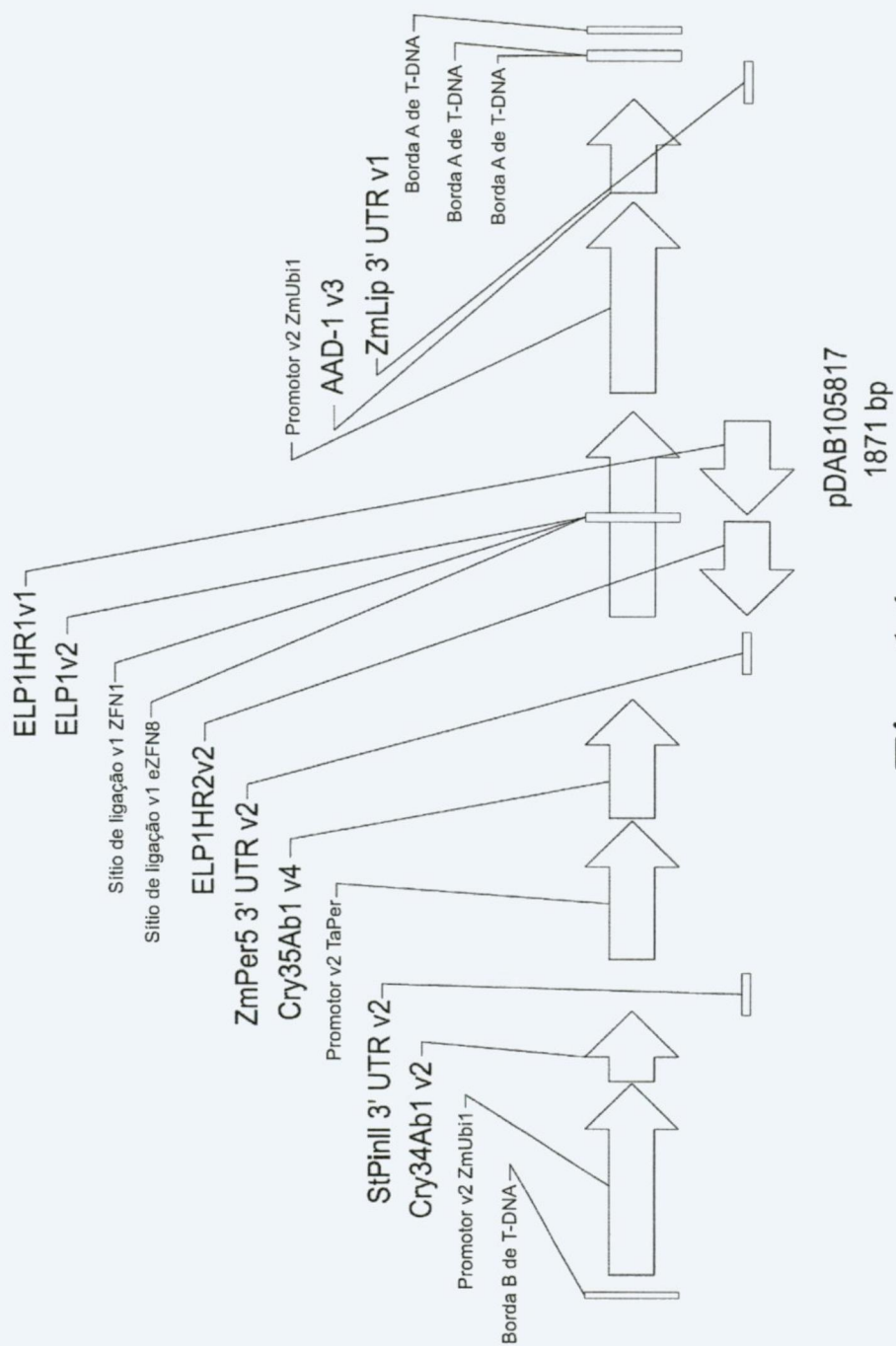


Fig. 14

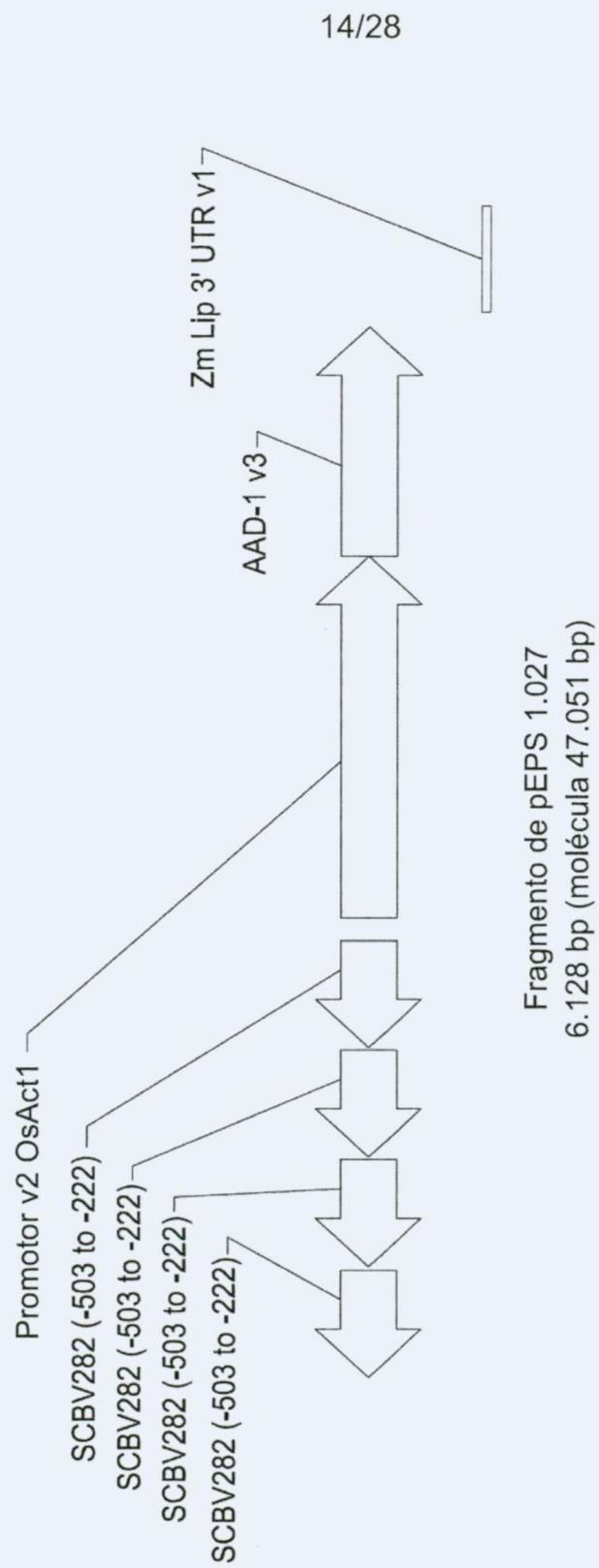


Fig. 14B

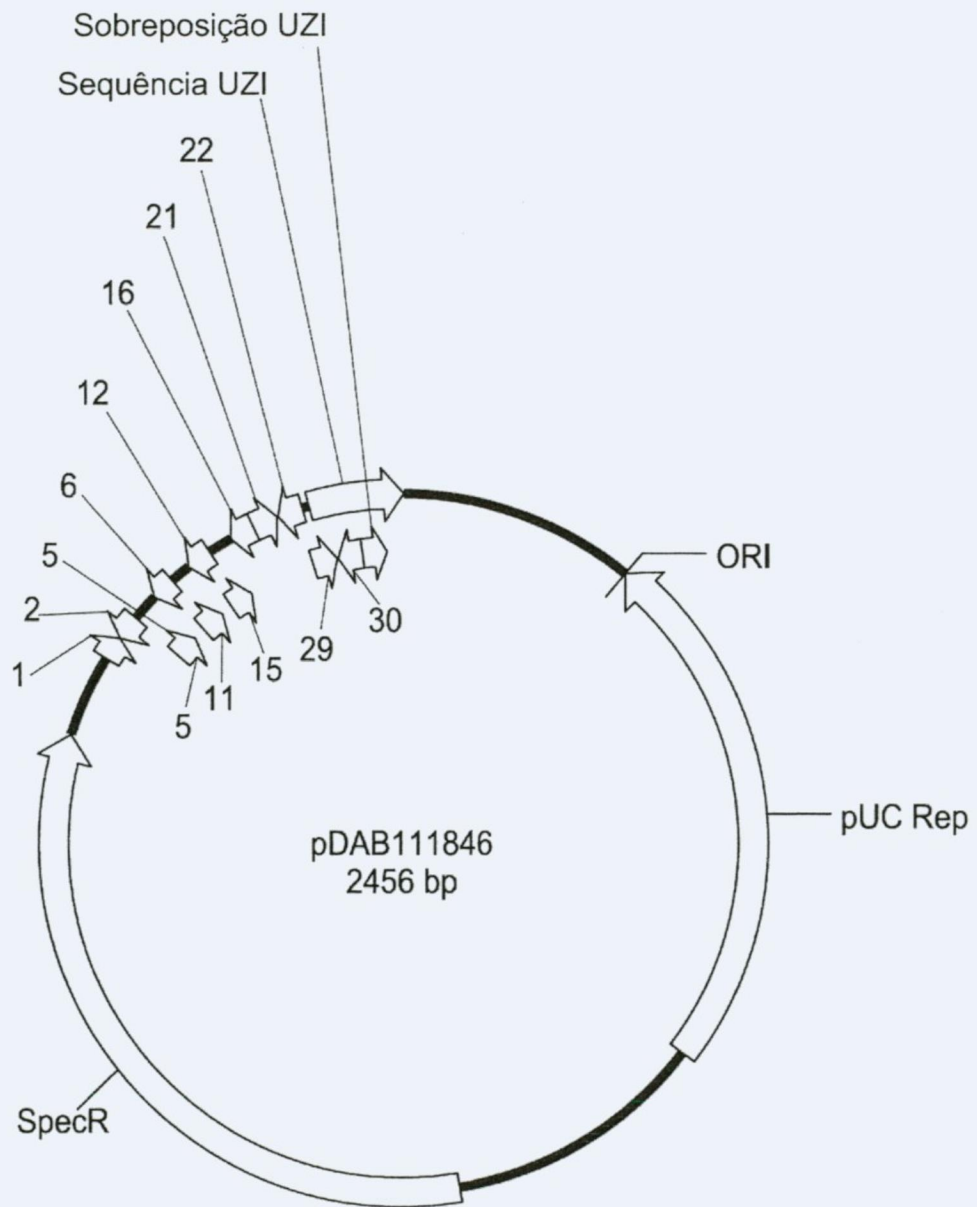


Fig. 15

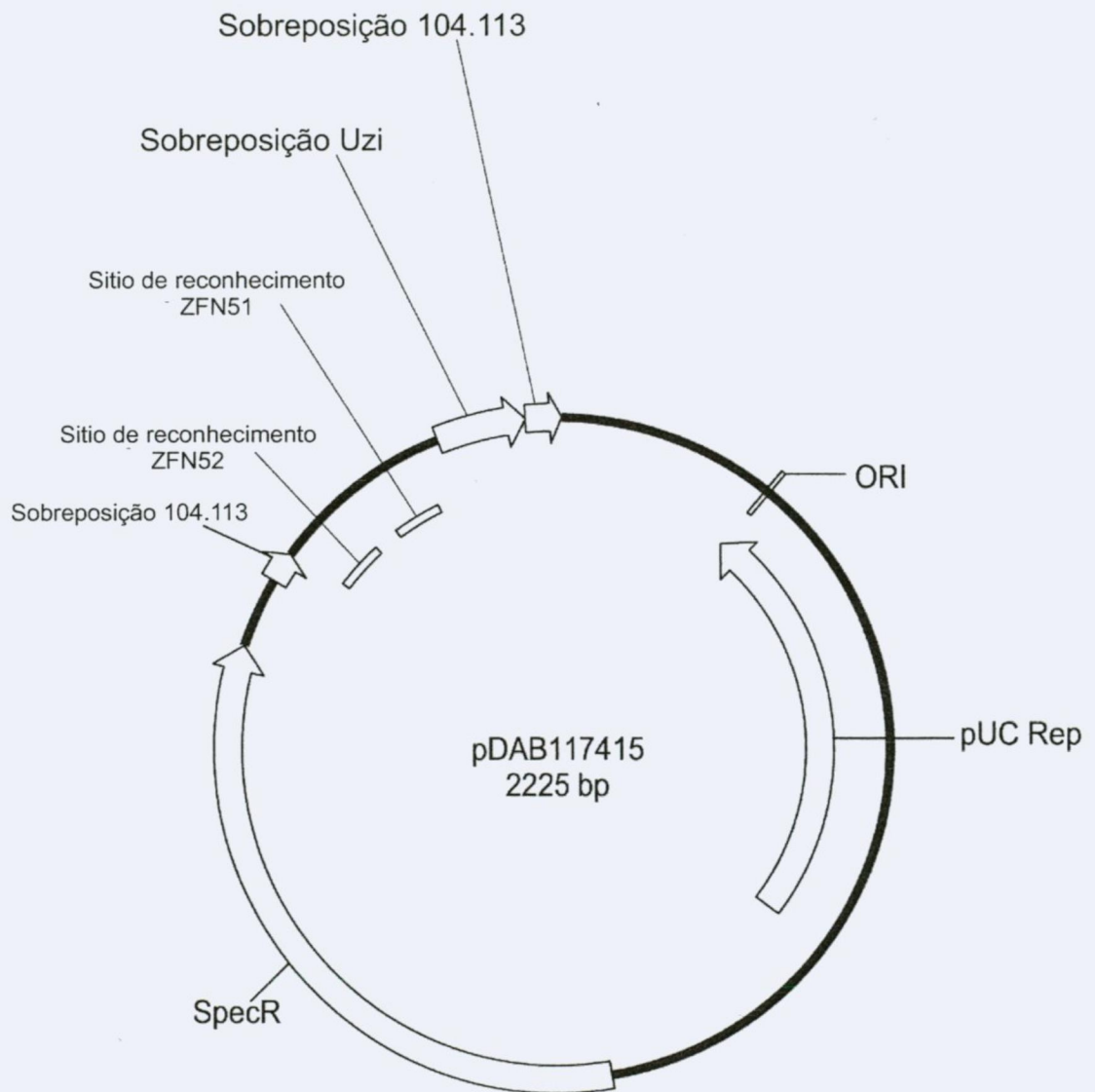


Fig. 16

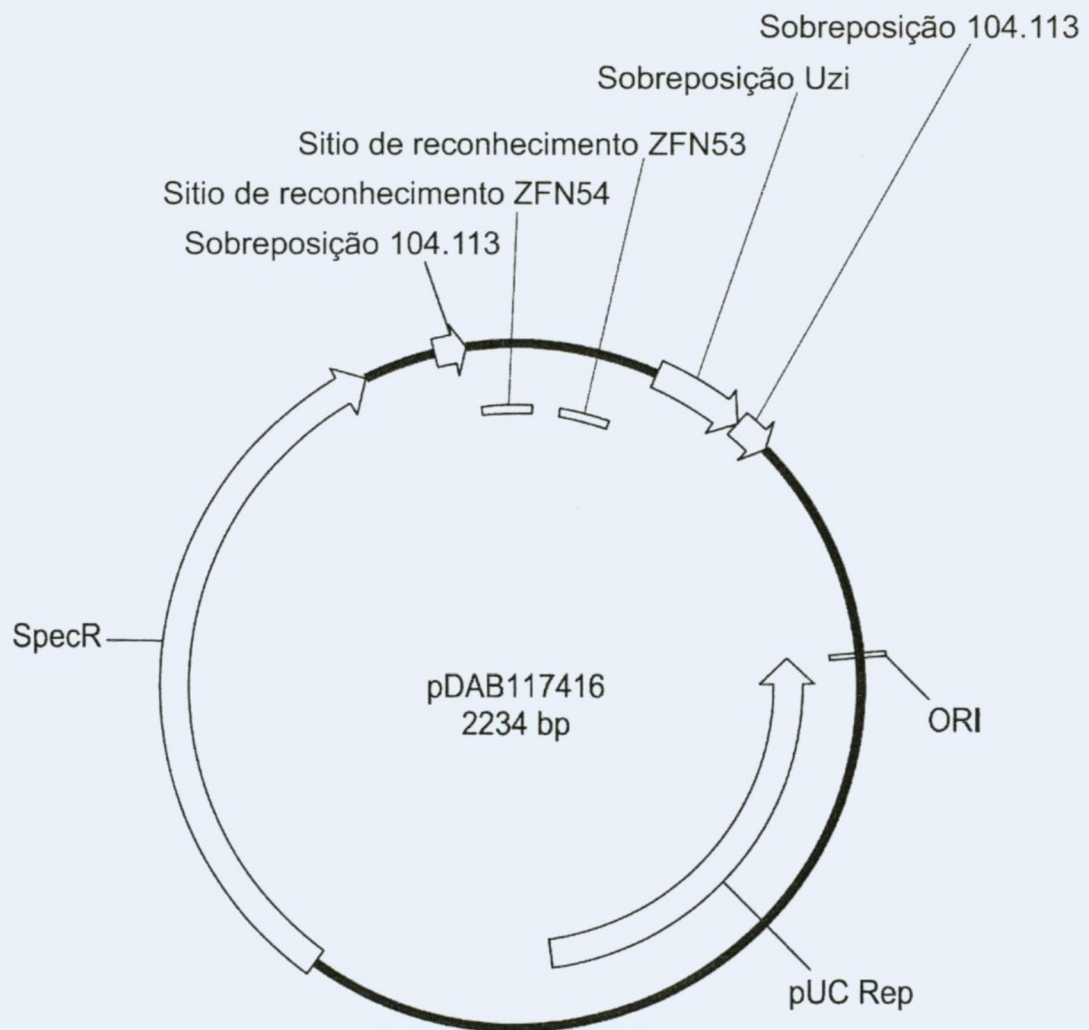


Fig. 17

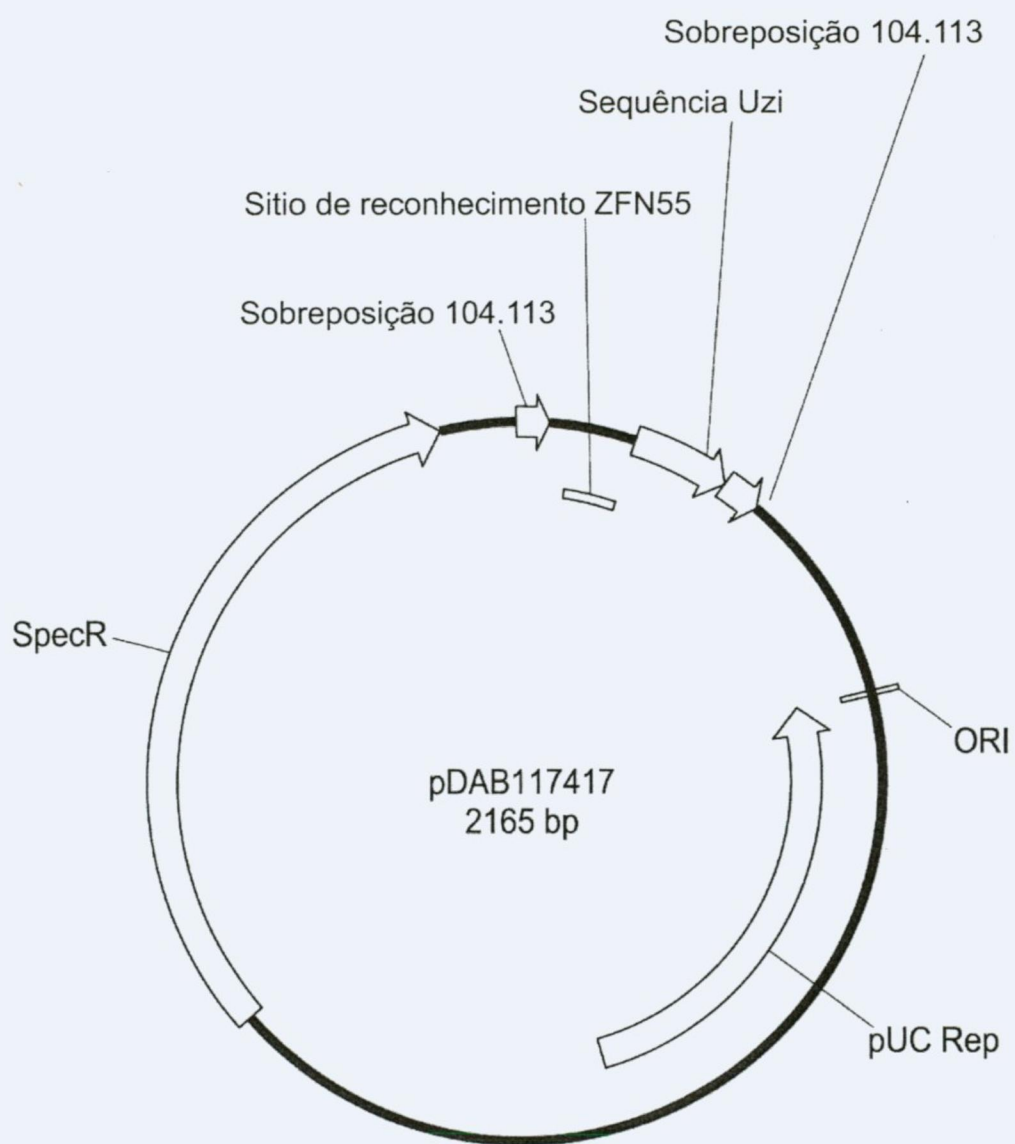


Fig. 18

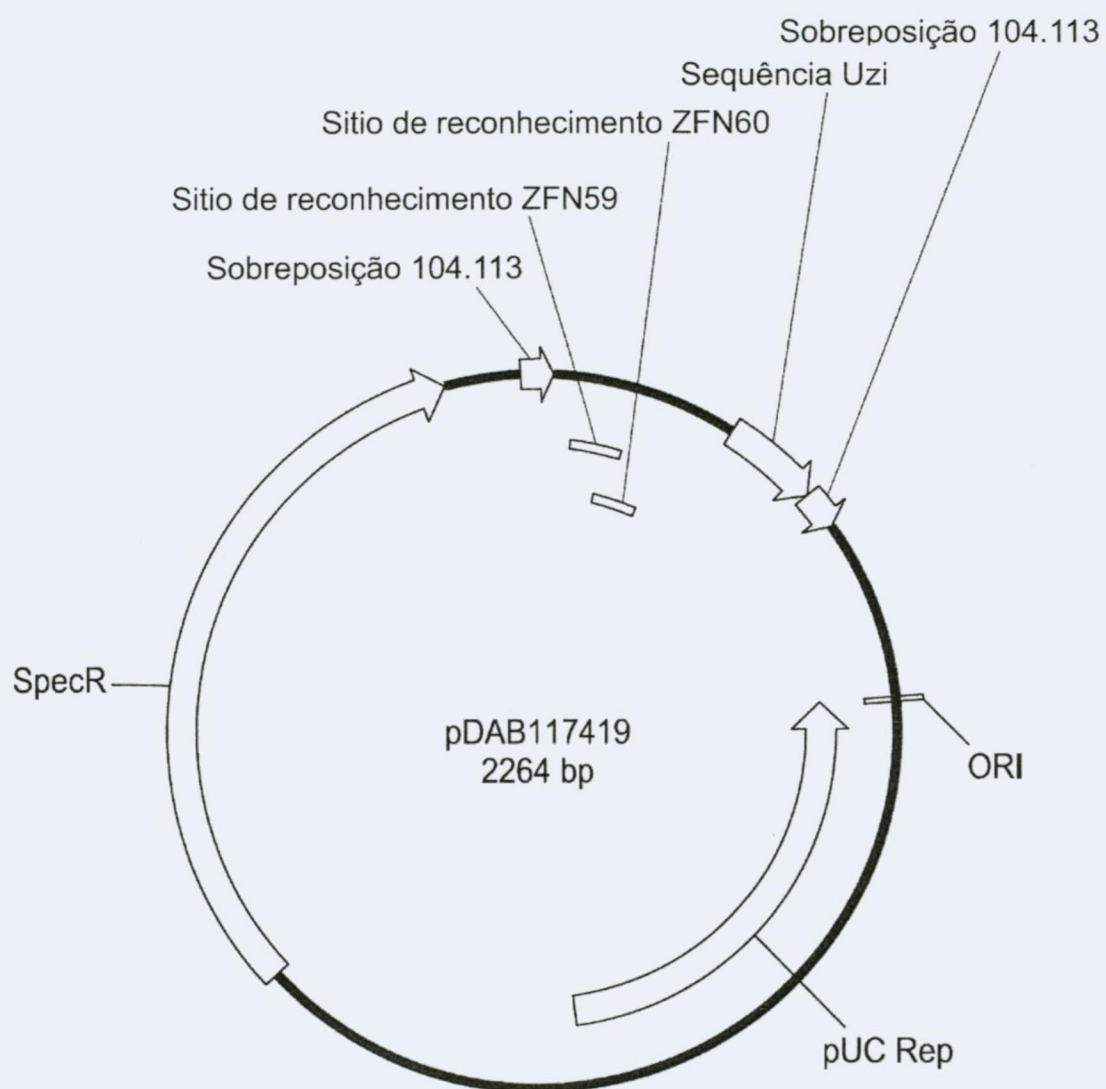


Fig. 19

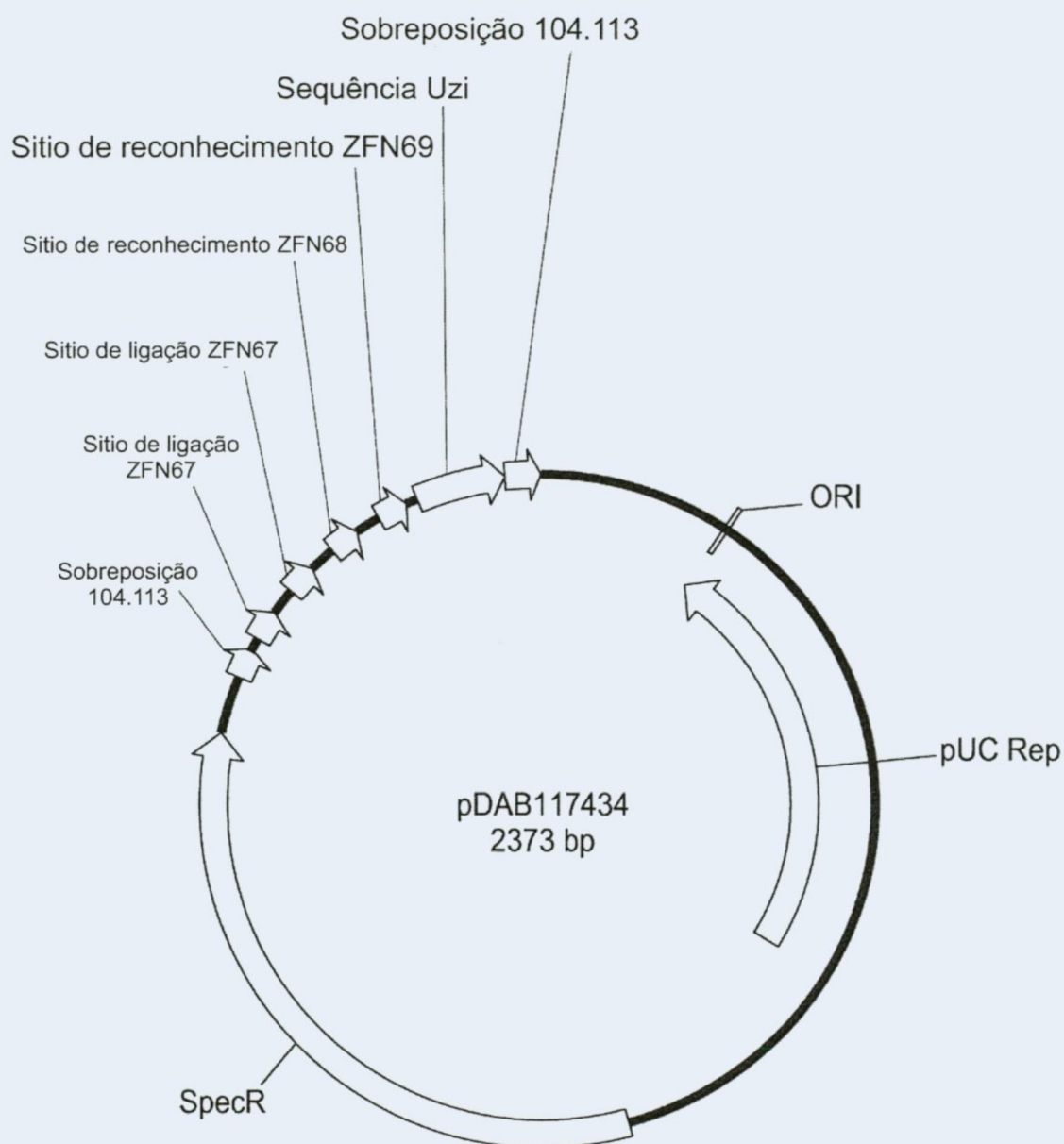


Fig. 20

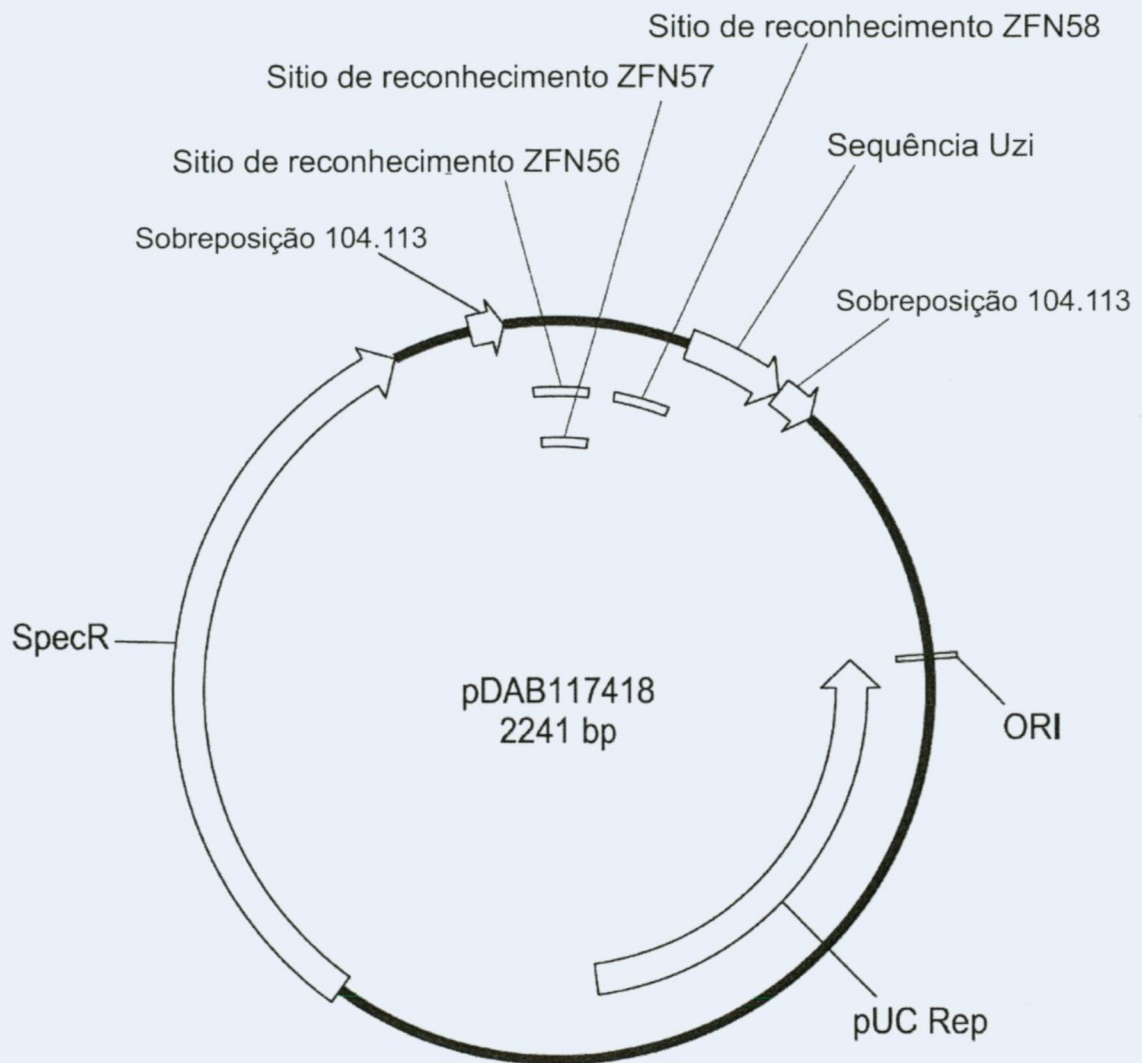


Fig. 21

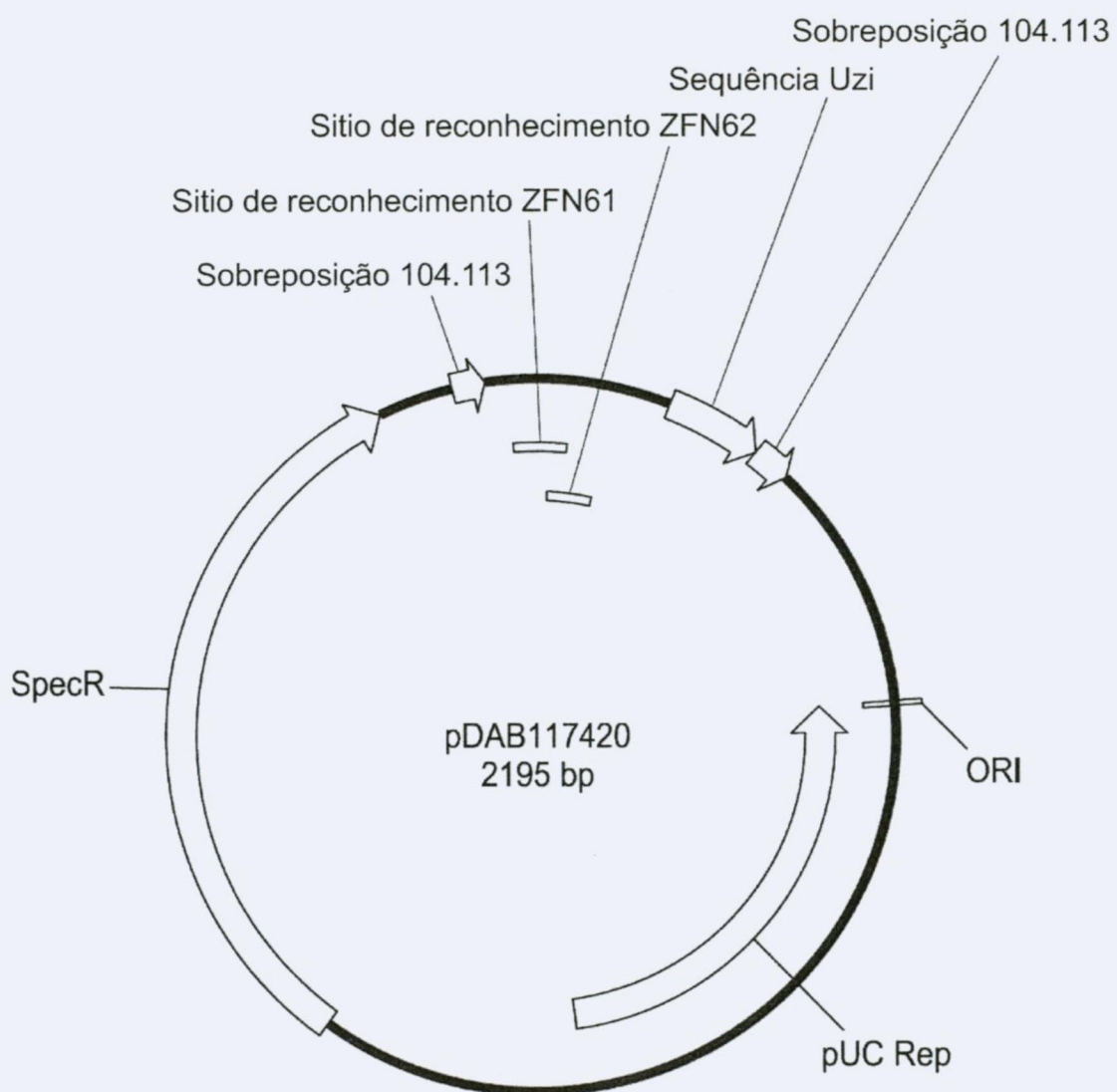


Fig. 22

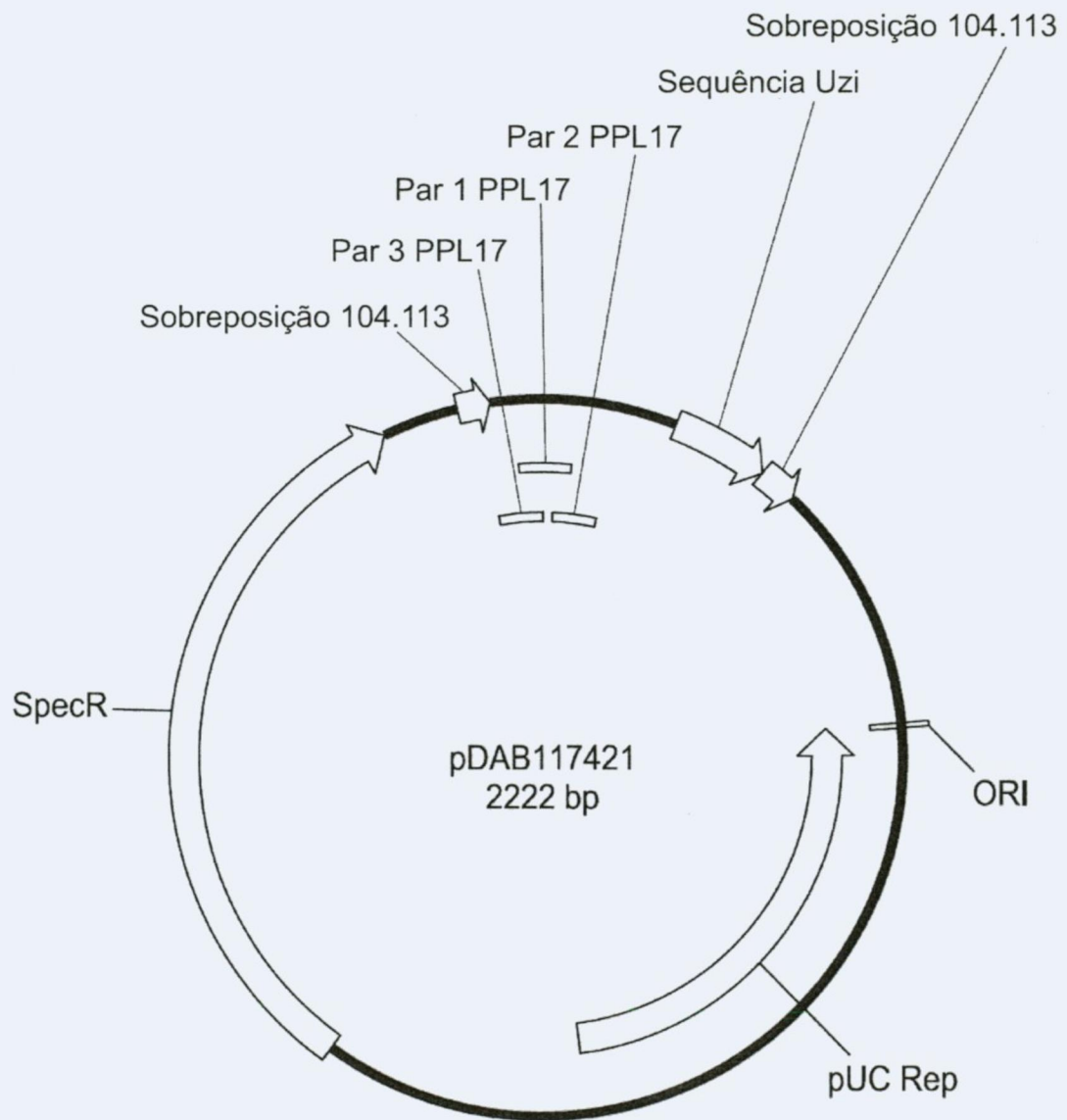


Fig. 23

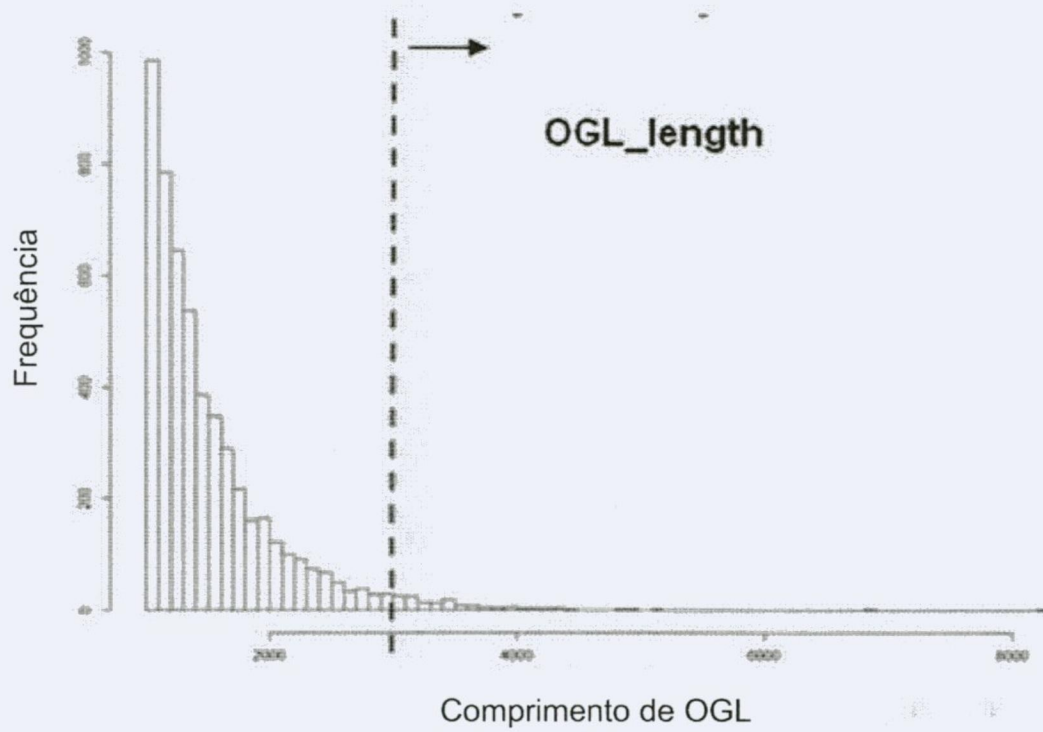


Fig. 24A

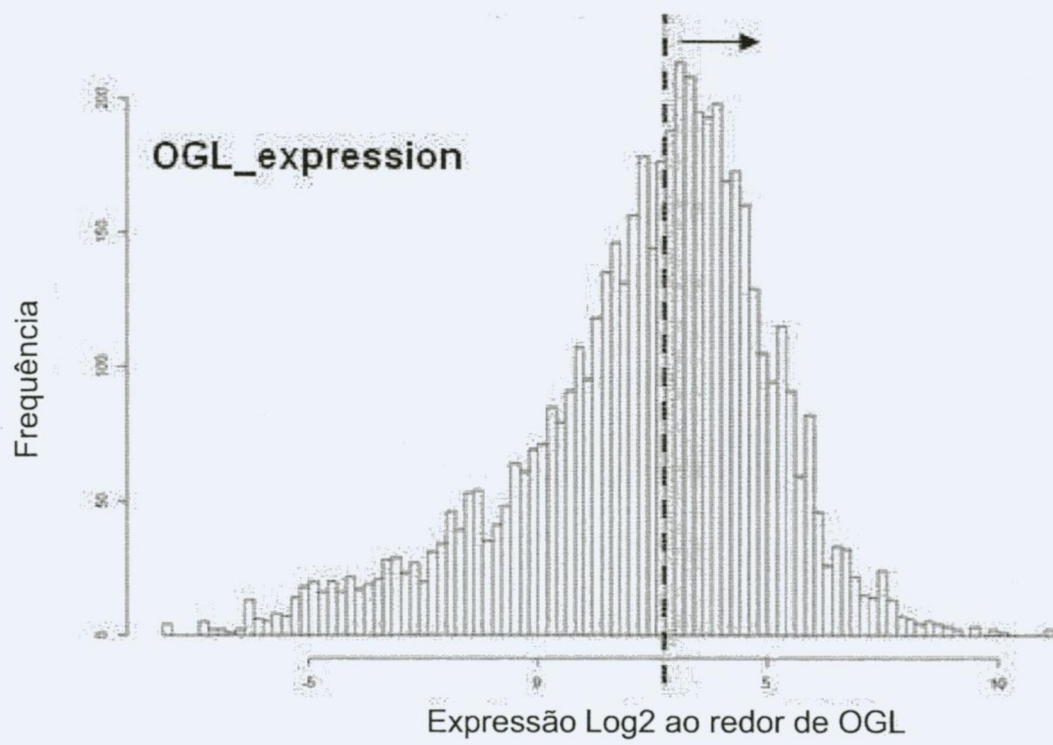


Fig. 24B

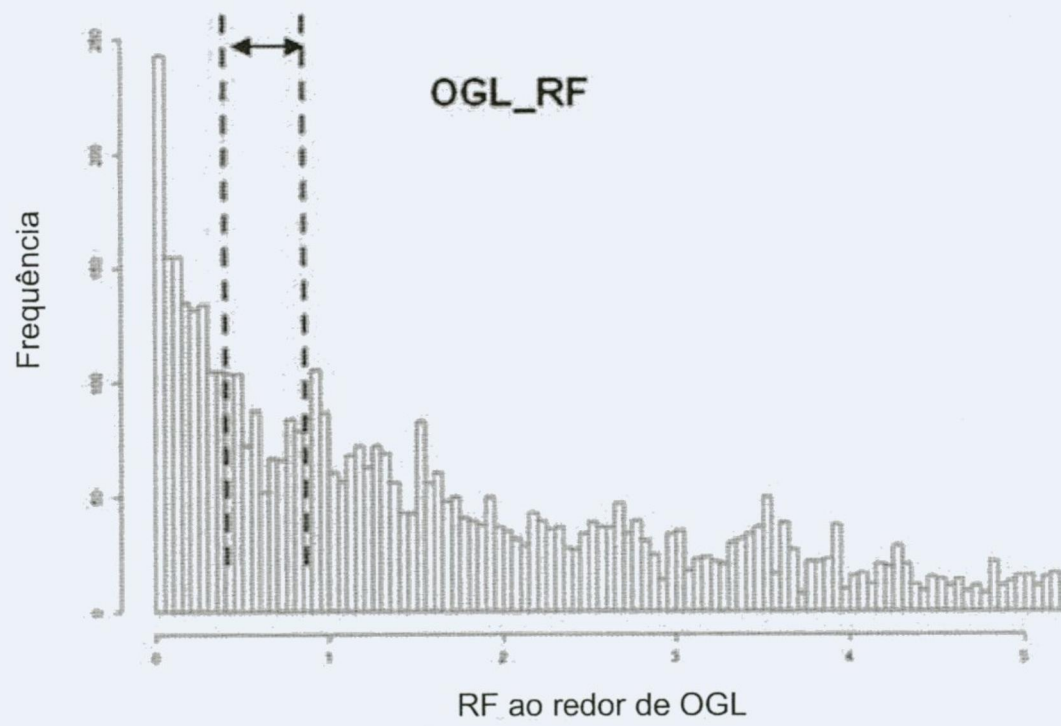


Fig. 24C

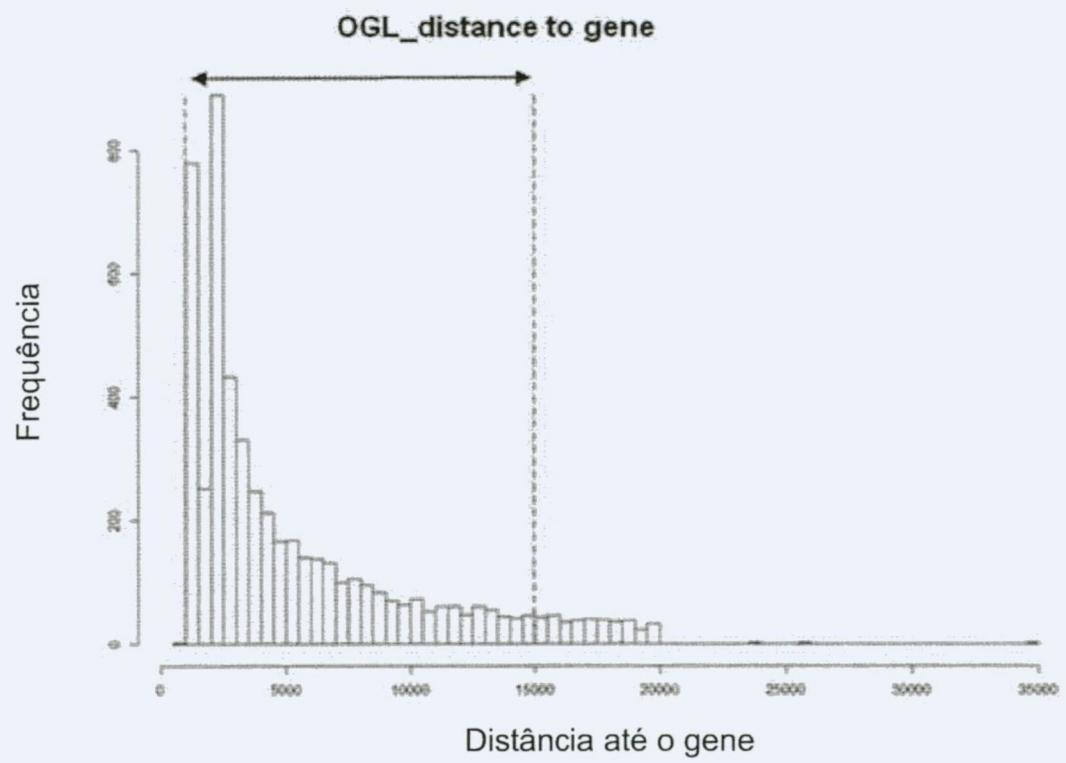


Fig. 25A

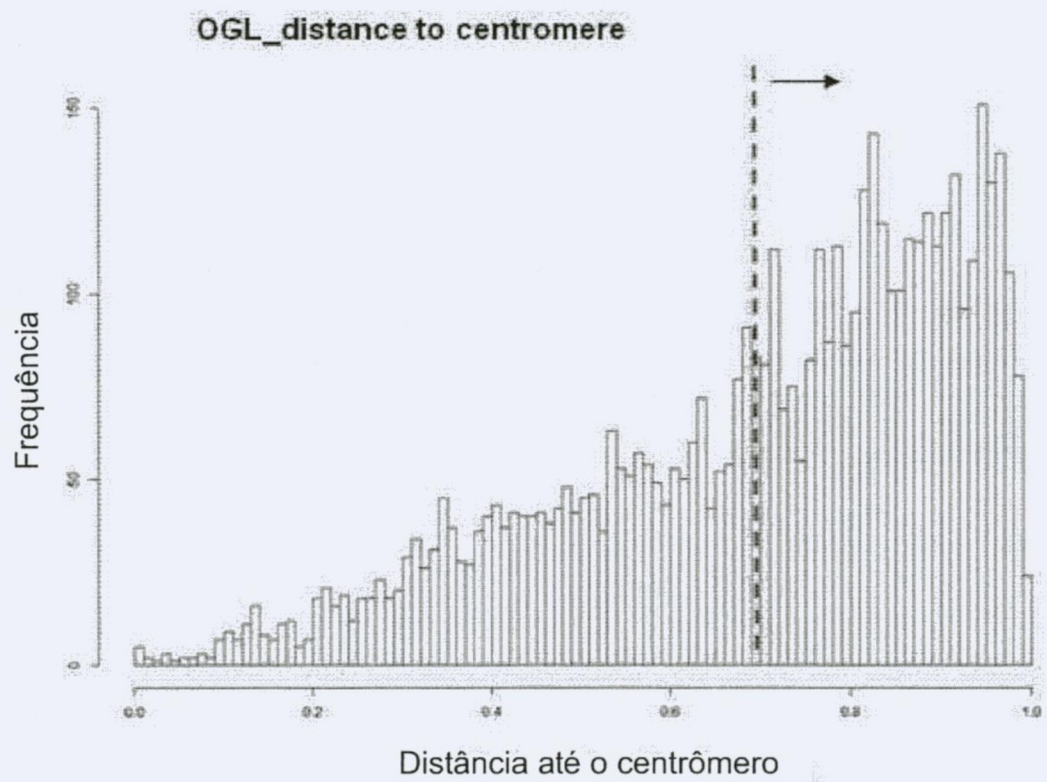


Fig. 25B