



**(11) PI 0712921-1 B1**

**República Federativa do Brasil**  
Ministério do Desenvolvimento, Indústria,  
Comércio e Serviços

**(22) Data do Depósito:** 24/05/2007

**(45) Data de Concessão:** 30/01/2024

Instituto Nacional da Propriedade Industrial

**(54) Título:** MOLÉCULAS DE DNA DO EVENTO TRANSGÊNICO MON89034, MÉTODOS PARA DETECÇÃO DO REFERIDO EVENTO, PRODUÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS COMPREENDENDO O MESMO, DETERMINAR SUA ZIGOSIDADE, PROTEGER UMA PLANTA DE MILHO DA INFESTAÇÃO DE INSETOS, BEM COMO PAR DE MOLÉCULAS DE DNA E KIT DE DETECÇÃO DE DNA

**(51) Int.Cl.:** C12N 15/29; C12N 15/09.

**(30) Prioridade Unionista:** 26/05/2006 US 60/808,834.

**(73) Titular(es):** MONSANTO TECHNOLOGY LLC.

**(72) Inventor(es):** HEATHER ANDERSON; JENNIFER DOUGLAS; JEANNA GROAT; SCOTT JOHNSON; REBECCA KELLY; JOHN KORTE; JAMES RICE.

**(86) Pedido PCT:** PCT US2007069662 de 24/05/2007

**(87) Publicação PCT:** WO 2007/140256 de 06/12/2007

**(85) Data do Início da Fase Nacional:** 26/11/2008

**(57) Resumo:** PLANTA E SEMENTE DE MILHO QUE CORRESPONDEM AO EVENTO TRANSGÊNICO MON89034 E MÉTODOS PARA DETECÇÃO E USO DAS MESMAS. A presente invenção refere-se a um evento de milho transgênico MON89034, e células, sementes, e plantas compreendendo o DNA diagnóstico para o evento de milho. A invenção também fornece composições compreendendo sequências de nucleotídeo que são diagnóstico para o dito evento de milho em uma amostra, métodos para detectar a presença da ditas sequências de nucleotídeo de evento de milho em uma amostra, sondas e iniciadores para o uso na detecção das sequências de nucleotídeo que são diagnóstico para a presença do dito evento de milho em uma amostra, cultivar as sementes de tal evento de milho para plantas de milho, e procriar para produzir plantas de milho compreendendo o DNA diagnóstico para o evento de milho.

Relatório Descritivo da Patente de Invenção para "**MOLÉCULAS DE DNA DO EVENTO TRANSGÊNICO MON89034, MÉTODOS PARA DETECÇÃO DO REFERIDO EVENTO, PRODUÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS COMPREENDENDO O MESMO, DETERMINAR SUA ZIGOSIDADE, PROTEGER UMA PLANTA DE MILHO DA INFESTAÇÃO DE INSETOS, BEM COMO PAR DE MOLÉCULAS DE DNA E KIT DE DETECÇÃO DE DNA**".

#### REFERÊNCIA AOS PEDIDOS DE PATENTE RELACIONADOS

Este pedido reivindica o benefício de prioridade para o Pedido de Patente Provisório US Nº 60/808.834 depositado em 26 de maio de 2006.

#### Campo da Invenção

A presente invenção refere-se ao evento de milho transgênico MON89034 e partes de planta e semente do mesmo. O evento exibe resistência à infestação de insetos dos insetos na ordem Lepidópteros. A invenção também refere-se aos métodos para usar plantas e sementes compreendendo DNA que é diagnóstico para a presença do evento transgênico quando sondado para a presença de sequências de nucleotídeo que são únicas para o evento transgênico, e aos métodos para detectar a presença do dito evento de milho em uma amostra biológica detectando sequências de nucleotídeo específicas que são únicas para o evento transgênico. A invenção fornece sequências de nucleotídeo que são únicas para o evento.

#### Antecedentes da Invenção

Esta invenção refere-se à variedade transgênica resistente a Lepidópteros de planta de milho (*Zea mays*) referida aqui como evento MON89034, e às sequências de DNA únicas presentes que, quando detectadas em qualquer amostra ou variedade de milho, são diagnóstico para a presença do evento de planta de milho transgênica MON89034 naquela amostra ou variedade, e também refere-se à detecção da região de inserção do transgene/genômica em milho MON89034, e plantas da progênie e sementes derivadas destas.

---

Segue-se folha 1a

O evento de planta de milho MON89034 é particularmente resistente a insetos na família de Lepidópteros tais como lagarta-militar (*Spodoptera frugiperda*), broca-do-colmo europeia (*Ostrinia nubilalis*),

Segue-se folha 2

lagarta-da-espiga (*Helicoverpa zea*), broca-do-colmo (*Diatraea grandiosella*), e lagarta-rosca (*Agrotis ipsilon*) e outros, todos estes são pragas de insetos agronomicamente importantes.

Milho é uma planta importante e é uma fonte alimentícia primária em muitas áreas do mundo. Métodos de biotecnologia foram aplicados a milho para o propósito de melhorar os traços agronômicos e a qualidade do produto. Um tal traço agronômico é resistência a insetos, por exemplo, resistência geneticamente engenheirada para espécies lepidópteros e coleópteros que surgem geneticamente em plantas de milho engenheiradas para conter um ou mais genes que codificam agentes inseticidas (vide por exemplo, patente US 6.489.542 e patente US 6.620.988). É vantajoso detectar a presença de um evento transgênico particular em uma amostra biológica para determinar se uma ou mais progênies de um cruzamento sexual contêm o material transgênico. Por exemplo, a detecção do evento em uma amostra é importante para propósitos de autorização, para estabelecer e manter padrões de pureza, importante para obedecer órgãos fiscalizadores, para obedecer padrões de componentes alimentícios, para uso em procedimentos legais estabelecendo que um ou mais indivíduos ou entidades particulares têm usado o evento particular sem uma licença do proprietário ou licenciado de qualquer patente direcionada ao evento transgênico, e para assegurar conformância com várias regulações e/ou leis governamentais.

Além disso, os métodos que permitem a detecção de uma planta particular seriam úteis quando obedecer as regulações que requerem a aprovação de pré-mercado e rotulação dos alimentos derivados das plantas de plantação recombinantes. Indivíduos ou entidades que são resistentes à presença de um evento transgênico em uma amostra também desejam métodos seguros para detectar a presença do transgene em uma amostra a fim de que eles possam se capitalizar em seu negócio, tirando proveito de uma ausência dos transgenes em seus produtos.

Apesar destas vantagens, é possível que os insetos possam evoluir a resistência às plantas que expressam apenas uma  $\delta$ -endotoxina de *B. thuringiensis*. Tal resistência, caso venha a ser difundida, claramente limi-

taria o valor comercial de germoplasma contendo genes Bt simples.

Um possível modo de aumentar a eficácia dos agentes inseticidas fornecidos por meio de plantas transgênicas e direcionados no controle de pestes de insetos alvos e contemporaneamente reduzir a probabilidade de aparecimento de pestes de inseto resistentes a tais agentes inseticidas seria assegurar que as plantações transgênicas expressassem níveis altos destes agentes inseticidas, tais como delta-endotoxinas de *Bacillus thuringiensis* (McGaughey e Whalon (1992), *Science* 258:1451-55; Roush (1994) *Biocontrol. Sci. Technol.* 4:501-516). Além disso, tendo um repositório de genes inseticidas que são eficazes contra grupos de pestes de inseto e que manifestam seus efeitos através de modos diferentes de ação pode salvar guardar contra desenvolvimento da resistência. O princípio de resistência poderia ser substancialmente tardado como resultado de fornecer uma plantação que expresse duas ou mais atividades inseticidas exibindo toxicidade de sobreposição para as mesmas espécies de inseto. Um meio para alcançar tais modos duais de ação poderia ser fornecer uma planta expressando um gene Bt tóxico para uma espécie de inseto particular junto com um dsRNA que é fornecido para o propósito de alvejamento para supressão de um gene essencial da mesma espécie de inseto alvejada pela toxina Bt, o dsRNA suscitando uma resposta de RNAi sob ingestão pela peste alvo, fornecendo um meio para redundância no evento do inseto desenvolver resistência ao dsRNA ou ao gene Bt. Alternativamente, co-expressão em uma planta de duas ou mais toxinas inseticidas ambas tóxicas para as mesmas espécies de inseto mas cada uma exibindo um modo diferente de realizar sua atividade de matança, particularmente quando ambas forem expressas em níveis altos, fornece um meio para gerenciamento eficaz da resistência. Exemplos de tais inseticidas úteis em tais combinações incluem mas não são limitados a toxinas de Bt, proteínas inseticidas de *Xenorhabdus* sp. ou *Photorhabdus* sp., proteínas de patatina e/ou permuteínas desalergenizadas e desglicosiladas, lectinas vegetais, e outras.

A expressão de genes estranhos em plantas é conhecida ser influenciada por sua posição cromossômica, talvez devido à estrutura de

cromatina (por exemplo, heterocromatina) ou à proximidade dos elementos de regulação transcricional (por exemplo, intensificadores) perto do sítio de integração (Weising et al. (1988) *Ann. Rev. Genet* 22:421-477). Por este motivo, é frequentemente necessário triar um número grande de eventos para

5 identificar um evento caracterizado por ótima expressão de um gene introduzido de interesse. Até mesmo depois, com dúzias ou até mesmo centenas de eventos transgênicos diferentes em mão, não há nenhuma certeza de sucesso em identificar um evento transgênico simples que forneça os níveis ótimos de expressão das pelo menos duas toxinas diferentes ou agentes

10 inseticidas e careça de quaisquer deficiências agronômicas indesejáveis ou efeitos fitotóxicos, ou como resultado da inserção em alguma região essencial ou parcialmente essencial do genoma da planta, ou como resultado dos efeitos tóxicos provocados pelos níveis de expressão dos transgenes. Por exemplo, foi observado em plantas e em outros organismos que pode haver

15 variação ampla nos níveis de expressão de um gene introduzido entre os eventos. Pode também haver diferenças nos padrões espaciais ou temporais da expressão, por exemplo, diferenças na expressão relativa de um transgene em vários tecidos de planta que podem não corresponder aos padrões esperados de elementos reguladores transcricionais presentes na construção de gene introduzido. Por este motivo, é comum produzir várias centenas

20 a vários milhares de eventos diferentes e triar os eventos para um evento simples que tem níveis e padrões de expressão de transgene desejados para propósitos comerciais. Um evento que tem os níveis ou padrões de expressão de transgene desejados é útil para introgressar o transgene em outros antecedentes genéticos por meio de cruzamento sexual sem conexão

25 usando métodos de procriação convencionais. Progenie de tais cruzamentos mantém as características da expressão do transgene do transformante original. Esta estratégia é usada para assegurar expressão de gene segura em diversas variedades que são adaptadas adequadamente às condições cres-

30 centes locais específicas.

É possível detectar a presença de um transgene por qualquer método de detecção de ácido nucléico bem conhecido tal como a reação em

cadeia de polimerase (PCR) ou hibridação de DNA usando sondas de ácido nucléico. Estes métodos de detecção em geral focam em elementos genéticos frequentemente usados, tais como promotores, terminadores, genes marcadores, ou até mesmo a sequência de codificação que codifica a proteína ou dsRNA de interesse expresso do(s) transgene(s), etc. Como resultado, tais métodos podem não ser úteis para discriminar entre eventos diferentes, particularmente aqueles produzidos usando a mesma construção de DNA, a menos que a sequência de DNA cromossômica adjacente ao DNA inserido ("DNA de flaqueamento") seja conhecida. Dependendo do método usado para introduzir o(s) transgene(s) em um genoma de planta, efeitos aberrantes ou incomuns podem ser observados, que com frequência severamente complicam a identificação das sequências do genoma da planta flaqueando o DNA transgênico que foi intencionado ser introduzido na planta. Frequentemente, rearranjos do DNA inserido, rearranjos do DNA do genoma de flaqueamento, ou rearranjos tanto do DNA inserido como do DNA do genoma de flaqueamento são prevalentes, e complicam a análise do evento de inserção sendo avaliado. Portanto, é vantajoso ter um meio para selecionar, identificar, e assegurar a pureza e características de um evento transgênico particular em uma amostra, e o único modo para realizar isto é identificar uma ou mais sequências únicas associadas apenas com o evento transgênico desejado, e a presença de tais sequências em uma amostra biológica contendo o DNA das espécies de planta às quais o DNA transgênico foi inserido para dar origem ao evento é desse modo diagnóstico para o evento em tal amostra.

## 25 Sumário da Invenção

A presente invenção refere-se à planta de milho transgênica designada MON89034 e progênie que são indistinguíveis do evento de milho MON89034 (na medida em que elas também contenham pelo menos um alelo que corresponda ao DNA transgênico inserido) do mesmo tendo somente depositada em 28 de março de 2006 junto à American Type Culture Collection (ATCC) com Acesso No. PTA-7455. Outro aspecto da invenção são as plantas de progênie, ou sementes, ou partes regeneráveis das

plantas e sementes do evento de milho MON89034 que contêm um polinucleotídeo selecionado do grupo que consiste na SEQ ID Nº: 1, SEQ ID Nº: 2, SEQ ID Nº: 3, SEQ ID Nº: 4, e SEQ ID Nº: 5. A invenção também inclui partes de planta do evento de milho MON89034 que incluem, mas não são limitadas a pólen, óvulo, flores, brotos, raízes, talos, cabelos, pendões, espigas, e folhas, desde que estas partes contenham pelo menos os polinucleotídeos como expostos acima. Composições genéticas novas contidas no genoma de MON89034 e produtos de MON89034 tais como refeição, farinha, óleo, polpa, e biomassa deixados em um campo de plantas de milho que correspondem ao evento de MON89034 são um aspecto desta invenção.

A invenção fornece uma planta de milho resistente a inseto tendo todas as características fisiológicas e morfológicas do evento de milho MON89034.

De acordo com um aspecto da invenção, composições e métodos são fornecidos para detectar a presença da região de inserção do transgene/genômica de uma planta de milho nova designada MON89034. Sequências de DNA são fornecidas que compreendem pelo menos uma sequência de junção de MON89034 selecionada do grupo que consiste na SEQ ID Nº: 1 (localizada nas posições 2051 a 2071 na SEQ ID Nº: 5) e SEQ ID Nº: 2 (localizada nas posições 11295 a 11314) e complementos das mesmas; em que uma sequência de junção atravessa a junção entre o DNA heterólogo inserido no genoma e o DNA da célula de milho flanqueando o sítio de inserção e é diagnóstico para o evento (Figura 1). Um evento de milho MON89034 e semente compreendendo estas moléculas de DNA são um aspecto desta invenção.

Sequências de DNA que compreendem a região de inserção do transgene/genômica nova, SEQ ID Nº: 3 e SEQ ID Nº: 4 (Figura 2) do evento de milho MON89034 são aspectos desta invenção. A planta de milho e semente compreendendo estas moléculas são também aspectos desta invenção.

De acordo com outro aspecto da invenção, duas moléculas de DNA são fornecidas para o uso em um método de detecção de DNA, em que



a primeira molécula de DNA compreende pelo menos 11 ou mais polinucleotídeos contíguos de qualquer porção da região de transgene da molécula de DNA da SEQ ID N°: 3 e uma molécula de DNA de comprimento similar de qualquer porção de uma região de DNA genômica de milho de flanqueamento de 5' da SEQ ID N°: 3 onde estas moléculas de DNA quando usadas junto são úteis como iniciadores de DNA em um método de amplificação de DNA que produz um amplicon. O amplicon produzido usando estes iniciadores de DNA no método de amplificação de DNA é diagnóstico para evento de milho MON 89304 quando o amplicon contiver a SEQ ID N°: 1. Qualquer amplicon produzido por iniciadores de DNA homólogos ou complementares a qualquer porção da SEQ ID N°: 3 e qualquer amplicon compreendendo a SEQ ID N°: 1 é um aspecto da invenção.

De acordo com outro aspecto da invenção, duas moléculas de DNA são fornecidas para o uso em um método de detecção de DNA, em que a primeira molécula de DNA compreende pelo menos 11 ou mais polinucleotídeos contíguos de qualquer porção da região de transgene da molécula de DNA da SEQ ID N°: 4 e uma molécula de DNA de comprimento similar de qualquer porção de um DNA genômico de flanqueamento de milho de 3' da SEQ ID N°: 4 onde estas moléculas de DNA são úteis como iniciadores de DNA em um método de amplificação de DNA. O amplicon produzido usando estes iniciadores de DNA no método de amplificação de DNA é diagnóstico para evento de milho MON 89304 quando o amplicon contiver a SEQ ID N°: 2. Quaisquer amplicons produzidos por iniciadores de DNA homólogos ou complementares a qualquer porção da SEQ ID N°: 4 e qualquer amplicon compreendendo a SEQ ID N°: 2 são um aspecto da invenção.

De acordo com outro aspecto da invenção, métodos de detectar a presença de DNA que corresponde ao evento de milho MON89034 em uma amostra são fornecidos. Tais métodos compreendem: (a) contatar a amostra compreendendo o DNA com um conjunto de iniciador que, quando usado em uma reação de amplificação de ácido nucléico com DNA genômico do evento de milho MON89034, produz um amplicon que é diagnóstico para evento de milho MON89034; (b) executar uma reação de amplificação

de ácido nucléico, assim produzindo o amplicon; e (c) detectar o amplicon em que o dito amplicon compreende SEQ ID Nº: 1 ou SEQ ID Nº: 2.

Uma planta de milho, ou semente, ou produto derivado da planta ou semente MON89034 em que o DNA genômico compreende uma molécula de DNA que consiste essencialmente em SEQ ID Nº: 5 e complementos dos mesmos. Uma planta de milho, ou semente, ou produto derivado da planta ou semente MON89034 em que o DNA genômico quando isolado da planta de milho, ou semente, ou produto compreende uma molécula de DNA incorporando os nucleotídeos 2061 a 11305 da SEQ ID Nº: 5 e complementos da mesma.

Uma planta de milho, ou semente, ou produto derivado da planta ou semente MON89034 em que o DNA genômico quando isolado da planta de milho, ou semente, ou produto produz um amplicon em um método de amplificação de DNA, em que DNA iniciador moléculas SEQ ID Nº: 6 e SEQ ID Nº: 7 é usado no método de amplificação de DNA.

De acordo com outro aspecto da invenção, os métodos de detectar a presença de um DNA que corresponde ao evento de MON89034 em uma amostra, tais métodos compreendendo: (a) contatar a amostra compreendendo o DNA com uma sonda que hibrida sob condições de hibridação rigorosa com DNA genômico do evento de milho MON89034 e não hibrida sob as condições de hibridação rigorosa com uma planta de milho de controle; (b) submeter a amostra e sonda a condições de hibridação rigorosa; e (c) detectar a hibridação da sonda com o DNA do evento de milho MON89034 em que a dita sonda compreende SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2.

Outro aspecto da invenção é um método de determinar a zigosidade da progênie do evento de milho MON89034 que compreende: (a) contatar a amostra compreendendo DNA de milho com um conjunto de iniciador que compreende SQ2842 (SEQ ID Nº: 6), SQ2843 (SEQ ID Nº: 7), SQ6523 (SEQ ID Nº: 10), SQ6524 (SEQ ID Nº: 11), PB880 (SEQ ID Nº: 14) e PB2931 (SEQ ID Nº: 15) que quando usado em uma reação de amplificação de ácido nucléico com DNA genômico do evento de milho MON89034, produz um primeiro amplicon que é diagnóstico para evento de milho

MON89034 e (b) executar uma reação de amplificação de ácido nucléico, assim produzindo o primeiro amplicon; e (c) detectar o primeiro amplicon; e (d) contatar a amostra compreendendo DNA de milho com o dito conjunto de iniciador que quando usado em uma reação de amplificação de ácido nucléico com DNA genômico das plantas de milho produz um segundo amplicon compreendendo o DNA genômico nativo de milho homólogo à região genômica de milho de uma inserção do transgene identificada como evento de milho MON89034; e (e) executar uma reação de amplificação de ácido nucléico, assim produzindo o segundo amplicon e (f) detectar o segundo amplicon; e (g) comparar o primeiro e segundo amplicons em uma amostra, em que a presença de ambos os amplicons indica que a amostra é heterozigota para a inserção do transgene.

Um aspecto da invenção é fornecer na dieta de uma peste lepidóptero uma quantidade inseticidamente eficaz do evento de milho MON89034.

Outro aspecto da presente invenção é fornecer uma composição ou amostra biológica na forma de uma mercadoria ou gênero alimentício que é derivado do evento de milho MON89034, a mercadoria ou gênero alimentício compreendendo espigas de milho, milho debulhado, cabelos de milho, pólen de milho, milho quebrado, fubá, milho esmagado, farinha de milho, óleo de milho, amido de milho, água de maceração de milho, malte de milho, açúcar de milho, xarope de milho, margarina produzida de óleo de milho, óleo de milho insaturado, óleo de milho saturado, flocos de milho, milho de pipoca, etanol e/ou licor produzido de milho ou produtos de milho compreendendo o DNA diagnóstico para evento de milho MON89034, sólidos de produtos perecíveis de destiladores (DDGS) produzidos de fermentação de tal evento de milho, e alimentações animais compreendendo tais DDGS e/ou milho, se ou não inteiro, quebrado, ou esmagado, gêneros alimentícios processados, um cosmético, e um agente de massa em que é encontrada uma quantidade detectável de um polinucleotídeo que é diagnóstico para a presença do evento de milho transgênico MON89034 na amostra biológica. Um meio alternativo para fornecer milho como um gênero alimentício é fornecer

milho em várias formas de grão para alimentação, tais como milho inteiro, milho quebrado, milho esmagado, e várias formas dos antecedentes em uma mistura com milho, sebo, painço, girassol, aveias, trigo, arroz, feijões, e outros. Quantidades detectáveis de uma sequência de nucleotídeo em tal mercadoria ou gênero alimentício, tal como é exposto na SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2, ou os complementos das mesmas, são diagnósticos para a presença de tal DNA de do evento transgênico MON89034 na amostra, e portanto, a presença das células do evento transgênico como tendo originado o DNA na amostra.

O antecedente e outros aspectos da invenção ficarão mais evidentes da descrição detalhada a seguir.

### Desenhos

Figura 1. Organização da inserção do transgene presente dentro do genoma do evento de milho transgênico MON89034. A barra aberta ou branca central representa o DNA inserido. Abaixo da barra branca está um diagrama que representa os vários elementos dentro do DNA inserido. As terminações do DNA inserido foram designadas arbitrariamente como 5' (ao lado esquerdo da Figura) e 3' (ao lado direito da Figura). As sequências ou segmentos da Borda Direita e da Borda Esquerda são marcados em baixo de cada extremidade do diagrama ilustrando os vários elementos dentro do DNA inserido. Os elementos marcados nos cassetes de expressão dentro do DNA inserido são, em ordem sucessiva a partir da Borda Direita: o promotor de e35S, o líder não-transladado de CAB de trigo, íntron de actina de arroz, sequência de codificação para Cry1A.105, sequência de terminação e de poliadenilação de 3' de HSP17 de trigo, promotor de FMV, íntron de hsp70, sequência de codificação de peptídeo alvo de cloroplasto de subunidade pequena da rubisco, sequência de codificação de Cry2Ab, na sequência sinal de terminação e poliadenilação de 3', e depois a Borda Esquerda. As barras verticalmente traçadas em qualquer extremidade da barra aberta ou branca central correspondem às sequências de flanqueamento do genoma de milho de 5' e 3' arbitrariamente marcadas. A linha preta mais longa acima da barra traçada e aberta ou branca representa SEQ ID N°: 5 (a sequência

de comprimento total representada pela figura que descreve a sequência de flaqueamento de 5', a sequência de DNA inserida, e a sequência de flaqueamento de 3'). As linhas pretas mais curtas acima e abaixo da linha preta marcada como SEQ ID N°: 5 representam as posições aproximadas dentro da SEQ ID N°: 5 em que cada uma das sequências especificamente marcadas podem ser encontradas (isto é, SEQ ID N°: 1, SEQ ID N°: 2, SEQ ID N°: 3, e SEQ ID N°: 4). SEQ ID N°: 1 e SEQ ID N°: 2, e qualquer sequência derivada do evento de milho MON89034 contendo SEQ ID N°: 1 e/ou SEQ ID N°: 2, somos diagnósticos para DNA do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica.

#### Descrição Detalhada

As definições a seguir e métodos são fornecidos para melhor definir a presente invenção e guiar aqueles de habilidade usual na técnica na prática da presente invenção. A menos que do contrário observado, os termos serão entendidos de acordo com uso convencional por aqueles de habilidade usual na técnica relevante. Definições de termos comuns em biologia molecular podem também ser encontradas em Rieger et al., Glossary of Genetic: Classic and Molecular 5ª edição, Springer - Verlag: Nova Iorque, 1991; e Lewin, Genes V, Oxford University Press: Nova Iorque, 1994.

Como aqui usado, o termo "milho" significa Zea mays ou milho e inclui todas as variedades de planta que possam ser procriadas com milho, incluindo espécies de milho selvagem.

Como aqui usado, o termo "compreendendo" significa "incluindo mas não limitado".

Um "evento" transgênico é produzido pela transformação das células de planta com DNA heterólogo, isto é, uma construção de ácido nucleico que inclui um transgene de interesse, regeneração de uma população de plantas resultando da inserção do transgene no genoma da planta, e seleção de uma planta particular caracterizada por inserção em uma localização de genoma particular. O termo "evento" refere-se ao transformante original e progênie do transformante que inclui o DNA heterólogo. O termo "evento" também refere-se à progênie produzida por um cruzamento sexual

entre o transformante e outra variedade incluindo o DNA heterólogo. Até mesmo após retrocruzamento repetido com um pai recorrente, o DNA inserido e DNA de flaqueamento do pai transformado estão presentes na progênie do cruzamento na mesma localização cromossômica. O termo "evento" também refere-se ao DNA do transformante original compreendendo o DNA inserido e sequência genômica de flaqueamento imediatamente adjacente ao DNA inserido que seria esperado que fosse transferido para uma progênie que recebe o DNA inserido incluindo o transgene de interesse como o resultado de um cruzamento sexual de uma linha parental que inclui o DNA inserido (por exemplo, o transformante original e progênie resultante do autocruzamento) e uma linha parental que não contém o DNA inserido. A presente invenção refere-se ao DNA do evento MON89034, células de planta, tecidos, sementes e produtos processados derivados de MON89034.

É também para ser entendido que duas plantas transgênicas diferentes podem também ser acasaladas para produzir descendência que contém dois genes exógenos segregantes independentemente adicionados. Autocruzamento apropriado da progênie pode produzir plantas que são homozigotos para ambos genes exógenos adicionados. Retrocruzamento de uma planta parental e cruzamento sem conexão com uma planta não-transgênica são também contemplados, como é propagação vegetativa. Descrições de outros métodos de procriação que são comumente usados para traços diferentes e plantações podem ser encontradas em uma das várias referências, por exemplo, Fehr, *Breeding Methods for Cultivar Development*, Wilcox J. ed., American Society of Agronomy, Madison WI (1987).

Uma "sonda" é um ácido nucléico isolado ao qual está ligada uma marcação detectável convencional ou molécula repórter, por exemplo, um isótopo radioativo, ligante, agente quimioluminescente, ou enzima. Uma tal sonda é complementar a um filamento de um ácido nucléico alvo, no caso da presente invenção, para um filamento de DNA genômico do evento de milho MON89034 quer de uma planta de milho quer de uma amostra que inclui o DNA do evento. Sondas de acordo com a presente invenção não só incluem ácidos desoxirribonucléicos ou ribonucléicos mas também poliami-

das e outros materiais de sonda que especificamente ligam a uma sequência de DNA alvo e podem ser usados para detectar a presença daquela sequência de DNA alvo.

"Iniciadores" são ácidos nucleicos isolados que são anelados a um filamento de DNA alvo complementar por hibridação de ácido nucleico para formar um híbrido entre o iniciador e o filamento de DNA alvo, depois estendido ao longo do filamento de DNA alvo por uma polimerase, por exemplo, uma DNA polimerase. Pares de iniciador da presente invenção referem-se a seu uso para amplificação de uma sequência de ácido nucleico alvo, por exemplo, pela reação em cadeia de polimerase (PCR) ou outros métodos de amplificação de ácido nucleico convencionais.

Sondas e iniciadores são em geral 11 nucleotídeos ou mais em comprimento, preferivelmente 18 nucleotídeos ou mais, mais preferivelmente 24 nucleotídeos ou mais, e o mais preferivelmente 30 nucleotídeos ou mais. Tais sondas e iniciadores especificamente hibridam com a uma sequência alvo sob condições de hibridação de severidade alta. Preferivelmente, sondas e iniciadores de acordo com a presente invenção têm similaridade de sequência completa com a sequência alvo, embora as sondas que diferem da sequência alvo e que retêm a habilidade para hibridar com as sequências alvos possam ser projetadas através de métodos convencionais.

Métodos para preparar e usar sondas e iniciadores são descritos, por exemplo, em *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2ª ed., vol. 1-3, ed. Sambrook et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989 (doravante, "Sambrook et al., 1989"); *Current Protocols in Molecular Biology*, ed. Ausubel et al., Greene Publishing and Wiley-Interscience, Nova Iorque, 1992 (com atualizações periódicas) (doravante, "Ausubel et al., 1992"); e Innis et al., *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, Academic Press: San Diego, 1990. Pares de iniciador de PCR podem ser derivados de uma sequência conhecida, por exemplo, usando programas de computação intencionados para aquele propósito tais como Primer (Version 0.5, © 1991, Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge, MA).

Iniciadores e sondas com base nas sequências de DNA de flaqueamento e de inserção descritas aqui podem ser usados para confirmar (e, se necessário, corrigir) as sequências descritas através de métodos convencionais, por exemplo, reclonagem e sequenciação de tais sequências.

5           As sondas de ácido nucléico e iniciadores da presente invenção hibridam sob condições rigorosas com uma sequência de DNA alvo. Qualquer método hibridação ou de amplificação de ácido nucléico convencional pode ser usado para identificar a presença de DNA de um evento transgênico em uma amostra. Moléculas de ácido nucléico ou fragmentos das mes-

10           mas são capazes de especificamente hibridar com as outras moléculas de ácido nucléico sob certas circunstâncias. Como aqui usado, as duas moléculas de ácido nucléico são ditas ser capazes de especificamente hibridar uma com a outra se as duas moléculas forem capazes de formar uma estrutura de ácido nucléico antiparalela, bifilamentar. É dito que uma molécula de áci-

15           do nucléico é o "complemento" de outra molécula de ácido nucléico se elas exibirem complementaridade completa. Como aqui usado, as moléculas são ditas apresentar "complementaridade completa" quando cada nucleotídeo de uma das moléculas for complementar a um nucleotídeo da outra. As duas moléculas são ditas ser "minimamente complementar" se elas puderem hi-

20           bridar uma com a outra com estabilidade suficiente para as permitir permanecer aneladas entre si sob condições convencionais de "severidade baixa". Similarmente, é o dito que as moléculas são "complementares" se elas puderem hibridar umas com as outras com estabilidade suficiente para as permitir permanecer aneladas umas às outras sob condições convencionais de

25           "severidade alta". Condições convencionais de severidade são descritas por Sambrook et al., 1989, e por Haymes et al., Em: Nucleic Acid Hybridization, A Practical Approach, IRL Press, Washington, DC (1985). Abandonos de complementaridade completa são portanto permissíveis, contanto que tais abandonos não impeçam a capacidade das moléculas de formar uma estru-

30           tura completamente bifilamentar. Para que uma molécula de ácido nucléico sirva como um iniciador ou sonda ela necessita apenas ser em sequência suficientemente complementar para poder formar uma estrutura bifilamentar



estável sob as concentrações de solvente e de sal particulares empregadas.

Como aqui usado, uma sequência substancialmente homóloga é uma sequência de ácido nucléico que especificamente hibridar com o complemento da sequência de ácido nucléico à qual está sendo comparada sob

5 condições de severidade alta. Condições de severidade apropriadas que promovem hibridação de DNA, por exemplo, 6,0 x cloreto de sódio/citrato de sódio (SSC) em cerca de 45°C, seguido por uma lavagem de 2,0 x SSC a 50°C, são conhecidas àqueles versados na técnica ou podem ser encontradas em Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y.

10 (1989), 6.3.1-6.3.6. Por exemplo, a concentração de sal na etapa de lavagem pode ser selecionada de uma severidade baixa de cerca de 2,0 x SSC a 50°C a uma severidade alta de cerca de 0,2 x SSC a 50°C. Além disso, a temperatura na etapa de lavagem pode ser aumentada de condições de severidade baixa em temperatura ambiente, cerca de 22°C, para condições de

15 severidade alta em cerca de 65°C. Tanto temperatura como sal podem ser variados, ou a temperatura ou a concentração de sal podem ser mantidas constantes enquanto a outra variável é alterada. Em uma modalidade preferida, um ácido nucléico da presente invenção hibrida especificamente com uma ou mais das moléculas de ácido nucléico expostas na SEQ ID Nº: 1 e 2

20 ou complementos ou fragmentos das mesmas ou sob condições moderadamente rigorosas, por exemplo a cerca de 2,0 x SSC e cerca de 65°C. Em uma modalidade particularmente preferida, um ácido nucléico da presente invenção especificamente hibridar com uma ou mais das moléculas de ácido nucléico expostas na SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2 ou complementos ou

25 fragmentos ou sob condições de severidade alta. Em um aspecto da presente invenção, uma molécula de ácido nucléico de marcador preferida da presente invenção tem a sequência de ácido nucléico exposta na SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2 ou complementos ou fragmentos das mesmas. Em outro aspecto da presente invenção, uma molécula de ácido nucléico de marcador

30 preferida da presente invenção compartilha entre 80% e 100% ou 90% e 100% de identidade de sequência com a sequência de ácido nucléico exposta na SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2 ou complemento ou fragmentos das

mesmas. Em um outro aspecto da presente invenção, uma molécula de ácido nucléico de marcador preferida da presente invenção compartilha entre 95% e 100% de identidade de sequência com a sequência exposta na SEQ ID N°: 1 e SEQ ID N°: 2 ou complemento ou fragmentos das mesmas. SEQ ID N°: 1 e SEQ ID N°: 2 podem ser usadas como marcadores em métodos de melhoramento genético de plantas para identificar a progênie de cruzamentos genéticos similares aos métodos descritos para análise de marcador de DNA de repetição de sequência simples, em "DNA markers: Protocols, applications, and overviews: (1997) 173-185, Cregan, et al., eds., Wiley-Liss NY; todas estas são incorporadas aqui por referência em sua totalidade. A hibridação da sonda para a molécula de DNA alvo pode ser detectada por qualquer número de métodos conhecidos àqueles versados na técnica, estes podem incluir, mas não são limitados a, marcadores fluorescentes, marcadores radioativos, marcadores com base em anticorpo, e marcadores quimioluminescentes.

Com relação à amplificação de uma sequência de ácido nucléico alvo (por exemplo, por PCR) usando um par de iniciadores de amplificação particular, "condições rigorosas" são condições que permitem o par de iniciadores hibridar com apenas a sequência de ácido nucléico alvo à qual um iniciador tendo a sequência do tipo selvagem correspondente (ou seu complemento) ligaria e preferivelmente para produzir um produto de amplificação único, o amplicon, em uma reação de amplificação térmica de DNA.

O termo "específico para (uma sequência alvo)" indica que uma sonda ou iniciador hibrida sob condições de hibridação rigorosa apenas com a sequência alvo em uma amostra compreendendo a sequência alvo.

Como aqui usado, "DNA amplificado" ou "amplicon" refere-se ao produto da amplificação de ácido nucléico de uma sequência de ácido nucléico alvo que faz parte de um modelo de ácido nucléico. Por exemplo, para determinar se a planta de milho resultante de um cruzamento sexual contém DNA genômico do evento transgênico da planta de milho da presente invenção, o DNA extraído de uma amostra de tecido de planta de milho pode ser submetido ao método de amplificação de ácido nucléico usando um par de

iniciadores que inclui um iniciador derivado da sequência de flanqueamento no genoma da planta adjacente ao sítio de inserção de DNA heterólogo inserido, e um segundo iniciador derivado do DNA heterólogo inserido para produzir um amplicon que é diagnóstico para a presença do DNA do evento. O amplicon é de um comprimento e tem uma sequência que é também diagnóstico para o evento. O amplicon pode variar em comprimento do comprimento combinado dos pares de iniciador mais um par de base de nucleotídeo, preferivelmente mais cerca de cinquenta pares de base de nucleotídeo, mais preferivelmente mais cerca de duzentos e cinquenta pares de base de nucleotídeo, e até mesmo mais preferivelmente mais cerca de quatrocentos e cinquenta pares de base de nucleotídeo. Alternativamente, um par de iniciadores pode ser derivado da sequência de flanqueamento em ambos os lados do DNA inserido para produzir um amplicon que inclui a sequência de nucleotídeo inserida inteira. Um membro de um par de iniciadores derivado da planta sequência genômica pode ser localizada uma distância da molécula de DNA inserida, esta distância pode variar de um par de base de nucleotídeo até cerca de vinte mil pares de base de nucleotídeo. O uso do termo "amplicon" especificamente exclui dímeros de iniciador que podem ser formados na reação de amplificação térmica de DNA.

Amplificação de ácido nucléico pode ser realizada por quaisquer dos vários métodos de amplificação de ácido nucléico conhecidos na técnica, incluindo a reação em cadeia de polimerase (PCR). Uma variedade de métodos de amplificação é conhecida na técnica e é descrita, inter alia, nas patentes U. S. Nºs 4.683.195 e 4.683.202 e em PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, ed. Innis et al., Academic Press, San Diego, 1990. Métodos de amplificação de PCR foram desenvolvidos para amplificar até 22 kb de DNA genômico e até 42 kb de DNA de bacteriófago (Cheng et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:5695-5699, 1994). Estes métodos como também outros métodos conhecidos na técnica de amplificação de DNA podem ser usados na prática da presente invenção. A sequência da inserção de DNA heterólogo ou sequência de flanqueamento do evento de milho MON89034 com amostras de semente depositadas como números de ATCC

podem ser verificadas (e corrigidas se necessário) amplificando tais sequências do evento usando iniciadores derivados das sequências fornecidas aqui seguido por sequenciação de DNA padrão do amplicon de PCR ou do DNA clonado.

5 O amplicon produzido por estes métodos podem ser detectados por uma pluralidade de técnicas. Um tal método é Genetic Bit Analysis (Nikiforov, et al. Nucleic Acid Res. 22:4167-4175, 1994) onde um oligonucleotídeo de DNA é projetado que sobrepõe tanto a sequência de DNA genômico de flaqueamento adjacente e a sequência de DNA inserida. O oligonucleotídeo é imobilizado em poços de uma placa de micropoços. Seguindo PCR da região de interesse (usando um iniciador na sequência inserida e um na sequência genômica de flaqueamento adjacente), um produto de PCR unifilamentar pode ser hibridado com o oligonucleotídeo imobilizado e servir como um modelo para uma reação de extensão de base simples usando uma  
10 DNA polimerase e ddNTPs marcados específicos para a próxima base esperada. Estágio de leitura pode ser fluorescente ou com base em ELISA. Um sinal indica presença da sequência de inserção/flaqueamento devido à amplificação, hibridação, e extensão de base simples bem sucedidas.

Outro método é a técnica de piro sequenciação como descrita por Winge (Innov. Pharma. Tech. 00:18-24, 2000). Neste método, um oligonucleotídeo é projetado que sobrepõe o DNA genômico adjacente e a junção de DNA de inserção. O oligonucleotídeo é hibridado com o produto de PCR unifilamentar da região de interesse (um iniciador na sequência inserida e um na sequência genômica de flaqueamento) e incubado na presença de  
20 uma DNA polimerase, ATP, sulfúrilase, luciferase, apirase, fosfossulfato de 5' adenosina e luciferina. dNTP é adicionado individualmente e a incorporação resulta em um sinal leve que é medido. Um sinal leve indica a presença da sequência de inserção/flaqueamento do transgene devido à amplificação, hibridação, e extensão de base simples ou múltiplas bem sucedidas.

30 Polarização da fluorescência como descrita por Chen, et al., (Genoma Res. 9:492-498, 1999) é um método que pode ser usado para detectar o amplicon da presente invenção. Usando este método um oligonucle-

otídeo é projetado que sobrepõe o flanqueamento genômico e a junção de DNA inserida. O oligonucleotídeo é hibridado com produto de PCR unifilar da região de interesse (um iniciador no DNA inserido e um na sequência de DNA genômica de flanqueamento) e incubado na presença de uma DNA polimerase e um ddNTP fluorescente-marcado. Extensão de base simples resulta na incorporação do ddNTP. Incorporação pode ser medida como uma alteração na polarização usando um fluorímetro. Uma alteração na polarização indica a presença da sequência de inserção/flanqueamento do transgene devido à amplificação, hibridação, e extensão de base simples bem sucedidas.

Taqman® (PE Applied Biosystems, Foster City, CA) é descrito como um método de detectar e quantificar a presença de uma sequência de DNA e é inteiramente entendido nas instruções fornecidas pelo fabricante. Brevemente, uma sonda de oligonucleotídeo de FRET é projetada que sobrepõe o flanqueamento genômico e junção de DNA inserida. A sonda de FRET e iniciadores de PCR (um iniciador na sequência de DNA inserida e um na sequência genômica de flanqueamento) são ciclizados na presença de uma polimerase termoestável e dNTPs. Hibridação da sonda de FRET resulta na clivagem e liberação da metade fluorescente longe da metade de extinção na sonda de FRET. Um sinal fluorescente indica a presença da sequência de inserção de flanqueamento/transgene devido à amplificação e hibridação bem sucedidas.

Balizas moleculares foram descritas para o uso na sequência como descrito em Tyangi, et al. (Nature Biotech.14:303-308, 1996). Brevemente, uma sonda de oligonucleotídeo de FRET é projetada que sobrepõe a junção de DNA genômico de flanqueamento e inserida. A única estrutura da sonda de FRET resulta nela contendo a estrutura secundária que mantém as metades fluorescentes e de extinção em proximidade íntima. A sonda de FRET e iniciadores de PCR (um iniciador na sequência de DNA inserida e um na sequência genômica de flanqueamento) são ciclizadas na presença de uma polimerase termoestável e dNTPs. Seguindo amplificação de PCR bem sucedida, hibridação da sonda de FRET com a sequência alvo resulta

na remoção da estrutura secundária da sonda e separação espacial das metades fluorescentes e de extinção que resulta na produção de um sinal fluorescente. O sinal fluorescente indica a presença da sequência de inserção de flanqueamento/transgene devido à amplificação e hibridação bem sucedidas.

Outros métodos descritos, tais como, microfluídicos (pub. de patente US 2006068398, patente US Nº 6.544.734) fornecem métodos e dispositivos para separar e amplificar as amostras de DNA. Tinturas ópticas usadas para detectar e quantificar as moléculas de DNA específicas (WO/05017181). Dispositivos de nanotubo (WO/06024023) que compreende um sensor eletrônico para a detecção das moléculas de DNA ou nanocontas que ligam as moléculas de DNA específicas e podem depois ser detectadas.

Kits de detecção de DNA são fornecidos usando as composições descritas aqui. Os kits são úteis para a identificação de DNA do evento de milho MON89034 em uma amostra e podem ser aplicados pelo menos para métodos para geneticamente melhorar plantas de milho contendo o DNA apropriado do evento. Os kits contêm iniciadores e/ou sondas de DNA que são homólogos ou complementares aos segmentos selecionados das sequências como expostas na SEQ ID Nº: 1-7, ou iniciadores ou sondas de DNA homólogos ou complementares ao DNA contido nos elementos genéticos de DNA do transgene como expostos na Listagem de Sequência. Estas sequências de DNA podem ser usadas nas reações de amplificação de DNA ou como sondas em um método de hibridação de DNA para detectar a presença de polinucleotídeos diagnósticos para a presença do DNA alvo em uma amostra. A produção de um amplicon pré-definido em uma reação de amplificação térmica é diagnóstico para a presença de DNA que corresponde ao DNA do genoma de PTA-7455 na amostra. Se hibridação for selecionada, a detecção da hibridação da sonda para a amostra biológica é diagnóstico para a presença do DNA do evento transgênico MON89034 na amostra. Tipicamente, a amostra é milho, ou produtos de milho ou subprodutos do uso de milho.

A presente invenção fornece uma planta de milho transgênica

designada como evento de milho MON89034, progênie da planta, e células da planta, como também semente produzida da planta. Semente representativa para cultivar a planta, para produzir progênie, para obter células, ou para produzir uma plantação da dita semente compreendendo o evento de milho transgênico foi depositada em 28 de março de 2006 junto à American Type Culture Collection (ATCC) e tem o número de acesso PTA-7455.

A planta e células e produtos produzidos destas modalidades e outros contêm DNA que é diagnóstico para a presença de DNA derivada de qualquer célula derivada do evento de milho transgênico MON89034 em qualquer amostra biológica. Isto é porque estas duas sequências novas estão contidas dentro das células do evento de milho transgênico MON89034. O DNA diagnóstico compreende uma sequência de nucleotídeo que é selecionada do grupo que consiste na SEQ ID Nº: 1, SEQ ID Nº: 2, SEQ ID Nº: 3, SEQ ID Nº: 4, e SEQ ID Nº: 5. A relação destas sequências é descrita mais particularmente aqui e na legenda para a Figura 1 e com referência à Figura 1.

Plantas de milho crescidas de semente que são homozigotos para o DNA diagnóstico para evento de milho transgênico MON89034 estão também dentro do escopo da presente invenção. Plantas de milho crescidas de semente que são heterozigotos para o DNA diagnóstico para evento de milho transgênico MON89034 estão também dentro do escopo da presente invenção desde que estas semente também compreendam as sequências de DNA diagnóstico. Células, semente, e tecido produzidos de tais plantas compreendendo o DNA diagnóstico estão também dentro do escopo da presente invenção.

Plantas de milho e células de planta de milho e outros compreendendo o DNA diagnóstico para o evento de milho transgênico MON89034 exibem resistência à infestação de insetos lepidópteros. Estas células e plantas contêm DNA que codifica a proteína inseticida (agente inseticida, tóxico) Cry2Ab e DNA tendo sequências de nucleotídeo da SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2 que formam uma parte do genoma das células da planta. Estas plantas e células da planta também contêm um DNA que codifica a pro-

teína inseticida (agente inseticida, tóxico) Cry1A.105. Estas proteínas podem ser referidas como uma primeira e uma segunda proteína inseticida, respectivamente ou no inverso. Expressão destas proteínas é alcançada dos componentes reguladores/elementos genéticos que estão embutidos dentro dos cassetes de expressão que fornecem a expressão de cada uma das sequências de DNA que codifica estas toxinas e são descritos completamente aqui e na legenda para a Figura 1 e com referência à Figura 1 e a sequência como exposta na SEQ ID N°: 5. Plantas de milho e células da planta de milho compreendendo estas sequências são eficazes para proteger plantas de infestação de peste lepidóptero, ou heterozigoto ou homozigoto para os alelos nos quais estas sequências de codificação estão presentes.

A presente invenção também fornece amplicons que pode ser produzidos das sequências descritas aqui que são diagnóstico para a presença em uma amostra biológica de DNA derivada de DNA do evento de milho transgênico MON89034. Um amplicon diagnóstico para a presença de DNA transgênico do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica contém pelo menos um segmento de polinucleotídeo que consiste na sequência de nucleotídeo como exposta na SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2. Estes amplicons podem ser produzidos usando sequências de iniciador como descritas aqui abaixo de qualquer amostra biológica contendo pelo menos cerca de 0,5 femto-mole ou cerca de 0,5 pico-grama de DNA derivado do evento de milho transgênico MON89034. Tais fontes de amostra biológica de DNA que correspondem ao evento de milho transgênico MON89034 podem ser fubá, óleo de milho, bolo de milho, semente de milho, germe de milho, amido de milho, e farinha de milho e outras derivadas daquele evento transgênico.

A invenção também fornece moléculas de polinucleotídeo isoladas tais como as que exibem sequências de nucleotídeo contíguas como aquelas expostas na SEQ ID N°: 5. Estas sequências de nucleotídeo contíguas compreendem: (1) de cerca de 11 a cerca de 12000 nucleotídeos e qualquer comprimento entre este, e também compreendem os nucleotídeos contíguos como expostos na posição de nucleotídeo 1-11 ou 9-20 na SEQ



ID N°: 1 e 1-11 ou 9-20 como expostos na SEQ ID N°: 2; (2) qualquer sequência de nucleotídeo contígua como exposta na SEQ ID N°: 3 de cerca de 11 a cerca de 2000 nucleotídeos e qualquer comprimento entre este, e também compreendem os nucleotídeos contíguos como expostos na posição de nucleotídeo 1-11 e 9-20 como expostos na SEQ ID N°: 1; qualquer sequência de nucleotídeo contígua como exposta na SEQ ID N°: 4 de cerca de 11 a cerca de 914 nucleotídeos e qualquer comprimento entre este, e também compreende os nucleotídeos contíguos como expostos na posição de nucleotídeo 1-11 e 9-20 como expostos na SEQ ID N°: 2. Estas moléculas de polinucleotídeo isoladas são úteis no método de amplificação de DNAs para produzir um ou mais amplicons de uma amostra biológica contendo DNA de milho. A detecção de um tal amplicon é diagnóstico para a presença de DNA do evento de milho transgênico MON89034 na amostra. As moléculas de polinucleotídeo isoladas são também úteis em vários métodos de detecção de nucleotídeo para detectar a presença de DNA derivado do evento de milho transgênico MON89034 em uma amostra biológica. Em particular, sondas de polinucleotídeo compreendendo pelo menos cerca de 11 nucleotídeos contíguos como expostos na SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2 são úteis como sondas em tais métodos para detectar o DNA do evento transgênico MON89034 em uma amostra. As sequências complementares destas moléculas de polinucleotídeo isoladas são também úteis nos mesmos métodos de detecção e/ou de amplificação.

Kits para o uso na detecção da presença de DNA derivado do evento de milho transgênico MON89034 em uma amostra biológica são também fornecidos pela presente invenção. Um kit usa uma molécula de polinucleotídeo de sonda, a molécula de sonda contendo pelo menos de cerca de 11 a cerca de 12000 nucleotídeos contíguos que exibem homologia substancial, ou exibem complementaridade substancial a um segmento de nucleotídeo compreendendo uma sequência como exposta na SEQ ID N°: 5, seria útil para detectar a presença de DNA de MON89034 em uma amostra. A molécula de sonda deveria conter pelo menos uma das sequências como expostas na SEQ ID N°: 1 e SEQ ID N°: 2. As sequências expostas na SEQ

ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2 podem também ser referidas como sequências de junção, isto é, as sequências em qualquer terminação do DNA transgênico inserido na planta de milho para dar origem ao evento de milho transgênico MON89034. Estas sequências, arbitrariamente referidas como terminações 5' e 3' respectivamente, contêm parte da sequência de DNA inserida e parte da sequência de genoma de milho de flanqueamento. Por exemplo, SEQ ID Nº: 1 representa em sua metade 5' o término 3' da terminação de genoma de milho flanqueando a terminação 5' do DNA inserido, a terminação 5' do DNA inserido sendo representada pela metade da terminação 3' da sequência como exposta na SEQ ID Nº: 1. SEQ ID Nº: 2 representa em sua metade de 5' os termos 3' da terminação do DNA inserido, e em sua metade da 3' os termos 5' da terminação da sequência de genoma de milho flanqueando a terminação 3' do DNA inserido. No genoma de milho de ocorrência natural na posição da sequência inserida exposta na SEQ ID Nº: 5, a sequência de flanqueamento na terminação 5' do DNA inserido e a sequência de flanqueamento na terminação 3' do DNA inserido são unidas; e uma primeira molécula de iniciador que hibridar com a sequência complementar à sequência exposta na SEQ ID Nº: 3 (diferente dos 21 nucleotídeos da terminação 3' da SEQ ID Nº: 3) e uma segunda molécula de iniciador que hibridar com a sequência como exposta na SEQ ID Nº: 4 (diferente dos 20 nucleotídeos da terminação 5' da SEQ ID Nº: 4) produzirá um amplicon em uma reação de amplificação térmica com modelo que é DNA diferente do DNA de MON89034 que é diagnóstico para a ausência do DNA inserido em MON89034, e os mesmos iniciadores produzirão um amplicon que é ligeiramente maior que 12000 nucleotídeos (dependendo da posição dos iniciadores nas sequências de flanqueamento expostas na SEQ ID Nº: 3 e SEQ ID Nº: 4) quando usando DNA de MON89034 como um modelo. Outras modalidades são também fornecidas.

Um kit para detectar a sequência de junção SEQ ID Nº: 1 ou SEQ ID Nº: 2 do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica é fornecido. O kit contém uma sonda de polinucleotídeo que é ou é completamente complementar a uma sequência selecionada do grupo que consiste

na SEQ ID Nº: 1 ou SEQ ID Nº: 2 ou complementos das mesmas, e também contém um par de iniciadores para uso em uma reação de amplificação de ácido nucléico. O par de iniciadores pode ser referido como um primeiro iniciador consistindo em pelo menos cerca de 15 a cerca de 50 nucleotídeos contíguos da porção de genoma de milho da SEQ ID Nº: 3 e um segundo iniciador que consiste em pelo menos cerca de 15 a cerca de 50 nucleotídeos contíguos complementares à porção de DNA inserido heterólogo da SEQ ID Nº: 5. O primeiro iniciador do par de iniciadores de polinucleotídeo especificamente hibrida com a sequência de complemento reversa que corresponde à exposta na SEQ ID Nº: 3 de cerca da posição de nucleotídeo 1 a cerca da posição 2050 e o segundo iniciador do dito par de iniciadores de polinucleotídeo especificamente hibrida com a sequência como exposta na SEQ ID Nº: 5 de cerca da posição de nucleotídeo 2060 a cerca da posição de nucleotídeo 12.208, e são estendidas uma em direção à outra para formar um amplicon compreendendo a SEQ ID Nº: 1, o dito amplicon sendo diagnóstico para a presença de DNA do evento de MON89034 na amostra. Um par diferente de iniciadores pode ser referido como um primeiro iniciador consistindo em pelo menos cerca de 15 a cerca de 50 nucleotídeos contíguos complementares à porção do genoma de milho da SEQ ID Nº: 4 e um segundo iniciador que consiste em pelo menos cerca de 15 a cerca de 50 nucleotídeos contíguos da porção de DNA inserido heterólogo da SEQ ID Nº: 5. O segundo iniciador do par de iniciadores de polinucleotídeo especificamente hibrida com a sequência de complemento reversa que corresponde à exposta na SEQ ID Nº: 5 de cerca da posição de nucleotídeo 1 a cerca da posição 11305 e o primeiro iniciador do par de iniciadores de polinucleotídeo especificamente hibrida com a sequência como exposta na SEQ ID Nº: 4 de cerca da posição de nucleotídeo 21 a cerca da posição de nucleotídeo 914, e são estendidas uma em direção à outra para formar um amplicon compreendendo a SEQ ID Nº: 2, o dito amplicon sendo diagnóstico para a presença de DNA do evento de MON89034 na dita amostra.

Estes pares de iniciador são úteis em produzir amplicons compreendendo ou SEQ ID Nº: 1 ou SEQ ID Nº: 2, como pode ser o caso, e são

desse modo diagnóstico para a presença de DNA de MON89034 em uma amostra biológica. Estes amplicons permitem a detecção da presença de uma sequência de junção diagnóstico do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica.

5 Um método para produzir e detectar um amplicon que é diagnóstico para um DNA do evento de milho transgênico MON89034 em uma amostra biológica compreendendo DNA de milho é também fornecido. O método compreende contatar a amostra biológica junto com dois ou mais iniciadores em uma reação de amplificação de ácido nucléico, executar uma reação de amplificação de ácido nucléico, depois detectar o amplicon. A presença do amplicon é diagnóstico para o dito DNA do evento na amostra desde que o amplicon contenha pelo menos uma das sequências contíguas como expostas na SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2, de cerca da posição de nucleotídeo 1 - 11 ou 9-20, ou as sequências complementares que correspondem a estas posições.

15 As sequências de nucleotídeo diagnóstico para a presença de evento de milho transgênico MON89034 em uma amostra biológica podem também ser detectadas usando outros métodos. Por exemplo, contatando uma amostra biológica suspeita de conter DNA de MON89034 com uma sonda que hibrida sob condições de hibridação rigorosa com uma ou mais das sequências de nucleotídeo como expostas na SEQ ID Nº: 1 ou SEQ ID Nº: 2, submetendo a amostra e sonda às condições de hibridação rigorosa; e depois detectando a hibridação da sonda para a sequência de nucleotídeo. Detecção da hibridação é diagnóstico para a presença do DNA de

20 MON89034 na amostra.

25 Polinucleotídeos iniciadores para o uso na produção, em uma reação de amplificação térmica, de um amplicon que é diagnóstico para a presença de DNA do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica são também fornecidos pela presente invenção. Tipicamente, os iniciadores são fornecidos em pares, os membros do par de iniciadores sendo referido para conveniência como um primeiro iniciador e um segundo iniciador. Um primeiro iniciador pode consistir em pelo menos cerca de 15 nucleotídeos

30

contíguos da porção de genoma de milho como exposto na SEQ ID N°: 3 e um segundo iniciador pode consistir em pelo menos cerca de 15 nucleotídeos contíguos complementares à porção de DNA inserido heterólogo como exposta na SEQ ID N°: 5. Estes dois iniciadores produziriam um amplicon em uma reação de amplificação térmica com DNA modelo obtido do evento do DNA do evento de milho MON89034 contendo uma sequência de polinucleotídeo como exposta na SEQ ID N°: 1. Alternativamente, um primeiro iniciador pode consistir em pelo menos cerca de 15 nucleotídeos contíguos da porção de genoma de milho da SEQ ID N°: 4, e um segundo iniciador pode consistir em pelo menos cerca de 15 nucleotídeos contíguos complementares à porção de DNA inserido heterólogo da SEQ ID N°: 5. Estes dois iniciadores produziriam um amplicon em uma reação de amplificação térmica com DNA modelo obtido do DNA do evento de milho MON89034 contendo uma sequência de polinucleotídeo como exposta na SEQ ID N°: 2.

Um método alternativo para detectar uma sequência de junção do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica compreendendo DNA de milho, tal como SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2, consiste em contatar a amostra com uma sonda de polinucleotídeo que hibrida sob condições de hibridação rigorosa com uma das sequências de junção, submeter a amostra e sonda às condições de hibridação rigorosa; e detectar a hibridação da sonda para a sequência de junção. Detecção da ligação/hibridização da sonda à sequência de junção é indicativo da presença do DNA de MON89034 na amostra biológica. Uma planta de milho estavelmente transformada, o DNA desta produz um amplicon de DNA compreendendo a SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2 quando submetida ao método exposto aqui, está dentro do escopo da presente invenção. Sequências de iniciador exemplares, em particular, um par de sequências de iniciador, são expostas aqui nos exemplos e na SEQ ID N°: 6 e SEQ ID N°: 7.

Um método alternativo de detectar a presença de DNA do evento de milho MON89034 em uma amostra biológica pode consistir nas etapas de contatar a amostra com uma sonda que hibrida sob condições de hibridação rigorosa com DNA de MON89034 e não hibrida sob condições de hibri-

dação rigorosa com DNA genômico da planta de milho que não seja o DNA de MON89034, submeter a amostra e sonda às condições de hibridação rigorosa, e depois detectar a hibridação da sonda com o DNA de MON89034. Uma sonda consistente com esta modalidade é ou é complementar a uma sequência selecionada do grupo que consiste na SEQ ID N°: 1 e SEQ ID N°: 2. Detecção da hibridação da sonda para a amostra é diagnóstico para a presença do polinucleotídeo do evento de milho MON89034 na amostra. A amostra biológica pode ser qualquer amostra contendo DNA de MON89034 incluindo mas não limitada a óleo de milho, fubá, farinha de milho, glúten de milho, bolos de milho, amido de milho, água de maceração de milho, tecido de milho, células de milho, grão de milho, pólen de milho, tecido de raiz de milho, DDGS, e mesmo etanol produzido como um subproduto da fermentação de tal milho transgênico desde que contenha a amostra de pelo menos uma quantidade detectável de um polinucleotídeo diagnóstico para a presença do evento de MON89034 na amostra. Uma sonda de polinucleotídeo pode ser qualquer nucleotídeo selecionado do grupo que consiste em um ácido desoxirribonucléico, um ácido ribonucléico, e um análogo de nucleotídeo, e pode ser marcado com pelo menos uns fluoróforos, molécula contendo um isótopo de emissão de rádio, ou uma molécula de tipo hapteno que pode ser especificamente detectada com um anticorpo ou outra reação do tipo de ligação.

Uma variedade de milho compreendendo um DNA diagnóstico para a presença de um DNA de evento transgênico MON89034 pode ser obtida desenvolvendo uma planta de milho compreendendo DNA do evento de milho transgênico MON89034 junto com uma planta de milho diferente de evento MON89034 para produzir uma planta de milho híbrida compreendendo o DNA diagnóstico para o dito evento. Uma tal planta de milho híbrida compreendendo o DNA diagnóstico para o evento de milho transgênico MON89034 está dentro do escopo da presente invenção, como são semente produzida do híbrido (desde que compreenda o DNA diagnóstico para evento de milho transgênico MON89034), e pólen, óvulo, semente, raízes, ou folhas da planta de milho híbrido MON89034, também à medida que estas

contenham as sequências de DNA diagnóstico, e progênie produzida de tais modalidades.

A presente invenção fornece um método para proteger uma planta de milho de infestação de insetos lepidópteros compreendendo fornecer na dieta de um peste de inseto lepidóptero alvo uma ou mais células de planta de milho transgênica, cada célula de planta de milho compreendendo em seu genoma um polinucleotídeo que corresponde à sequência como exposta em ambas as SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2 e a sequência de nucleotídeo contígua como exposta na SEQ ID Nº: 5 entre SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2. O inseto lepidóptero alvo que alimenta em tais células de planta de milho transgênica é inibido de outra alimentação na planta de milho da qual as células de planta de milho são derivadas.

Composições são também fornecidas pela presente invenção que são tóxicas para alvejar pestes lepidópteros de plantas de milho. Uma composição de células de planta transgênica fornecida na dieta de uma peste de inseto lepidóptero alvo em que cada célula de planta de milho transgênica compreende em seu genoma um polinucleotídeo correspondendo à sequência como exposta em ambas as SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2, junto com a sequência de nucleotídeo contígua como exposta na SEQ ID Nº: 5 entre SEQ ID Nº: 1 e SEQ ID Nº: 2, é eficaz para fornecer proteção contra infestação de insetos lepidópteros para uma planta de milho ou célula de planta de milho, desde que a planta de milho ou célula esteja expressando Cry1A.105 e/ou Cry2Ab2 dos cassetes de expressão contidos dentro da sequência de nucleotídeo contígua. Tais composições, na forma de semente de milho transgênico, foram depositadas junto à American Type Culture Collection sob número de acesso PTA-7455. Tais plantas de milho resistentes a insetos, ou partes das mesmas, conterão o DNA no genoma das células de tal planta tendo pelo menos uma sequência de nucleotídeo selecionada do grupo que consiste na SEQ ID Nº: 1, SEQ ID Nº: 2, SEQ ID Nº: 3, SEQ ID Nº: 4, e SEQ ID Nº: 5. Progênie e semente da planta de milho resistente a inseto em que a progênie e semente têm as sequências diagnósticas referidas aqui, estão também incluídas dentro do escopo da presente invenção. Tais plantas de milho resistentes

tes a insetos podem ser produzidas por um método compreendendo cruzar um evento da planta de milho transgênica MON89034 com uma planta de milho diferente, e selecionando a progênie resistente a inseto analisando pelo menos uma sequência de nucleotídeo selecionada do grupo que consiste na

5 SEQ ID Nº: 1, SEQ ID Nº: 2, SEQ ID Nº: 3, SEQ ID Nº: 4 e SEQ ID Nº: 5.

O evento de milho transgênico resistente a insetos MON89034 pode ser combinado com outras variedades transgênicas de milho, tais como milho resistente a herbicidas tais como glifosato, glufosinato, e diacamba, e outros, ou milho resistente a insetos devoradores de raiz como resultado da

10 inserção das sequências que codificam as proteínas tais como PS149BI e Cry3Bb modificado, ou outras variedades de milho transgênico resistente à infestação de insetos lepidópteros como resultado da inserção das sequências que codificam outras proteínas de toxina tais como VIP3A, Cry1Ab, e Cry1Fa e outros. Várias combinações de todos estes eventos transgênicos

15 diferentes são desenvolvidas juntamente com as plantas de milho da presente invenção, isto é, o evento de MON89034, para fornecer variedades melhoradas de milho transgênico híbrido resistente à infestação de coleópteros e lepidópteros, e resistente a herbicidas seletivos. Tal exibição de variedades melhorou as características de rendimento e de tolerância à seca comparadas às

20 variedades transgênicas de traço não-transgênico e individuais.

Um método de produzir uma planta de milho resistente à infestação de inseto é fornecido, em que a planta de milho compreende uma quantidade inseticidamente eficaz das sequências de codificação de toxina como expostas na SEQ ID Nº: 5. O método compreende extrair as sequências de

25 codificação de toxina do evento de milho transgênico MON89034 e introduzir estas sequências de codificação, sozinhas ou juntas, em uma ou mais células de milho, para produzir células de milho transgênico compreendendo estas uma ou mais sequências de codificação de toxina. As células de milho transgênico são depois crescidas (regeneradas) em plantas de milho trans-

30 gênicas compreendendo a uma ou mais sequências de codificação, e as plantas transgênicas depois exibindo resistência à infestação de insetos.

Um método para determinar a zigosidade do DNA de uma planta



de milho transgênica compreendendo DNA do evento de milho MON89034, com respeito ao DNA que é diagnóstico para a presença de tal DNA de MON89034 em uma amostra biológica, é fornecido pela presente invenção. O método consiste em, como uma primeira etapa, contatar a amostra com três

5 iniciadores diferentes compreendendo SEQ ID N°: 6, SEQ ID N°: 7, e SEQ ID N°: 10, que quando usada junto em uma reação de amplificação de ácido nucléico compreendendo DNA do evento de milho MON89034, produz um primeiro amplicon que é diagnóstico para o evento de milho MON89034, e quando usado em uma reação de amplificação de ácido nucléico compreen-

10 dendo DNA de milho genômico diferente de DNA de MON89034, produz um segundo amplicon que é diagnóstico para DNA de milho genômico diferente de DNA de MON89034. As etapas a seguir consistem em executar uma reação de amplificação de ácido nucléico, e comparar os amplicons produzidos durante a reação de amplificação térmica. Detecção da presença de ambos

15 os amplicons é diagnóstico da zigosidade da amostra. Detecção apenas do primeiro amplicon é indicativo da amostra contendo apenas DNA de MON89034, isto é, uma amostra homozigota. Detecção apenas do segundo amplicon é indicativo da amostra não contendo nenhum DNA de MON89034. Detecção de ambos os primeiro e segundo amplicons junto em uma amostra

20 é indicativo de uma amostra contendo (1) DNA heterozigoto com referência a uma amostra pura contendo apenas material de partida heterozigoto, ou (2) uma amostra contendo DNA's de amostra de partida tanto homozigoto como heterozigoto, ou (3) uma amostra contendo um pouco da combinação de homozigoto, heterozigoto, e/ou amostras diferentes de DNA de MON89034.

25 A invenção também fornece cultivar plantas de milho compreendendo o DNA diagnóstico para um segmento de DNA transgênico inserido no genoma das células das plantas de milho. O DNA no genoma das células de milho compreende qualquer uma ou todas as sequências selecionadas do grupo que consiste em: (a) a sequência de nucleotídeo como exposta na SEQ

30 ID N°: 5; (b) ambas as sequências de nucleotídeo como expostas na SEQ ID N°: 1 e SEQ ID N°: 2; (c) a sequência de nucleotídeo como exposta na SEQ ID N°: 3; e (d) a sequência de nucleotídeo como exposta na SEQ ID N°: 4.

Os exemplos a seguir são incluídos para demonstrar exemplos de certas modalidades preferidas da invenção. Deveria ser apreciado por aqueles de habilidade na técnica que as técnicas descritas nos exemplos que seguem representam métodos que os inventores descobriram para bom funcionamento na prática da invenção, e desse modo podem ser considerados constituírem exemplos de modos preferidos para sua prática. Porém, aqueles de habilidade na técnica devem, levando em conta a descrição presente, apreciar que muitas alterações podem ser feitas nas modalidades específicas que são descritas e ainda obter um resultado igual ou similar sem divergir do espírito e escopo da invenção.

#### Exemplos

##### Exemplo 1

Este Exemplo ilustra a construção e caracterização molecular do evento de milho transgênico MON89034.

15 A planta de milho MON89034 foi produzida por um processo de transformação mediado por *Agrobacterium* de uma linha de milho congênita com a construção de plasmídeo pMON38850 (o cassete de expressão é mostrado na Figura 1). O método de transformação usado é similar ao descrito na patente US No. 6.603.061. A construção de plasmídeo pMON38850 contém os cassetes de expressão da planta ligados com os elementos genéticos reguladores necessários para a expressão da proteína inseticida Cry1A.105 em células de planta de milho. As células de milho foram regeneradas nas plantas de milho intactas consistindo em pelo menos cerca de 23.000 eventos transgênicos diferentes. Eventos transgênicos individuais (plantas) foram selecionados da população de eventos mostrando integridade dos cassetes de expressão da planta e resistência ao dano de alimentação por larvas de insetos Lepidópteros. Uma planta de milho contendo em seu genoma os cassetes de expressão da planta ligados de pMON38850 é um aspecto da presente invenção. Após análise substancial destes eventos transgênicos, o evento transgênico MON89034 foi selecionado em base de sua caracterização molecular e a ausência de qualquer efeito de deficiência fenotípica ou agronômica indesejável.

As sequências dos elementos genéticos de transgene contidas no genoma de milho de MON89034 como ilustrado na Figura 1 consistem nos elementos a seguir cada em ligação operável um com o outro. Primeiro na terminação 5' arbitrariamente definida da sequência (isto é, próximo à

5 porção central esquerda do segmento descrito na Figura 1) é marcada uma porção da região de borda direita (RB) de *Agrobacterium tumefaciens*. Este é seguido em sequência por um cassete de expressão que consiste em um elemento de promotor de CaMV 35S intensificado (aqui referido como P-CaMV35Sen, localizado nas posições 2350 a 2651 na SEQ ID Nº: 5); uma

10 sequência líder não-transladada da proteína ligadora A/B de clorofila de trigo (aqui referida como L-Ta.lhcb1, localizada nas posições 2678 a 2738 na SEQ ID Nº: 5); uma sequência de íntron de actina de arroz (aqui referida como L-Os.Act1, localizada nas posições 2755 a 3234 na SEQ ID Nº: 5); uma sequência de ocorrência não-natural codificando o gene quimérico Cry1A.105

15 (localizada nas posições 3244 a 6777 na SEQ ID Nº: 5); e uma região de terminação 3' de trigo (aqui referida como T-Ta.Hsp17-l:l:l, localizada nas posições 6809 a 7018 na SEQ ID Nº: 5). A combinação dos elementos acima referidos, diferente da sequência da borda, funciona junto quando em uma planta de milho para causar a expressão da proteína inseticida de

20 Cry1A.105. Estes elementos são depois ligados em sequência a outro cassete de expressão que consiste nos elementos a seguir: um promotor do mosaico de escrofulária (localizado nas posições 7086 a 7649 na SEQ ID Nº: 5), um líder de Hsp70 de *Zea mays* (aqui referido como HSP70 ou L-Hsp70, localizado nas posições 7672 a 8475 na SEQ ID Nº: 5), e uma sequência de codificação de peptídeo de trânsito de cloroplasto (aqui referida como CTP2 ou TS-SSU-CTP, localizada nas posições 8492 a 8892 na SEQ ID Nº: 5). Estes segmentos operavelmente ligados são depois ligados a uma

25 sequência de nucleotídeo que codifica a proteína inseticida Cry2Ab (localizada nas posições 8893 a 10800 na SEQ ID Nº: 5) que está ligada em sua terminação 3' a uma região não-transladada de 3' do gene da nopalina sintase de *Agrobacterium tumefaciens* (aqui referido como T-AGRtu.nos-1:1:13, localizado nas posições 10827 a 11377 na SEQ ID Nº: 5). Estes elementos

30

flanqueando a sequência de codificação de Cry2Ab juntos funcionam para direcionar a expressão de Cry2Ab quando presente em uma planta de milho. O cassete de expressão de Cry2Ab é depois seguido em sequência por uma sequência de nucleotídeo que consiste em uma porção suficiente da região da borda esquerda (LB) de *Agrobacterium tumefaciens*.

Moléculas de DNA úteis como iniciadores em métodos de amplificação de DNA podem ser derivadas das sequências dos elementos genéticos da inserção do transgene contida no evento de MON89034. Estas moléculas de iniciador podem ser usadas como parte de um conjunto de iniciador que também inclui uma molécula de iniciador de DNA derivada do genoma do evento flanqueando a inserção do transgene.

A porção do DNA do plasmídeo pMON38850 inserido no genoma de milho, dando origem ao evento de planta de milho transgênica MON89034, consistindo nos segmentos das bordas esquerda e direita e os dois cassetes de expressão da planta ligados (um primeiro cassete de expressão codificando Cry1A.105, e um segundo cassete de expressão codificando Cry2Ab, em que cada cassete pode ser alternável sobre um se for designado como sendo um primeiro ou um segundo cassete) entre os segmentos da borda foi caracterizado por análises moleculares detalhadas. Estas análises foram conduzidas para identificar eventos que continham apenas um segmento inserido simples e intacto que consiste nas bordas e nos dois cassetes de expressão desejados entre as bordas (número de sítios de integração dentro do genoma de milho), no número de cópias (o número de cópias do DNA ou transformação dentro de um locus), e na integridade dos cassetes de gene inseridos (isto é, ausência de qualquer rearranjo ou variação de sequência da sequência conhecida estar presente no plasmídeo pMON38850). Sondas moleculares de DNA foram usadas que incluíram a região de codificação de Cry1A.105 intacta e seus respectivos elementos reguladores, os promotores, íntrons, e sequências de poliadenilação dos cassetes de expressão da planta, e a região de DNA da cadeia principal do plasmídeo pMON38850. Os dados obtidos das análises de todos os eventos demonstraram que MON89034 contém uma inserção de DNA de transformação simples com uma cópia do cassete de expressão de Cry1A.105. Ne-

nhum elemento adicional do vetor de transformação pMON38850, ligado ou não-ligado aos cassetes de genes intactos, foi detectado no genoma de MON89034. Por fim, análises de sequência de PCR e de DNA foram executadas para determinar as junções do genoma de inserção-à-planta de 5' e 3', que confirmam a organização dos elementos dentro da inserção (vide por exemplo, Figura 1), e determinam a sequência completa do DNA inserido no genoma da planta de milho que deu origem ao evento de milho transgênico MON89034. A sequência inserida completa, junto com uma porção das sequências de flanking do genoma de milho em qualquer terminação do DNA inserido, é descrita na sequência como exposta na SEQ ID Nº: 5.

DNA genômico de MON89034, e DNA não-transgênico de milho diferente de MON89034 (DNA de controle) foi extraído da semente de milho primeiro processando a semente (até 200 sementes) para um pó fino em um agitador de tinta Harbil 5G-HD (Harbil Inc, Cincinnati, Ohio). Brevemente, a semente em pó foi extraída em tampão de extração (EM Science Cat. Nº 3700, EM Science, Gibbstown, Nova Jersey, USA) e o DNA precipitado da solução com isopropanol (Sigma Cat. Nº 1-0398, Sigma, St., Louis, MO, USA). O DNA precipitado foi enrolado em carretel em um tubo de microcentrifuga contendo 70 por cento de etanol. O DNA foi empelotado em uma microcentrifuga em velocidade máxima (~14,000 rpm) durante ~5 minutos, secado a vácuo, e redissolvido em tampão de TE (pH 8,0). O DNA foi depois armazenado em um refrigerador de 4°C. Este método pode ser modificado por alguém versado na técnica para extrair o DNA de uma semente de milho simples.

Métodos exemplares usados para identificar o evento MON89034 em uma amostra são descritos em um ponto terminal específico para evento Taqman PCR para o qual exemplos de condições são descritos na Tabela 1 e Tabela 2. Os iniciadores de DNA usados no ensaio são iniciadores SQ2842 (SEQ ID Nº: 6), SQ2843 (SEQ ID Nº: 7), iniciador marcado 6FAM® PB880 (SEQ ID Nº: 14) e iniciador marcado VIC® PB2931 (SEQ ID Nº: 15), 6FAM e VIC são produtos de tintura fluorescente de Applied Biosystems (Foster City, CA) ligados aos iniciadores de DNA. Para sondas de MGB de TAQMAN®, a atividade de 5'-exonuclease de Taq DNA polimerase cliva a

sonda da terminação 5', entre o fluoróforo e extintor. Quando hibridada com o filamento de DNA alvo, o extintor e o fluoróforo são suficientemente separados em espaço tridimensional para produzir um sinal fluorescente (comprimento de onda de excitação de fluoróforo).

- 5                   SQ2842 (SEQ ID Nº: 6), e SQ2843 (SEQ ID Nº: 7), quando usado nestes métodos de reação com PB880 (SEQ ID Nº: 14) produzem um amplicon de DNA que é diagnóstico para o DNA do evento MON89034. Os controles para esta análise deveriam incluir um controle positivo de milho contendo o DNA do evento MON89034, um controle negativo de milho não-
- 10                   transgênico ou de milho transgênico diferente do evento MON89034, e um controle negativo não contendo nenhum DNA modelo.

                  SQ1564 (SEQ ID Nº: 17) e SQ1565 (SEQ ID Nº: 18) quando usados nestes métodos de reação com PB351 (SEQ ID Nº: 21) produzem um amplicon que é diagnóstico de Cry1A.105 em MON89034.

- 15                   Estes ensaios são otimizados para o uso com Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700 ou Stratagene Robocycler, MJ Engine, Perkin-Elmer 9700, ou termociclizador de Eppendorf Mastercycler Gradient. Outros métodos e aparelho conhecidos àqueles versados na técnica que produzem amplicons que identificam o DNA do evento MON89034 alvo es-
- 20                   tão dentro da habilidade da técnica.

- Qualquer sonda que especificamente liga à SEQ ID Nº: 1 ou à sua sequência complementar perfeita em uma amostra biológica e contém pelo menos 11 nucleotídeos contíguos como expostos na SEQ ID Nº: 1, ou como pode ser o caso, o complemento reverso da sequência na SEQ ID Nº:
- 25                   1, desde que a ligação possa ser detectada, é diagnóstico para a presença de DNA do evento de milho MON89034 naquela amostra. Qualquer sonda que especificamente liga à SEQ ID Nº: 2 ou à sua sequência complementar perfeita em uma amostra biológica e contém pelo menos 11 nucleotídeos contíguos como expostos na SEQ ID Nº: 2, ou como pode ser o caso, o
- 30                   complemento reverso da sequência na SEQ ID Nº: 2, desde que a ligação possa ser detectada, é diagnóstico para a presença de DNA do evento de milho MON89034 naquela amostra.

Qualquer par de iniciadores que é usado ou projetado para o uso em produzir um amplicon de uma amostra biológica compreendendo DNA de milho, e o amplicon compreende ou SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2, ou como pode ser o caso, compreende ambas as sequências, é considerado estar dentro do escopo da presente invenção. Qualquer tal amplicon compreendendo ou SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2, ou ambas, é considerado, para o propósito da invenção descrita aqui, ser diagnóstico para a presença do DNA do evento de milho MON89034 em tal amostra biológica. O exemplo a seguir é fornecido como referência a alguém versado na técnica.

10 **Tabela 1. PCR TAQMAN® de Ponto Terminal Específico para Evento de Milho MON89034**

Etapa	Reagente	Quantidade	Comentários
1	água livre de nuclease	adicionar para volume final de 10 µl	-
2	2 x Universal Master Mix (Applied Biosystems cat. # 4304437)	5 µl	1,0 µM de concentração final
3	iniciadores SQ2842 (SEQ ID N°: 6), e SQ2843 (SEQ ID N°: 7) ressuspensos em água livre de nuclease a uma concentração de 20 µM cada	0,5 µl	1,0 µM de concentração final
4	PB880 SEQ ID N°: 14 Iniciador 6FAM® (ressuspenso em água livre de nuclease a uma concentração de 10 µM)	0,2 µl	0,2 µM de concentração final
5	iniciador de controle interno - SQ2842 e iniciador de controle interno SQ2843	0,2 µl	0,2 µM de concentração final
6	DNA extraído (modelo): • Amostra a ser analisada • Controle negativo • Controle negativo • Controle positivo	3,0 µl • 4-80 ng de DNA genômico • 4ng de DNA genômico de milho não-transgênico • sem modelo de DNA (solução em que o DNA foi ressuspenso) • 4 ng de DNA genômico de milho	

Etapa	Reagente	Quantidade	Comentários
	• Controle positivo	heterozigoto do evento MON89034 conhecido • 4 ng de DNA genômico de milho heterozigoto do evento MON89034 conhecido	
7	Suavemente misturar, adicionar 1-2 gotas de óleo mineral em cima de cada reação.		

A amplificação de DNA pode ser montada e conduzida usando quaisquer meios de termociclo, incluindo manipulações manuais ou manipulações eletronicamente controladas das etapas e ciclos de temperatura. Stratagene Robocycler, MJ Engine, Perkin-Elmer 9700, ou termociclizador Eppendorf Mastercycler Gradiente ou Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700 ou ciclizadores térmicos de MJ Research DNA Engine PTC-225 foram usados de forma bem sucedida para conduzir os parâmetros de ciclismo a seguir. Ao operar a PCR no Eppendorf Mastercycler Gradiente ou MJ Engine, o termociclizador foi submetido a ciclos no modo calculado. Ao usar o Perkin-Elmer 9700, as condições de ciclismo foram conduzidas com a velocidade de elevação ajustada no máximo.

Tabela 2. Condições do termociclizador do ensaio de zigosidade

Ciclo Nº	Ajustes: Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700
1	50°C 2 minutos
1	95°C 10 minutos
10	95°C 15 segundos
	64°C 1 minuto (-1°C / ciclo)
30	95°C 15 segundos
	54°C 1 minuto
1	10°C intumescimento

### Exemplo 2

Este exemplo ilustra a identificação de uma planta de milho compreendendo o DNA diagnóstico para o evento de milho transgênico



MON89034 em seu genoma e a determinação da zigosidade de tal planta de milho.

Os métodos usados para identificar heterozigoto da progênie homozigoto contendo DNA do evento MON89034 em seu genoma são descritos em um ensaio de zigosidade para os quais as condições são exemplificadas na Tabela 3 e Tabela 4. Os iniciadores de DNA exemplares usados no ensaio de zigosidade são iniciadores SQ2842 (SEQ ID Nº: 6), SQ2843 (SEQ ID Nº: 7), SQ6523 (SEQ ID Nº: 10), SQ6524 (SEQ ID Nº: 11), iniciador marcado 6FAM® PB880 (SEQ ID Nº: 14) e iniciador marcado VIC® PB2931 (SEQ ID Nº: 15). Como indicado acima, 6FAM e VIC são produtos de tintura fluorescente de Applied Biosystems (Foster City, CA) ligado ao iniciador de DNA.

SQ2842 (SEQ ID Nº: 6), SQ2843 (SEQ ID Nº: 7), SQ6523 (SEQ ID Nº: 10), SQ6524 (SEQ ID Nº: 11), quando usado junto em uma reação de amplificação térmica em que uma amostra biológica contendo o DNA modelo contém DNA que é diagnóstico para a presença do evento de milho MON89034 na amostra, produz um amplicon de DNA diagnóstico para DNA de milho diferente do DNA do evento de milho MON89034 (independente se o DNA de milho é derivado de amostra transgênica ou de alguma outra não-transgênica). Alternativamente, a reação produzirá dois amplicons de DNA diferentes de uma amostra biológica contendo o DNA derivado de um genoma de milho que é heterozigoto para o alelo que corresponde ao DNA inserido presente no evento de milho transgênico MON89034. Estes dois amplicons diferentes corresponderão a um primeiro amplicon que é derivado do locus do genoma de milho do tipo selvagem, e um segundo amplicon que é diagnóstico para a presença de DNA do evento de milho MON89034. Uma amostra do DNA de milho que dá origem apenas a um amplicon simples que corresponde ao segundo amplicon descrito para o genoma heterozigoto é diagnóstico para a presença do evento de milho MON89034 na amostra e é diagnóstico para determinar que o DNA de milho usado como modelo surge de uma semente de milho que é homozigoto para o alelo que corresponde ao DNA do evento de milho transgênico MON89034 inserido. Os controles para esta análise deveriam incluir um controle positivo de milho homozigoto

- e heterozigoto contendo o DNA do evento MON89034, um controle negativo de milho não-transgênico ou qualquer outra variedade transgênica de milho, e um controle negativo não contendo nenhum DNA modelo. Este ensaio é otimizado para o uso com um Stratagene Robocycler, MJ Engine, Perkin-Elmer 9700, ou termociclizador Eppendorf Mastercycler Gradiente. Outros métodos e aparelho conhecidos àqueles versados na técnica que produzem amplicons que identifica a zigosidade da progênie dos cruzamentos feitos com plantas de MON89034 estão dentro da habilidade da técnica.

Tabela 3. Soluções de reação do ensaio de zigosidade

Etapa	Reagente	Quantidade	Comentários
1	água livre de nuclease	adicionar para volume final de 5 µl	-
2	2 x Universal Master Mix (Applied Biosystems cat. # 4304437)	2,5 µl	1 x concentração final
3	iniciadores SEQ ID Nº: 6, e SEQ ID Nº: 7 (ressuspensos em água livre de nuclease a uma concentração de 20 µM)	0,05 µl	0,25 µM de concentração final
4	PB880 SEQ ID Nº: 14 Iniciador 6FAM® (ressuspenso em água livre de nuclease a uma concentração de 10 µM)	0,01 µl	0,4 µM de concentração final
5	PB2931 SEQ ID Nº: 15 Iniciador VIC® (ressuspenso em água livre de nuclease a uma concentração de 10 µM)	0,01 µl	0,15 µM de concentração final
6	REDTaq DNA polimerase (1 unidade/µl)	1,0 µl (recomendado para trocar pipetas antes da próxima etapa)	1 unidade/reação
7	DNA extraído (modelo): • Amostras a serem analisadas (folhas individuais) • Controle negativo	2,0 µl • 4-80 ng de DNA genômico  • 4 ng de DNA genômico de milho não-transgênico	Diluído em água

Etapa	Reagente	Quantidade	Comentários
	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Controle negativo</li> <li>• Controle positivo</li> <li>• Controle positivo</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• sem modelo de DNA (solução em que o DNA foi ressuspenso)</li> <li>• 4 ng de DNA genômico de milho heterozigoto do evento MON89034 conhecido</li> <li>• 4 ng de DNA genômico de milho heterozigoto do evento MON89034 conhecido</li> </ul>	
8	Suavemente misturar, adicionar 1-2 gotas de óleo mineral em cima de cada reação.		

Amplificação do DNA em um Stratagene Robocycler, MJ Engine, Perkin-Elmer 9700, ou termociclizador Eppendorf Mastercycler Gradiente ou Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700 ou termociclizador MJ Research DNA Engine PTC-225 foram usados de forma bem sucedida para conduzir os parâmetros de ciclismo a seguir. Ao usar o Eppendorf Mastercycler Gradiente ou MJ Engine, os ciclos foram conduzidos no modo calculado. Ao usar o Perkin-Elmer 9700, os ciclos foram conduzidos com a velocidade de elevação ajustada no máximo.

Tabela 4. Condições do termociclizador do ensaio de zigosidade<sup>a</sup>

Nº de Ciclos em Ordem Consecutiva	Temperatura e Duração
1	50°C 2 minutos
1	95°C 10 minutos
10	95°C 15 segundos 64°C 1 minuto (-1°C/ciclo)
30	95°C 15 segundos 54°C 1 minuto
1	10°C intumescimento

<sup>a</sup>: usando Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700

Semente que corresponde ao evento transgênico MON89034 foi depositada em 28 de março de 2006 sob o Tratado de Budapeste junto à

American Type Culture Collection (ATCC), 10801 University Bulevar, Manassas, Va. 20110. O número de acesso da ATCC ou designação de depósito de patente é PTA-7455. O depósito será mantido no local durante um período de 30 anos, ou 5 anos após a última solicitação, ou durante a vida eficaz da patente, qualquer que seja mais longo, e será substituído conforme necessário durante aquele período.

Tendo ilustrado e descrito os princípios da presente invenção, deveria ser evidente às pessoas versadas na técnica que a invenção pode ser modificada em arranjo e detalhe sem divergir de tais princípios. Reivindica-se todas as modificações que estejam dentro do espírito e escopo das reivindicações em anexo.

Todas as publicações e documentos de patente publicados citados neste relatório descritivo estão incorporados aqui por referência na mesma proporção como se cada publicação individual ou pedido de patente específica e individualmente fossem indicados para serem incorporados por referência.

#### Listagem de Sequência

<110>	MONSANTO TECHNOLOGY LLC
	Anderson, HEATHER
20	Douglas, Jennifer
	GROAT, JEANNA
	JOHNSON, SCOTT
	KELLY, REBECCA
	KORTE, JOHN
25	RICE, JAMES
<120>	Planta e semente de milho que correspondem ao evento transgênico mon89034 e métodos para detecção e uso das mesmas
<130>	11899.0260.00PC00
<150>	PCT/US2007/069662
30	<151> 2007-05-24
	<150> 60/808,834
	<151> 2006-05-26

<160> 22  
 <170> PatentIn versão 3.3  
 <210> 1  
 <211> 21  
 5 <212> DNA  
 <213> ARTIFICIAL  
 <220>  
 <223> Sequência de junção 5'; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 2051-2071  
 10 <400> 1  
 aatgagtatg atggatcagc a 21  
 <210> 2  
 <211> 20  
 <212> DNA  
 15 <213> ARTIFICIAL  
 <220>  
 <223> Sequência de junção 3'; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 11295-11314  
 <400> 2  
 20 actcattgca tccccggaaa 20  
 <210> 3  
 <211> 2071  
 <212> DNA  
 <213> ARTIFICIAL  
 25 <220>  
 <223> Sequência franqueadora 5' mais função; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 1-2071  
 <400> 3  
 aatatttaaa aatggaagta atactatatt aaaatgattc atgtggaact cctgcgcttc 60  
 30 tttttgaagt ttcaaaaggg agctttcagg gtcgcttaga gtttgtttgg ttggaaatac 120  
 aagcgaaaag agagctaattg agggggacat ccatattttc tatggtgttt gaataagagt 180  
 cacgcgggaa taagatgaac accgaaacaa tttttttgta gctacgtggt tccaaaaaat 240

	cgagtagacg gtgtcgcttc cacctcatac tacttcaacc tcaaaccaca catccttacg	300
	cgcccgccgg tgtctccgtc gtctcaagtt ctcaacatac ctacacatgt aaccactacc	360
	ggtctttgtc atgtttcgaa agaagattac aggtcctcta gaagagagga cgcggggtgg	420
	cgagaaagct ggggaagaaa aaggctagta catatgattg gtctgtgaac ctgtgaggtg	480
5	ggtaggtagg taggtggaga tttttgttaa ctggtgttgt tgacggactc gaacggggcc	540
	ggcggtgtgg tgtggctagc tgtggtggtt tgctcgccag ccagccagcc acacatcagc	600
	gagcatgcag agcttaagca tgtatgtacg gatcggttg cttagcggtt aagggtgtgt	660
	ttggtttggc ttttggtttt ggcttttgcc ccctaaaagc caaaagccaa ccaagggtgt	720
	atttggtttg acttttggtt tttggctttt gtcccctaaa agccaaaagc caaacaag	780
10	gttagatcta ggaagcagct ttttctaaaa gctggctttc tcacagtga aatctgaaag	840
	caccctgaa cctgctttta gtggcttttc gaatggaact gtgaaaacat atatcgaaga	900
	acttttaacg acttttagtg gtttccacca aacagtttag ctttttaacg gcttacagcc	960
	tacaacagct ttttccacag ctacagccc acagcaactt ttttcacagc cacagccaa	1020
	ccaaacagac cccaaagggc tgaatccagg aagcagcttt ttctaaaagc cgactttctc	1080
15	gtagtgtaaa actgaaaaca ccctggacc tgcttttagt ggcttttga tggaactgtg	1140
	aaaacatata tcgaagaact ttttaacgact tttagtgggt tccaccaaac gatttctagc	1200
	tttttaacag cacacagcct acaacagctt ttttcacagc tcacagccca caacaacttt	1260
	ttctacagcc acaacccaac caaacggacc ctaaggcggc cgagcgagcg caaagcgctg	1320
	tcagctttga ttgccatgcc atctcctgct ccacttgtct ctctggccgt cgtcagccac	1380
20	catccaacaa ggccggtgct actggcggt cctaggtaga cgacgacgac gacgacacct	1440
	ccaccgttcg ccgccgtcca ctaccaatc aacacggaac gcccaaaaca cacacacagc	1500
	cacgctgggg agggaaaaaa aggcagagac atatcgctgc gtcgctgcat tattgtacgc	1560
	gatcgaatgg catctctctc actctctctc ctccctttat taatctggta ctggctagct	1620
	ggtccggcga caccgacgtg tcagctccgt cgcgcgcgtc cgtccgtccg ctggagcgga	1680
25	cacggaccgc ggcgtctgtc gatcgccggc tcgccgcagc gcagctacct agcacgtca	1740
	cgcagtctac actgcctaca cgcacacggc cggcccaaaa gcgttccttg ccgcctgccg	1800
	gccggctttt ttattattat tggaacatga ggctatttct cctcccacac gggctacgac	1860
	gtgagcacga gtactgggat ccccgatcc gccctctctg tccctgctgc tactccagcc	1920
	actgaaatgt tgtcagatga aacagcagag ccgatctccg cacggaaacc catgcacggc	1980
30	cattcaaatt caggtgccca cgtacgtcag ggtgctgctg ctactactat caagccaata	2040
	aaaggatggg aatgagtatg atggatcagc a	2071

<211> 914  
 <212> DNA  
 <213> ARTIFICIAL  
 <220>  
 5 <223> Sequência franqueadora 3' mais função; correspondendo a SEQ ID  
 N°: 5 a 11295-12208  
 <400> 4  
 actcattgca tccccgaaa ttatgttttt ttaaaaacca cggattata gataccgtgt 60  
 tattttttga gtattgaaa ttccatttca acccaaagtt tttcatggc acatctagct 120  
 10 tttgcctaata accatgtagg gctacatctt aaaaatctat actactatat taaagctgca 180  
 ggggtagcct gtctccacct gggtctgcct cgagccaatc taaaccgtcc atctatatcc 240  
 atcaaatacag caccgtccgg tccgtgcgca cctcctctcc cgctattcag ttgcatactt 300  
 gcagcagggt ctccctcctc accatttcct ctgcctcctc tctcgctcac tggtcagatt 360  
 catcctgcct ctcccgcatg cgctccctcc ccatgccccg tctcgacta tcgccacacc 420  
 15 tcaccgcggg gagacgaaga cgggtggacgc atcctcacct cctccgctag ttgtcgctct 480  
 tccatcctct tcaacaactt ctacataggg agaggcgggt cggcgtcccg acgcgcgcgc 540  
 ttctcccctc cccatggagg acgagaacat cgacctcggc ggcgggggcg atgcctccgc 600  
 tctgcataga ggagggttgt agtggaagc agcaatgcca acaccgaggc gggccaagac 660  
 taggcaacaa taggacggca cgcccggttg tcagcgaggt ggcggcacgc tgtgccgcta 720  
 20 ccgaacaaca tctccggcgc tggagtcggt gagttactgc gccaccgga cgccctcaat 780  
 gactgatata ctaccgggtc tccatgcgcg ccttctctcc ctccctctc cctgtgcctc 840  
 cctctcttgc cctctccctt ccaactgctc ccgccccagc cctagcccaa ccacctcccg 900  
 cgcagggtca ccaa 914  
 <210> 5  
 25 <211> 12208  
 <212> DNA  
 <213> ARTIFICIAL  
 <220>  
 <223> Sequência franqueadora 5' mais Sequência de DNA inserido mais  
 30 sequência franqueadora 3'  
 <400> 5  
 aatatttaaa aatggaagta atactatatt aaaatgattc atgtggaact cctgcgcttc 60

	tttttgaagt ttcaaaaggg agctttcagg gtcgcttaga gtttgtttgg ttggaaatac	120
	aagcgaaaag agagctaatag agggggacat ccatattttc tatgggtgttt gaataagagt	180
	cacgcgggaa taagatgaac accgaaacaa tttttttgta gctacgtggt tccaaaaaat	240
	cgagtagacg gtgtcgttcc cactcctacac tacttcaacc tcaaaccaca catccttacg	300
5	cgcccgccgg tgtctccgtc gtctcaagtt ctcaacatac ctacacatgt aaccactacc	360
	ggtctttgtc atgtttcgaa agaagattac aggtcctcta gaagagagga cgcggggtgg	420
	cgagaaagct ggggaagaaa aaggctagta catatgattg gtctgtgaac ctgtgaggtg	480
	ggtaggtagg taggtggaga tttttgttaa ctggtgttgt tgacggactc gaacggggcc	540
	ggcggtgtgg tgtggctagc tgtggtggtt tgctcgccag ccagccagcc acacatcagc	600
10	gagcatgcag agcttaagca tgtatgtacg gatcggttg cttagcgggtt aagggtgtgt	660
	ttggtttggc ttttggtttt ggcttttgcc ccctaaaagc caaaagccaa ccaaggggtgt	720
	atttggtttg acttttggct tttggctttt gtcccctaaa agccaaaagc caaacaaggg	780
	gttagatcta ggaagcagct ttttctaaaa gctggctttc tcacagtgc aatctgaaag	840
	caccctgaa cctgctttta gtggcttttc gaatggaact gtgaaaacat atatcgaaag	900
15	acttttaacg acttttagtg gtttccacca aacagtttag ctttttaacg gcttacagcc	960
	tacaacagct ttttccacag ctacacagccc acagcaactt tttcacagc cacagcccaa	1020
	ccaaacagac ccaaagggc tgaatccagg aagcagcttt ttctaaaagc cgactttctc	1080
	gtagtgtaaa actgaaaaca cccctggacc tgcttttagt ggcttttggg tggaaactgtg	1140
	aaaacatata tcgaagaact tttaacgact tttagtgggt tccaccaaac gatttctagc	1200
20	tttttaacag cacacagcct acaacagctt ttttcacagc tcacagccca caacaacttt	1260
	ttctacagcc acaaccaac caaacggacc ctaaggcggc cgagcgagcg caaagcgctc	1320
	tcagctttga ttgcatgcc atctcctgct ccacttgtct ctctggccgt cgtcagccac	1380
	catccaacaa ggccggtgct actggcggct cctaggtaga cgacgacgac gacgacacct	1440
	ccaccgttcg ccgccgtcca ctaccaatc aacacggaac gcccaaaaca cacacacag	1500
25	cacgctgggg agggaaaaaa aggcagagac atatgcgtgc gtcgctgcat tattgtacgc	1560
	gatcgaatgg catctctctc actctctctc ctccctttat taatctggta ctggctagct	1620
	ggtccggcga caccgacgtg tcagctccgt cgcgcgcgtc cgtccgtccg ctggagcggg	1680
	cacggaccgc ggcgtctgtc gatcgccggc tcgccgcagc gcagctacct agcacgctca	1740
	cgcgtgtac actgcctaca cgcacacggc cggcccaaaa gcgttccttg ccgctgccc	1800
30	gccggctttt ttattattat tggaacatga ggctatttct cctccacac gggctacgac	1860
	gtgagcacga gtactgggat ccccgatcc gccctctctg tccctgtctc tactccagcc	1920
	actgaaatgt tgtcagatga aacagcagag ccgatctccg cacggaaacc catgcacggc	1980



	cattcaaatt caggtgcccc cgtacgtcag ggtgctgctg ctactactat caagccaata	2040
	aaaggatggt aatgagtatg atggatcagc aatgagtatg atggatcaata tggagaaaaa	2100
	gaaagagtaa ttaccaatth tttttcaatt caaaaatgta gatgtccgca gcgttattat	2160
	aaaatgaaag tacatthttga taaaacgaca aattacgatc cgtcgtatth ataggcgaaa	2220
5	gcaataaaca aattatttcta attcggaaat cthttatthcg acgtgtctac attcacgtcc	2280
	aaatgggggc ttagatgaga aacttcacga thtggcgcg caaagcttgg tcgagtggaa	2340
	gctagctthc cgtacctacc tgtcacttca tcaaaaggac agtagaaaag gaagggtggct	2400
	cctacaaatg ccatcattgc gataaaggaa aggccatcgt tgaagatgcc tctgccgaca	2460
	gtggtcccaa agatggaccc ccacccacga ggagcatcgt ggaaaaagaa gacgttccaa	2520
10	ccacgtcttc aaagcaagtg gattgatgtg atatctccac tgacgtaagg gatgacgcac	2580
	aatcccaacta tccttcgcaa gaccttctct ctatataagg aagthcattt catttggaga	2640
	ggacacgctg acaagctgac tctagcagat cctctagaac catcttccac acactcaagc	2700
	cacactattg gagaacacac agggacaaca caccataaga tccaaggag gcctccgccg	2760
	ccgccggtaa ccaccccgcc cctctctctt thctthtctc gththththt ccgtctcggt	2820
15	ctcgatctth ggcttggta gthtgggtg gcgagaggcg gthtctgctg cggccagatc	2880
	ggtgcgcggg aggggcggga tctcgcggt ggggtctctg ccggcgtgga tccggcccg	2940
	atctcgcggg gaatggggct ctcggatgta gatctcgat ccgccgttgt tgggggagat	3000
	gatggggggt ttaaaatthc cgccgtgcta aacaagatca ggaagagggg aaaagggcac	3060
	tatggttht atththtat atthtctgctg thtctgacgg cthtagatgtg ctgatctth	3120
20	ctthtctctt thtgtgggta gaatttgaat ccctcagcat tgttcacgg tagththtct	3180
	thtcatgatt tgtgacaaat gcagcctcgt gcggagctth thttaggta gaagtgatca	3240
	accatggaca acaacccaaa catcaacgag tgcacccgt acaactgcct cagcaaccct	3300
	gaggtcgagg tgctcggcgg tgagcgcatc gagaccggt acaccccat cgacatctcc	3360
	ctctccctca cgcagthct gctcagcgag thtctgcccag gcgctggctt cgtcctgggc	3420
25	ctcgtggaca tcatctgggg catctthggc ccctcccagt gggacgcctt cctggtgcaa	3480
	atcgagcagc tcatcaacca gaggatcgag gagthtccca ggaaccaggc catcagccgc	3540
	ctggaggggc tcagcaacct ctaccaaatc tacgtgaga gthtccgcga gtgggaggcc	3600
	gaccccaact acccagctct ccgcgaggag atgcgcatcc agthcaacga catgaacagc	3660
	gccctgacca ccgccatccc actthtccgc gtccagaact accaagtccc gthctgtctc	3720
30	gtgtacgtcc aggccgcaa cctgcacctc agcgtgctga gggacgtcag cgtgthtggc	3780
	cagaggtggg gthtgcagc cgccaccatc aacagccgct acaacgacct caccaggctg	3840
	atcggaact acaccgacca cgtgtccgc tggtaaca ca tggccgtcc tggacattgt	3900

	gtccctcttc ccgaactacg actcccgcac ctacccgatc cgcaccgtgt cccaactgac	3960
	ccgcgaaatc tacaccaacc ccgtcctgga gaacttcgac ggtagcttca ggggcagcgc	4020
	ccagggcatc gagggctcca tcaggagccc acacctgatg gacatcctca acagcatcac	4080
	tatctacacc gatgccacc gcggcgagta ctactggtcc ggccaccaga tcatggcctc	4140
5	cccggtcggc ttcagcggcc ccgagtttac ctttcctctc tacggcacga tgggcaacgc	4200
	cgctccacaa caacgcacgc tcgctcagct gggccagggc gtctaccgca ccctgagctc	4260
	caccctgtac cgcaggccct tcaacatcgg tatcaacaac cagcagctgt ccgtcctgga	4320
	tggcactgag ttcgcctacg gcacctctc caacctgccc tccgctgtct accgcaagag	4380
	cggcacggtg gattccctgg acgagatccc accacagaac aacaatgtgc ccccaggca	4440
10	gggttttttc cacaggctca gccacgtgtc catgtttccg tccggcttca gcaactcgtc	4500
	cgtgagcatc atcagagctc ctatgttctc ttggatacac cgtagtgtg agttcaacaa	4560
	catcattgca tccgacagca ttactcaaat acccttgggtg aaagcacata cacttcagtc	4620
	aggtagtact gttgtcagag gtccagggtt tacaggagga gacattcttc gtcgcacaag	4680
	tggaggacct tttgcttaca ctattgttaa catcaatggc caattgcccc aaagggtatcg	4740
15	tgcaagaatc cgctatgcct ctactacaaa tctcaggatc tacgtgactg ttgcagggtga	4800
	aaggatcttt gctggtcagt tcaacaagac tatggatacc ggtgacctt tgacattcca	4860
	atcttttagc tacgcaacta tcaacacagc ttttacattc ccaatgagcc agagtagctt	4920
	cacagtaggt gctgacactt tcagctcagg gaatgaagtt tacatcgaca ggtttgaatt	4980
	gattccagtt actgcaacct tcgaggtga gtacaacctt gagagagccc agaaggctgt	5040
20	gaacgccctc tttacctcca ccaatcagct tggcttgaaa actaacgtta ctgactatca	5100
	cattgaccaa gtgtccaact tggtcacctt ccttagcgat gagtctctgcc tcgacgagaa	5160
	gcgtgaactc tccgagaaag ttaaacacgc caagcgtctc agcgacgaga ggaatctctt	5220
	gcaagactcc aacttcaaag acatcaacag gcagccagaa cgtggttggg gtggaagcac	5280
	cgggatcacc atccaaggag gcgacgatgt gttcaaggag aactacgtca ccctctccgg	5340
25	aactttcgac gagtgtctacc ctacctactt gtaccagaag atcgatgagt ccaaactcaa	5400
	agccttcacc aggtatcaac ttagaggcta catcgaagac agccaagacc ttgaaatcta	5460
	ctcgatcagg tacaatgcca agcacgagac cgtgaatgtc ccaggtagtg gttccctctg	5520
	gccactttct gcccaatctc ccattgggaa gtgtggagag cctaacagat gcgctccaca	5580
	ccttgagtgg aatcctgact tggactgctc ctgcagggat ggcgagaagt gtgcccacca	5640
30	ttctcatcac ttctccttgg acatcgatgt gggatgtact gacctgaatg aggacctcgg	5700
	agtctgggtc atcttcaaga tcaagacca agacggacac gcaagacttg gcaaccttga	5760
	gtttctcgaa gagaaacctt tggtcggtga agctctcgct cgtgtgaaga gagcagagaa	5820

	gaagtggagg gacaaacgtg agaaactcga atgggaaact aacatcgttt acaaggaggc	5880
	caaagagtcc gtggatgctt tgttcgtgaa ctcccaatat gatcagttgc aagccgacac	5940
	caacatcgcc atgatccacg ccgcagacaa acgtgtgcac agcattcgtg aggcttactt	6000
	gcctgagttg tccgtgatcc ctggtgtgaa cgctgccatc ttcgaggaac ttgagggacg	6060
5	tatctttacc gcattctcct tgtacgatgc cagaaacgtc atcaagaacg gtgacttcaa	6120
	caatggcctc agctgctgga atgtgaaagg tcatgtggac gtggaggaac agaacaatca	6180
	gcgttccgtc ctggttgtgc ctgagtggga agctgaagtg tcccaagagg ttagagtctg	6240
	tccaggtaga ggctacattc tccgtgtgac cgcttacaag gagggatacg gtgagggttg	6300
	cgtgaccatc cagcagatcg agaacaacac cgacgagctt aagttctcca actgcgtcga	6360
10	ggaagaaatc tatcccaaca acaccgttac ttgcaacgac tacactgtga atcaggaaga	6420
	gtacggaggt gcctacacta gccgtaacag aggttacaac gaagctcctt ccgttctctg	6480
	tgactatgcc tccgtgtacg aggagaaatc ctacacagat ggcagacgtg agaacccttg	6540
	cgagttcaac agaggttaca gggactacac accacttcca gttggctatg ttaccaagga	6600
	gcttgagtac tttctgaga ccgacaaagt gtggatcgag atcggtgaaa ccgagggaaac	6660
15	cttcacgtg gacagcgtgg agcttctctt gatggaggaa taatgagatc tatcgattct	6720
	agaaggcctg aattctgcat gcgtttggac gtatgctcat tcaggttgga gccaatattg	6780
	ttgatgtgtg tgcgagttct tgcgagtctg atgagacatc tctgtattgt gtttctttcc	6840
	ccagtgtttt ctgtacttgt gtaatcggct aatcgccaac agattcggcg atgaataaat	6900
	gagaaataaa ttgttctgat tttgagtga aaaaaaagg aattagatct gtgtgtgttt	6960
20	tttgatccc cgggcgggc gcgttaacaa gcttgagctc aggatttagc agcattccag	7020
	attgggttca atcaacaagg tacgagccat atcactttat tcaaattggt atcgccaaaa	7080
	ccaagaagga actcccatcc tcaaaggttt gtaaggaaga attctcagtc caaagcctca	7140
	acaaggtcag ggtacagagt ctccaaacca ttagccaaaa gctacaggag atcaatgaag	7200
	aatcttcaat caaagtaaac tactgttcca gcacatgcat catggtcagt aagtttcaga	7260
25	aaaagacatc caccgaagac ttaaagttag tgggcatctt tgaaagtaat cttgtcaaca	7320
	tcgagcagct ggcttgtggg gaccagacaa aaaaggaatg gtgcagaatt gttaggcgca	7380
	cctacaaaa gcattctttgc ctttattgca aagataaagc agattcctct agtacaagt	7440
	gggaacaaaa taacgtggaa aagagctgtc ctgacagccc actcactaat gcgtatgacg	7500
	aacgcagtga cgaccacaaa agaattccct ctatataaga aggcattcat tcccatttga	7560
30	aggatcatca gataactaac caatccttct aggatctacc gtcttcggta cgcgctcact	7620
	ccgccctctg cctttgttac tgccacgttt ctctgaatgc tctcttgtgt ggtgattgct	7680
	gagagtgggt tagctggatc tagaattaca ctctgaaatc gtgttctgcc tgtgctgatt	7740

	acttgccgtc ctttgtagca gcaaaatata gggacatggg agtacgaaac gaagatagaa	7800
	cctacacagc aatacgagaa atgtgtaatt tgggtgcttag cggatatttat ttaagcacat	7860
	gttggtgtta tagggcactt ggattcagaa gtttgctgtt aatttaggca caggcttcat	7920
	actacatggg tcaatagtat agggattcat attataggcg atactataat aatttgttcg	7980
5	tctgcagagc ttattatttg ccaaaattag atattcctat tctgtttttg tttgtgtgct	8040
	gttaaattgt taacgcctga aggaataaat ataaatgacg aaattttgat gtttatctct	8100
	gctcctttat tgtgaccata agtcaagatc agatgcactt gttttaaata ttgttgtctg	8160
	aagaaataag tactgacagt attttgatgc attgatctgc ttgtttgttg taacaaaatt	8220
	taaaaataaa gagtttcctt tttgttgctc tccttacctc ctgatggtat ctagtatcta	8280
10	ccaactgaca ctatattgct tctctttaca tacgtatctt gctcgatgcc ttctccctag	8340
	tgttgaccag tgttactcac atagtctttg ctcatcttcat tgtaatgcag ataccaagcg	8400
	gcctctagag gatcagcatg gcgcccaccg tgatgatggc ctcgtcggcc accgccgtcg	8460
	ctccgttcca ggggctcaag tccaccgccg gcctccccgt cgcccggcg tcctccagaa	8520
	gcctcggcaa cgtcagcaac ggcggaagga tccggtgcat gcaggtaaca aatgcatcct	8580
15	agctagtagt tctttgcatt gcagcagctg cagctagcga gttagtaata ggaagggaac	8640
	tgatgatcca tgcattggact gatgtgtgtt gcccatccca tcccatttcc caaccccaaa	8700
	cgaacaaaaa cacacgtact acgtgcaggt gtggccggcc tacggcaaca agaagttcga	8760
	gacgtgtcg tacctgccg cgctgtcgac cgcgggcgcc atccgctgca tgcaggccat	8820
	ggacaactcc gtccgaact ctggctgcac caccatctgc gacgcctaca acgtcgcgcc	8880
20	gcatgatcca ttcagcttcc agcacaagag cctcgacact gttcagaagg agtggacgga	8940
	gtggaagaag aacaaccaca gcctgtacct ggaccccatc gtcggcacgg tggccagctt	9000
	ccttctcaag aaggctggct ctctcgctcg gaagcgcac ctctcggaac tccgcaacct	9060
	gatctttcca tctggctcca ccaacctcat gcaagacatc ctgaggaga ccgagaagtt	9120
	tctcaaccag cgcctcaaca ctgataccct tgctcgctc aacgtgagc tgacgggtct	9180
25	gcaagcaaac gtggaggagt tcaaccgccg agtggacaac ttctcaacc ccaaccgcaa	9240
	tgcggtgctt ctgtccatca cttcttccgt gaacaccatg caacaactgt tcctcaaccg	9300
	cttgccctcag ttccagatgc aaggctacca gctgctcctg ctgccactct ttgctcaggc	9360
	tgccaacctg cacctctcct tcattcgtga cgtgatcctc aacgtgacg agtggggcat	9420
	ctctgcagcc acgtgagga cctaccgccg ctacctgaag aactacacca gggactactc	9480
30	caactattgc atcaaacctt accagtccgc cttcaagggc ctcaatacga ggcttcacga	9540
	catgctggag ttcaggacct acatgttccg gaacgtgttc gagtacgtca gcatctggtc	9600
	gctcttcaag taccagagcc tgctggtgtc cagcggcgcc aacctctacg ccagcggctc	9660

	tggtcccca	caaaactcaga	gcttcaccag	ccaggactgg	ccattcctgt	attcgttgtt	9720
	ccaagtcaac	tccaactacg	tcctcaacgg	cttctctggt	gctcgcctct	ccaacacctt	9780
	ccccaacatt	gttggcctcc	ccggctccac	cacaactcat	gctctgcttg	ctgccagagt	9840
	gaactactcc	ggcggcatct	cgagcggcga	cattggtgca	tcgccgttca	accagaactt	9900
5	caactgctcc	accttcctgc	cgccgctgct	caccccgttc	gtgaggtcct	ggctcgacag	9960
	cggtctcgac	cgcgagggcg	tggccaccgt	caccaactgg	caaaccgagt	ccttcgagac	10020
	cacccttggc	ctccggagcg	gcgccttcac	ggcgcgtgga	aattctaact	acttccccga	10080
	ctacttcac	aggaacatct	ctggtgttcc	tctcgtcgtc	cgcaacgagg	acctccgccg	10140
	tccactgcac	tacaacgaga	tcaggaacat	cgctctctcg	tccgggacgc	ccggaggtgc	10200
10	aagggcgtag	atggtgagcg	tccataacag	gaagaacaac	atccacgctg	tgcatgagaa	10260
	cggtctocat	atccacctgg	cgcccaatga	ttacaccggc	ttcaccatct	ctccaatcca	10320
	cgccacccaa	gtgaacaacc	agacacgcac	cttcatctcc	gagaagttcg	gcaaccaggg	10380
	cgactccctg	aggttcgagc	agaacaacac	caccgccagg	tacaccctgc	gcggcaacgg	10440
	caacagctac	aacctgtacc	tgcgcgtag	ctccattggc	aactccacca	tcagggtcac	10500
15	catcaacggg	aggggtgtaca	cagccaccaa	tgtgaacacg	acgaccaaca	atgatggcgt	10560
	caacgacaac	ggcgcccgt	tcagcgacat	caacattggc	aacgtggtgg	ccagcagcaa	10620
	ctccgacgtc	ccgctggaca	tcaacgtgac	cctgaactct	ggcaccaggt	tcgacctcat	10680
	gaacatcatg	ctggtgccaa	ctaacatctc	gccgctgtac	tgataggagc	tctgatcccc	10740
	atgggaattc	ccgatcgttc	aaacatttgg	caataaagtt	tcttaagatt	gaatcctggt	10800
20	gccggtcttg	cgatgattat	catataat	ctgttgaatt	acgttaagca	tgtaataatt	10860
	aacatgtaat	gcatgacgtt	atztatgaga	tgggttttta	tgattagagt	cccgcaatta	10920
	tacattta	acgcgataga	aaacaaaata	tagcgcgcaa	actaggataa	attatcgcg	10980
	gcggtgtcat	ctatgttact	agatcgggga	tatccccggg	gcggccgcgg	ggaattcgg	11040
	accaagcttt	ggcgcgccaa	atcgtgaagt	ttctcatcta	agccccatt	tggacgtgaa	11100
25	tgtagacacg	tcgaaataaa	gatttccgaa	ttagaataat	ttgtttattg	ctttcgcta	11160
	taaatacgac	ggatcgtaat	ttgtcgtttt	atcaaaatgt	actttcat	tataataacg	11220
	ctgcggacat	ctacattttt	gaattgaaaa	aaaattggta	attactcttt	ctttttctcc	11280
	atattgacca	tcatactcat	tgcatccccg	gaaattatgt	ttttttaaaa	accacggtat	11340
	tatagatacc	gtgttat	ttgagtattg	gaaatttcat	ttcaacccaa	agtttcttca	11400
30	tggcacatct	agcttttgcc	taataccatg	tagggctaca	tcttaaaaat	ctatactact	11460
	atattaaagc	tgaggggta	gcctgtctcc	acctggttct	gcctcgagcc	aatctaaacc	11520
	gtccatctat	atccatcaaa	tcagcaccgt	ccggtccgtg	cgcacctcct	ctcccgctat	11580

	tcagttgcat acttgacga ggttctccct cctcaccatt tcctctgcct cctctctcgc	11640
	tcaactggtca gattcaccct gcctctcccg catgcgctcc ctcccatgc cccgtctcgc	11700
	actatcgcca cacctcaccg cggggagacg aagacggtgg acgcatcctc acctcctccg	11760
	ctagttgtcg ctcttccatc ctcttcaaca acttctacat agggagaggc ggttcggcgt	11820
5	cccgacgccg ccgcttctcc cctcccatg gaggacgaga acatcgacct cggcggcggg	11880
	ggcgatgcct ccgctctgca tagaggaggg ttgtagtggc aagcagcaat gccaacaccg	11940
	aggcgggcca agactaggca acaataggac ggcacgcccg gttgtcagcg aggtggcggc	12000
	atcgtgtgcc gctaccgaac aacatctccg gcgctggagt cggtagtga ctgcgccacc	12060
	cggacgccct caatgcactg atatctaccc ggtctccatc gccgcccttc ctcccttccc	12120
10	tctccctgtg cctccctctc ttgccctctc ccttccaact gctcccgccc cagccctagc	12180
	ccaaccacct cccgcgcagg gtcaccaa	12208
	<210> 6	
	<211> 22	
	<212> DNA	
15	<213> Artificial	
	<220>	
	<223> Sequência sintética; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 2034-2055	
	<400> 6	
	gcccaataaaa ggatggtaat ga	22
20	<210> 7	
	<211> 23	
	<212> DNA	
	<213> Artificial	
	<220>	
25	<223> Sequência sintética; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 11345-11367	
	<400> 7	
	ctttttctcc atattgacca tca	23
	<210> 8	
	<211> 20	
30	<212> DNA	
	<213> Artificial	
	<220>	

	<223>	Seqüência sintética E	
	<400>	8	
	ggtatccctc	cagaccagca	20
	<210>	9	
5	<211>	24	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Seqüência sintética	
10	<400>	9	
	gtggactcct	tctggatggt gtaa	24
	<210>	10	
	<211>	21	
	<212>	DNA	
15	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Seqüência sintética	
	<400>	10	
	gtcaggggtgc	tgctgctgct a	21
20	<210>	11	
	<211>	23	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
25	<223>	Seqüência sintética	
	<400>	11	
	ggtttaagaa	ccattttgct ccc	23
	<210>	12	
	<211>	24	
30	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		

	<223>	Seqüência sintética; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 2003-2026	
	<400>	12	
		tacgtcaggg tgctgctgct acta	24
	<210>	13	
5	<211>	24	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Seqüência sintética	
10	<400>	13	
		atratttctcg gggatgcaac caac	24
	<210>	14	
	<211>	16	
	<212>	DNA	
15	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Seqüência sintética; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 2061-2076	
	<400>	14	
		atggatcagc aatgag	16
20	<210>	15	
	<211>	26	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
25	<223>	Seqüência sintética	
	<400>	15	
		ctgtcaagcc aataaaaggg ttgttt	26
	<210>	16	
	<211>	26	
30	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		



	<223>	Sequência sintética	
	<400>	16	
	ctgtcaagcc aataaaaggg ttgttt		26
	<210>	17	
5	<211>	20	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Sequência sintética	
10	<400>	17	
	caactcgtcc gtgagcatca		20
	<210>	18	
	<211>	24	
	<212>	DNA	
15	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Sequência sintética; complemento reverso da sequência correspon-	
		dente a SEQ ID N°: 5 a 4605-4628	
	<400>	18	
20	aactcagcac tacggtgtat ccaa		24
	<210>	19	
	<211>	16	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
25	<220>		
	<223>	Sequência sintética	
	<400>	19	
	gcctgccgca gaccaa		16
	<210>	20	
30	<211>	22	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	

	<220>		
	<223>	Seqüência sintética	
	<400>	20	
	caatgcagag ctcagcttca tc		22
5	<210>	21	
	<211>	17	
	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
10	<223>	Seqüência sintética; correspondendo a SEQ ID N°: 5 a 4587-4603	
	<400>	21	
	cagagctcct atgttct		17
	<210>	22	
	<211>	26	
15	<212>	DNA	
	<213>	Artificial	
	<220>		
	<223>	Seqüência sintética	
	<400>	22	
20	tccagtacgt gcagtccttc ctcct		26

## REIVINDICAÇÕES

1. Molécula de DNA, caracterizada pelo fato de que compreende uma sequência de nucleotídeo de SEQ ID N°:3, SEQ ID N°:4, SEQ ID N°:5 ou o complemento da mesma.

5                    2. Molécula de DNA, de acordo com a reivindicação 1, caracterizada pelo fato de que compreende a sequência de nucleotídeo de SEQ ID N°: 5 ou complemento da mesma.

                    3. Molécula de DNA, de acordo com a reivindicação 1 ou 2, caracterizada pelo fato de que está inserida no DNA genômico de uma  
10                    planta, semente ou célula de milho.

                    4. Método para produzir uma planta de milho resistente a inseto, caracterizado pelo fato de que compreende:

                    (a) cruzar a planta de milho transgênica compreendendo uma molécula de DNA compreendendo a sequência de nucleotídeo de  
15                    SEQ ID N°: 5 com outra planta de milho;

                    (b) obter pelo menos uma planta de progênie derivada do cruzamento de (a), e

                    (c) selecionar a progênie que compreende a sequência de nucleotídeo de SEQ ID N°: 5, sendo que a referida progênie é uma  
20                    planta de milho resistente a inseto.

                    5. Método, de acordo com a reivindicação 4, caracterizado pelo fato de que a referida etapa de selecionar (c) inclui submeter a referida pelo menos uma planta progênie obtida de (b) a uma reação de amplificação de ácido nucléico, sendo que a progênie que produz um  
25                    amplicon compreendendo pelo menos uma sequência de nucleotídeos de SEQ ID N°:1 ou SEQ ID N°:2 é selecionada, ou submeter a referida pelo menos uma planta progênie obtida de (b) a uma reação de hibridação de ácido nucléico, sendo que uma progênie que hibrida a uma sonda que hibrida sob condições rigorosas com uma ou mais sequên-  
30                    cias de DNA selecionadas de SEQ ID N°:1 e SEQ ID N°:2, é selecionada.

                    6. Método de produzir uma planta de milho resistente a

inseto, caracterizado pelo fato de que compreende:

(a) transformar uma célula de planta de milho com uma molécula de DNA compreendendo a sequência de nucleotídeos de SEQ ID NO:5; e

5 (b) regenerar uma planta de milho da referida célula transformada, em que a referida planta de milho compreende a referida molécula de DNA e é resistente a inseto.

7. Método para proteger uma planta de milho da infestação de insetos, caracterizado pelo fato de que compreende fornecer na dieta  
10 de uma peste de lepidóptero uma quantidade inseticidamente eficaz de célula(s) ou tecido(s) da planta de milho transgênica ou partes da mesma, como definida na reivindicação 4 ou 6.

8. Método de acordo com a reivindicação 7, caracterizado pelo fato de que a referida peste de lepidóptero é selecionada do grupo  
15 que consiste em lagarta-militar (*Spodoptera frugiperda*), broca-do-colmo européia (*Ostrinia nubialis*), lagarta-da-espiga (*Helicoverpa zea*), broca-do-colmo (*Diatraea grandiosella*) e lagarta-roscas (*Agrotis ipsilon*).

9. Par de moléculas de DNA, caracterizado pelo fato de que compreende: uma primeira molécula de DNA e uma segunda molécula  
20 de DNA,

sendo que a referida primeira molécula de DNA compreende 11 ou mais nucleotídeos contíguos de qualquer porção da região do transgene de SEQ ID N°:3 ou SEQ ID N°:5, ou complemento das mesmas, e a referida segunda molécula de DNA compreende um comprimento similar de uma região de flanqueamento 5' de DNA genômico de  
25 milho de SEQ ID N°:3 ou complemento da mesma,

sendo que a região do transgene corresponde aproximadamente às posições de nucleotídeo 2060-11305 de SEQ ID N°:5, e

sendo que a região de flanqueamento 5' de DNA genômico  
30 corresponde aproximadamente às posições de nucleotídeo 1-2060 de SEQ ID N°s:3 ou 5.

10. Par de moléculas de DNA, de acordo com a reivindicação

9, caracterizado pelo fato de que a referida primeira molécula de DNA compreende pelo menos 15 nucleotídeos contíguos complementares à porção de DNA heterólogo inserido de SEQ ID N°: 5, e sendo que a referida segunda molécula de DNA compreende pelo menos 15 nucleotídeos contíguos da porção do genoma de milho de SEQ ID N°: 3.

11. Par de moléculas de DNA, caracterizado pelo fato de que compreende: uma primeira molécula de DNA e uma segunda molécula de DNA,

sendo que a referida primeira molécula de DNA compreende 11 ou mais nucleotídeos contíguos de qualquer porção da região do transgene de SEQ ID N°: 4 ou SEQ ID N°: 5, ou complemento da mesma, e a referida segunda molécula de DNA compreende um comprimento similar de uma região de flanqueamento 3' de DNA genômico de milho de SEQ ID N°: 4 ou complemento da mesma,

sendo que a região do transgene corresponde aproximadamente às posições de nucleotídeo 2060-11305 de SEQ ID N°:5, e

sendo que a região de flanqueamento 3' de DNA genômico corresponde aproximadamente às posições de nucleotídeo 10-914 de SEQ ID N°:4, ou posições 11305-12208 de SEQ ID N°:5.

12. Par de moléculas de DNA de acordo com a reivindicação 11, caracterizado pelo fato de que a referida primeira molécula de DNA compreende pelo menos 15 nucleotídeos contíguos da porção de DNA heterólogo inserido de SEQ ID N°: 5, e sendo que a referida segunda molécula de DNA compreende pelo menos 15 nucleotídeos contíguos complementares à porção do genoma de milho de SEQ ID N°: 4.

13. Par de moléculas de DNA, de acordo com qualquer uma das reivindicações 9 a 12, caracterizado pelo fato de que a referida primeira molécula de DNA compreende a SEQ ID N°: 6 e a referida segunda molécula de DNA compreende a SEQ ID N°: 7.

14. Método para detectar a presença de uma molécula de DNA selecionada do grupo que consiste em SEQ ID N°: 3, SEQ ID N°: 4 e SEQ ID N°: 5 em uma amostra biológica, o método caracterizado

pelo fato de que compreende:

(a) contatar a referida amostra biológica com um par de iniciadores, como definido em qualquer uma das reivindicações 9 a 13;

5 (b) fornecer uma condição de reação de amplificação do ácido nucléico;

(c) executar a referida reação de amplificação de ácido nucléico, assim produzindo uma molécula amplicon do DNA; e

(d) detectar a referida molécula amplicon do DNA, sendo que a detecção de um amplicon compreende pelo menos uma de SEQ ID N°: 1, SEQ ID N°: 2 e complemento do mesmo é indicativo da presença da referida molécula de DNA na referida amostra biológica.

15 15. Método, de acordo com a reivindicação 14, caracterizado pelo fato de que a referida amostra biológica é uma amostra de DNA extraída de uma planta de milho.

16. Método para detectar a presença de uma molécula de DNA selecionada do grupo que consiste em SEQ ID N°: 3, SEQ ID N°: 4 e SEQ ID N°: 5 em uma amostra biológica, caracterizado pelo fato de que compreende:

20 (a) contatar a referida amostra com uma sonda que hibrida sob condições rigorosas com a referida molécula de DNA e não hibrida sob condições rigorosas com uma amostra biológica não contendo a referida molécula de DNA;

(b) submeter a referida amostra biológica e sonda de DNA a condições de hibridação rigorosas; e

25 (c) detectar hibridação da referida sonda de DNA com a referida amostra biológica, sendo que a detecção da hibridação é indicativa da presença da referida molécula de DNA na referida amostra biológica.

30 17. Método, de acordo com a reivindicação 16, caracterizado pelo fato de que a referida amostra biológica é amostra de DNA extraída de uma planta de milho.

18. Método, de acordo com a reivindicação 16 ou 17,

caracterizado pelo fato de que a referida sonda de DNA compreende a SEQ ID N°: 1 ou SEQ ID N°: 2 ou complemento das mesmas.

19. Método, de acordo com qualquer uma das reivindicações 16 a 18, caracterizado pelo fato de que a referida sonda de DNA é marcada com pelo menos um fluoróforo.

20. Método, de acordo com a reivindicação 14 ou 16, caracterizado pelo fato de que a referida amostra biológica é selecionada do grupo que consiste em fubá, óleo de milho, bolo de milho, semente de milho, gérmen de milho, amido de milho, farinha de milho, pólen de milho, seda de milho, água de maceração de milho, malte de milho, açúcar de milho, xarope de milho, margarina produzida do óleo de milho, sólidos de produtos perecíveis de destiladores (DDGS), cosméticos e agente espessante.

21. Kit de detecção de DNA, caracterizado pelo fato de que compreende:

(a) uma sonda de DNA compreendendo SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:2, ou complemento das mesmas; ou

(b) um par de iniciadores, como definido em qualquer uma das reivindicações 9 a 13.

22. Kit de detecção de DNA, de acordo com a reivindicação 21, caracterizado pelo fato de que a referida pelo menos uma molécula de DNA é a SEQ ID N°: 1, SEQ ID N°: 2 ou complemento das mesmas.

23. Método para determinar a zigosidade de DNA de uma planta de milho compreendendo evento de milho MON89034 em uma amostra biológica, caracterizado pelo fato de que compreende:

(a) contatar a referida amostra com um conjunto de iniciadores compreendendo a SEQ ID N°: 6, SEQ ID N°: 7, e SEQ ID N°: 10, que (1) quando usados em uma reação de amplificação de ácido nucleico compreendendo evento de milho MON89034 produzem um primeiro amplicon que é diagnóstico para o DNA evento de milho MON89034, e (2) quando usados em uma reação de amplificação de ácido nucleico compreendendo DNA de milho genômico diferente do

DNA de MON89034 produzem um segundo amplicon que é diagnóstico para DNA de milho genômico diferente do DNA de MON89034;

(b) executar uma reação de amplificação de ácido nucléico;

e

5                   (c) detectar os amplicons então produzidos, em que a detecção da presença de ambos amplicons indica que a referida amostra é heterozigota para DNA de evento de milho MON89034, em que a detecção para apenas o primeiro amplicon indica que a referida amostra é homozigota para DNA de evento de milho MON89034.

10                  24. Método, de acordo com a reivindicação 23, caracterizado pelo fato de que o referido conjunto de iniciadores também é usado em conjunto com SEQ ID N°: 14 e SEQ ID N°: 15.



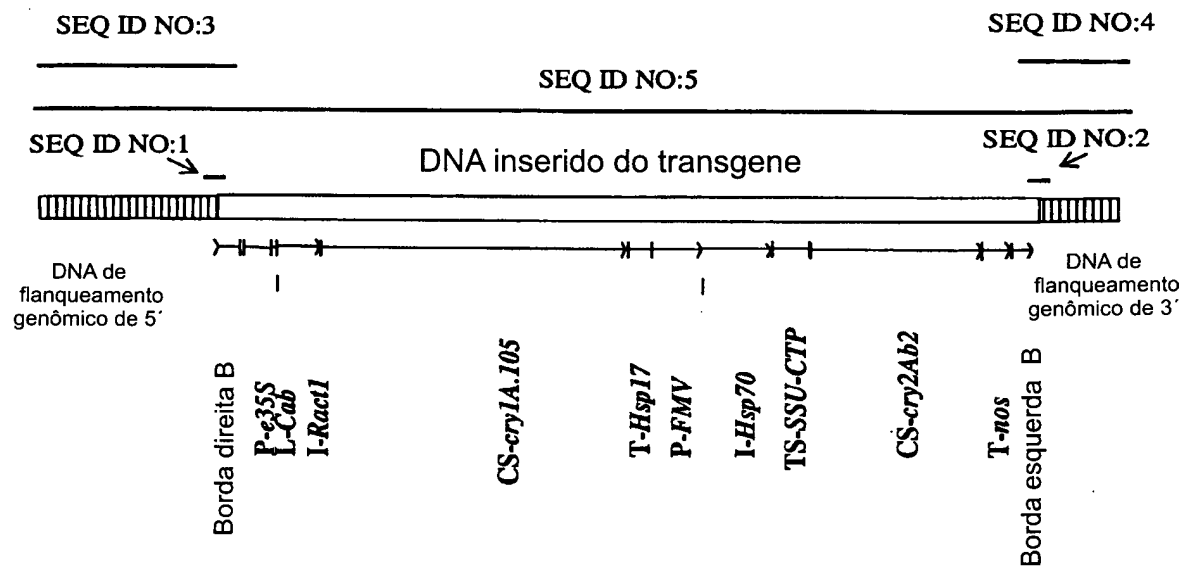


FIG. 1